

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 研究分担者	中井 謙太 (東京大学医科学研究所・教授) 島井 光太郎 (甲南大学・研究員) 一瀬 葵 (甲南大学・大学院生) 大道 裕 (甲南大学・大学院生)
研究報告書	
全ゲノムが解読され、ゲノムサイズが小さく、個体レベルの DNA 機能解析が容易なホヤとメダカをモデルとして、遺伝子発現を制御する DNA 配列（シス調節配列）の予測および検証を行った。ホヤの各組織および幼生から抽出した RNA を用いて、次世代 DNA シークエンサーにより 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。メダカにおいては、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、シス調節配列の候補を得た。予測されたシス制御配列候補のイン・ビボ機能解析を行い、その機能を証明した。ホヤ・メダカの両方において、同解析法を機能性小分子 RNA (microRNA) の発現制御にも適用し、組織特異的発現に必要なシス制御配列を同定した。	
成果発表 <論文>	
1. Kusakabe, R., Tani, S., Nishitsuji, K., Shindo, M., Okamura, K., Miyamoto, Y., Nakai, K., Suzuki, Y., Kusakabe, T. G., and Inoue, K.: Characterization of the compact bicistronic microRNA precursor, miR-1/miR-133, expressed specifically in Ciona muscle tissues. <i>Gene Expr. Patterns</i> 13 (1-2), 43-50 (2013). 2. Nishitsuji, K., Horie, T., Aoi Ichinose, A., Sasakura, Y., Yasuo, H., and Kusakabe, T.G.: Cell lineage and cis-regulation for a unique GABAergic/glycinergic neuron type in the larval nerve cord of the ascidian <i>Ciona intestinalis</i>. <i>Dev. Growth Differ.</i> 54 (2), 177-186 (2012)	