

## 遺伝子を全て見る研究への試み -多様化するエピゲノム解析-

**大川 恭行**

九州大学

人体は60兆個の多様な細胞で形成されている。一方で、生命の設計図であるゲノムの遺伝情報は全ての細胞で同一であり、それぞれの細胞においてDNAやヒストンタンパク質がメチル化、アセチル化等の化学修飾を受け、選択的に必要な情報のみ取り出され用いられている。これらゲノム全体における遺伝子の選択機構はエピジェネティクスと呼ばれ、生命を理解する上で必須のイベントである。2006年のdeep sequencerの登場により、ゲノム解析のみならずエピジェネティクス(エピゲノム)解析への応用が本格化している。一方で、エピゲノム解析は、転写産物から転写制御機構をDNA配列の形で抽出するいわば間接的な活用法であり、配列情報そのものが直接使われる訳ではない。更に様々な応用法が考案されるにつれ、排出する情報量の増大のみならず、情報の多様化が劇的に進んでいる。つまり、アプローチの多様化、増大する膨大なデータ中での私たちの取り組みについて紹介したい。