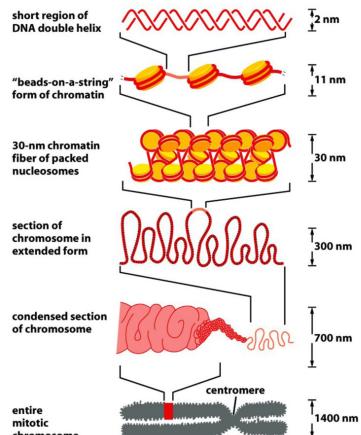


大阪大学 理学部 / 理学研究科 生物科学専攻 染色体構造機能学研究室

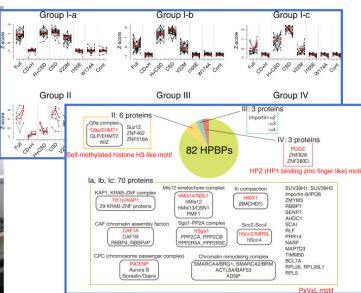


わたしたちの研究室では、ゲノムの配列情報を活用したプロテオミクス、イメージング次世代シーケンサーを用いて、遺伝情報の継承と機能発現に関わる新規因子の探索と機能解析を行っています。

わたしたちの体を形作るための設計図 DNA分子は、ヒトの場合2メートルにもおよびます。この長い分子が、たった直径約10 μm の核の中に収納され、正確に何十兆個の細胞へ受け継がれ、なおかつ、体を形作る過程で遺伝子の発現が綿密に制御されています。わたしたちは、遺伝情報が、どのように核に収納され、次世代に継承され、発現制御されているかという謎を解き明かそうとしています。

プロテオミクス??

ゲノム配列情報を用いて、タンパク質の重さを測定する装置(質量分析計)を用いると、ごく微量(10^{-9}g)のタンパク質があれば、その名前がわかります。この技術を使い、染色体の継承、発現・収納に関わるタンパク質を、80種類以上発見しました。

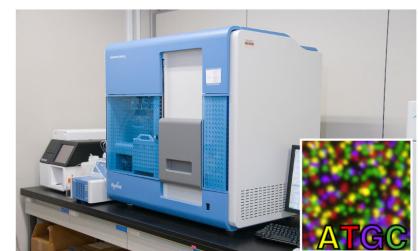
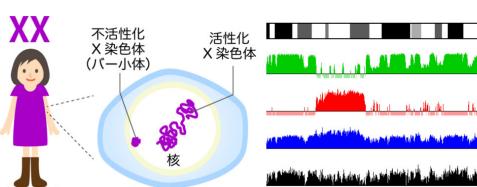


教授 小布施力史
obuse@bio.sci.osaka-u.ac.jp
准教授 長尾恒治
特任助教 磯部真也



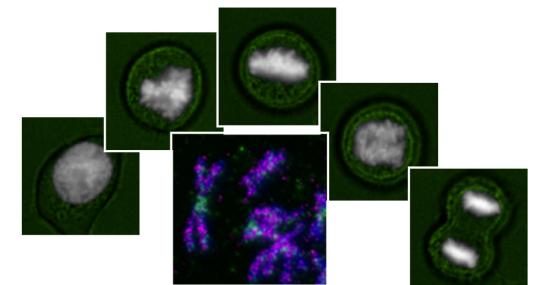
次世代シーケンサー??

2日間でヒトゲノムDNAの数百人分に相当するDNA配列を解読できます。この装置は、さまざまな病気の原因遺伝子を次々と発見したりと、DNAに関わる解析を一変させました。この技術を使い、女性の2本のX染色体のうち1本だけを働くさせるタンパク質の機能を明らかにしました。



イメージング??

蛍光顕微鏡を用いると、興味のあるタンパク質が、いつ、どこで、どの因子と一緒に働いているかわかります。この技術を使い、発見したタンパク質が働くないと、がん細胞でよく見られるような染色体異常を引き起こすことを発見しました。



私たちの研究室では、世界に先駆けて細胞分裂の時に、正確な染色体の分配を可能にする POGZ 50年来の謎だった、女性の不活性化X染色体を折り畳む HBx1 を発見してきました。

これらは、精神疾患や筋ジストロフィーなどの病気にもかかわることがわかつてきており、治療や診断のための突破口となる可能性を秘めています。

