

研究室の概要

- 1) RNA生物学、特にRNA編集・修飾研究分野で世界を牽引！
- 2) ウェットからドライ（バイオインフォマティクス）を一貫して解析できる体制を構築。  
→マウス、培養細胞を用いた実験から、情報解析までを1つの研究室で習得できる！
- 3) データ解析だけでなく、解析に必要なアルゴリズムの開発にも力を入れています。
- 4) 大学院生は早期からオリジナルなテーマを遂行、学振の取得を目指す！  
→今のところ、過去に応募した5名全員が学振に採用されています！

連絡先

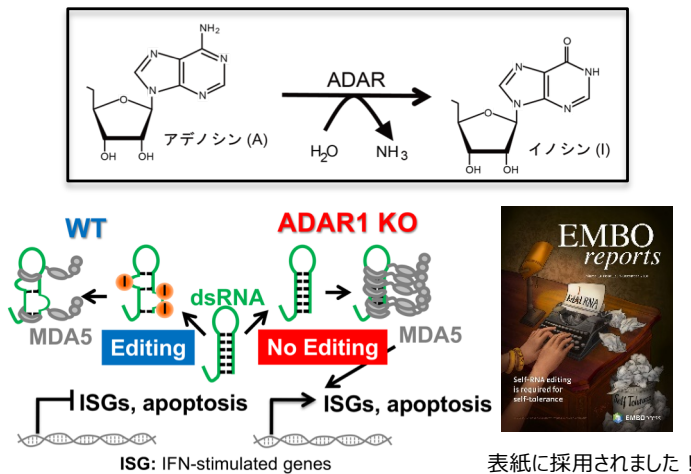
RNA生物学・神経科学：河原 行郎（教授） [ykawahara@rna.med.osaka-u.ac.jp](mailto:ykawahara@rna.med.osaka-u.ac.jp)  
オミクス情報解析：加藤 有己（准教授） [ykato@rna.med.osaka-u.ac.jp](mailto:ykato@rna.med.osaka-u.ac.jp)

RNA生物学 (RNA Biology)

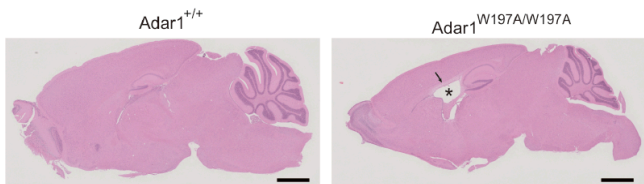
RNA編集・修飾の生理的意義の解明

RNAは、転写後にイノシン化やメチル化など様々な化学修飾を受けます。こうしたRNA修飾は、自己のRNAとウイルスなどに由来する非自己のRNAとの識別に不可欠で、新型コロナウイルスワクチンの開発にも応用されました。

私達の研究室では、RNA編集と呼ばれるRNAのイノシン化修飾について、培養細胞、モデルマウスを使い、ウェット実験と、空間トランスクリプトーム解析を含めた最新のRNA情報解析を組み合わせて、その分子機構・標的・疾患との関連を研究しています。



RNAのイノシン化を触媒するADAR1酵素が欠損すると、自己RNAが異物として認識され、その結果インターフェロン（IFN）とその制御下にある遺伝子群（ISG）の発現が上昇するなど、自然免疫が異常活性化します。



ADAR1の遺伝子変異は、白質を中心とした脳症を主症状としたヒトの疾患と直結しています。私達は、疾患モデルマウスの作製を通して、なぜ脳が最も障害されやすいのかといった謎の解明に挑んでいます。

[1] Miyake (大学院生→助教(呼吸器内科)) et al. *Cell Reports* 2023  
[2] Nakahama (学振PD→助教(当教室)) et al. *Immunity* 2021  
[3] Kim (大学院生、学振DC2→製薬企業) et al. *PLoS Genetics* 2021  
[4] Tuangton (大学院生、学振DC1→母国助教) et al. *J Immunol* 2020  
[5] Nakahama (学振PD→助教(当教室)) et al. *EMBO Reports* 2018  
[6] Miyake (大学院生、医博士課程優秀賞) et al. *Cell Reports* 2016  
[7] Uemura (大学院生、学振DC2→公的研究機関) et al. *Genes Cells* 2017  
[8] Yokoshi (大学院生、学振DC1、育志賞→助教(東大)) et al. *Mol. Cell* 2014

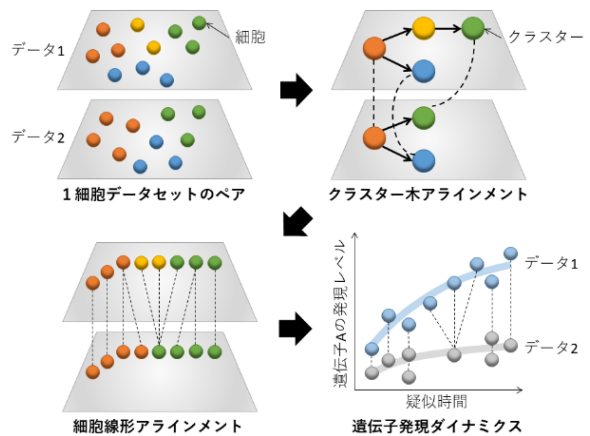
オミクス情報解析 (Omics Data Analysis)

オミクス = 生体分子全体を網羅的に調査する学問

- ・ オミクスデータをコンピュータ解析することで、細胞から構成される生命の現象の理解を目指しています
- ・ 特に新規解析アルゴリズムの開発に力を入れています

A) シングルセルデータを用いた細胞情報解析

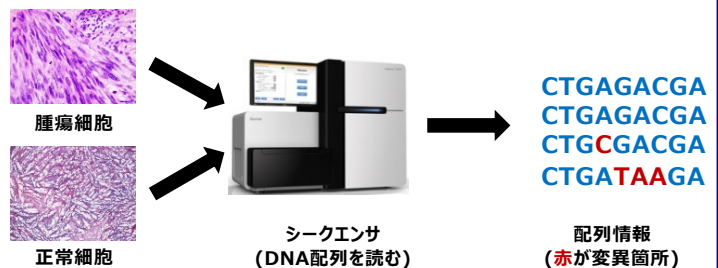
遺伝子発現を1細胞レベルで表すシングルセルRNA-seqデータに対し、時間を考慮して異なる細胞集団間で比較するアルゴリズムを開発 [1]



応用例：病気を制御する新規遺伝子の同定

B) 配列情報に基づくゲノムワイド変異解析

同一個人から腫瘍細胞と正常細胞由来のゲノム配列を取り出し、変異が起こっている箇所を効率良く検出するアルゴリズムを開発 [2]



応用例：ゲノム編集に起こるオフターゲットを簡便に検出



人間は細胞についての理解は不完全で再現もできていません。情報科学や数理学からの視点で、理論的に細胞の謎を解明していくことに挑戦してみませんか？

[1] Sugihara (学部学生→D2) et al. *Nature Communications* 2022  
[2] Shimmura (学部学生) et al. *Bioinformatics* 2020