

エピプロテオミクスによる ヒストン翻訳後修飾解析

Takeshi Kawamura, Ph.D.

Associate Professor

Isotope Science Center, The University of Tokyo

Date : 16th Feb, 2018 16:00~

Location : The conference room on the 1st floor of the IMCR, Gunma Univ.

DNAの塩基配列の変化によらない遺伝子発現制御機構であるエピゲノム制御はDNAのメチル化、ヒストンタンパク質の翻訳後修飾、ノンコーディングRNA、クロマチンの局在などによって制御されている。これによって同じDNAを持つ細胞が、異なった表現形を持つことができる。またエピゲノム制御の異常が、がんや生活習慣病などの様々な疾患を引き起こす要因ともなる。エピゲノム制御は可逆的な反応であるためエピゲノム状態を正常に戻す事が様々な疾患の治療に役立つと考えられる。国際的にも2010年には国際ヒトエピゲノムコンソーシアム(IHEC)も設立されエピゲノム解析が進んでいる。IHECでのヒストン修飾の解析は次世代シーケンサーを用いたChIP-seqでの解析である。我々の研究室では質量分析計を用いて直接ヒストンを解析するエピプロテオミクスの解析手法の開発を行っている。

本セミナーでは一般的なプロテオミクスのアプローチの基本から、エピプロテオミクス解析についてわれわれのデータをまじえながら説明し、さらに現在行っているヒストンテール修飾組み合わせパターンの網羅的解析の取り組みについて紹介する。