

ID No.102	
研究課題名	脊索動物モデルを活用した高精度なシス調節配列予測法の開発
研究代表者	日下部 岳広 （甲南大学・教授）
研究組織	
受入教員	中井 謙太 （東京大学医科学研究所）
研究分担者	島井 光太郎 （甲南大学）
	一瀬 葵 （甲南大学）
	大道 裕 （甲南大学）
研究報告	
ホヤの各組織（脳神経節・神経腺、心臓、えら、体壁筋、卵巣）および幼生から抽出したRNAを用いて、次世代DNAシーケンサーによりmRNAの5'末端配列を大量に決定した。5'末端配列をホヤゲノム上にマッピングし、転写開始点の分布と遺伝子発現パターンおよびトランススプライシングとの関連を解析した。ホヤ中枢神経系の特定の細胞タイプに特異的な遺伝子発現を制御するシス調節モジュールを同定し、転写因子との相互作用を解析した。ノックダウン実験、強制発現等により、転写因子の生理機能を明らかにした。 メダカについては、網膜視細胞および横紋筋で特異的に発現する遺伝子の近傍ゲノム配列を収集し、共通モチーフ探索および比較ゲノム解析を行い、シス制御配列の候補を得た。また、視細胞特異的な遺伝子間でシス制御領域を共有していると考えられるbi-directional promoterを発見し、機能解析を行った。	