

遺伝メカニズム研究系・ゲノムダイナミクス研究室

<http://maeshima-lab.sakura.ne.jp/>

全長2メートルのヒトゲノムDNAは核や染色体のなかにどのように折り畳まれているの??

教授 前島 一博 (まえしま かずひろ kmaeshim@nig.ac.jp)

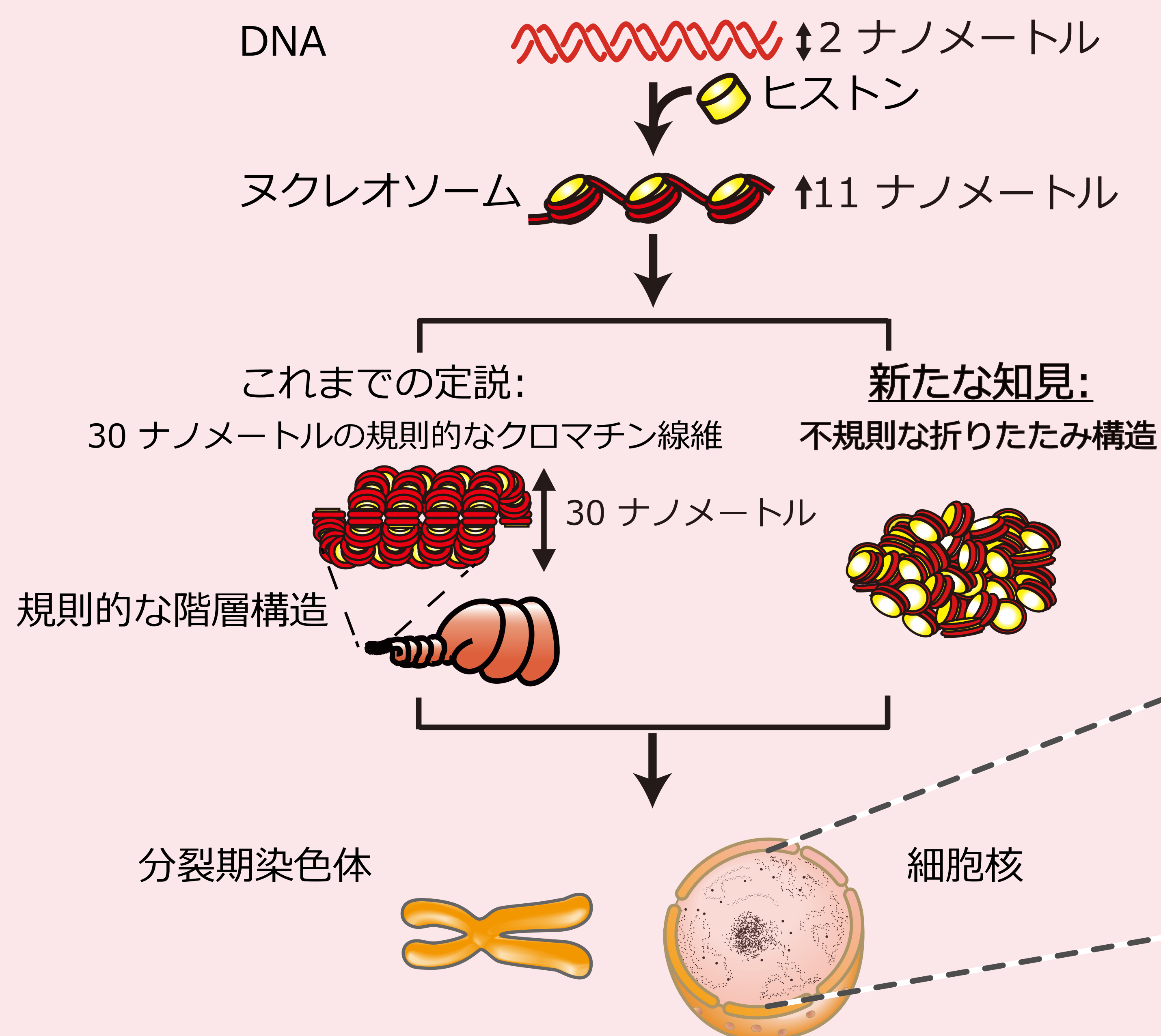
総研大生 5 名 (含 学振特別研究員 2 名), テクニカルスタッフ 1 名
テクニシャン 1 名

私たちの体は約40兆個の細胞からできています。その1個1個の細胞の中に、全長約2メートルにもおよぶ生命の設計図 ゲノムDNAが収められています。
ヒトゲノムはCD1枚分 (約700Mb) の情報が直径約10 μ mの核に蓄えられている「究極のメモリ」です。しかし、ゲノム情報がどのように格納され、読み出されているかは大きな謎です。私たちは、さまざまな方法でこの問題に取り組んでいます。

キーワード：超解像顕微鏡イメージング、ライブセルイメージング、シミュレーション、エピジェネティクス、テロメア、ガン、遺伝疾患、染色体

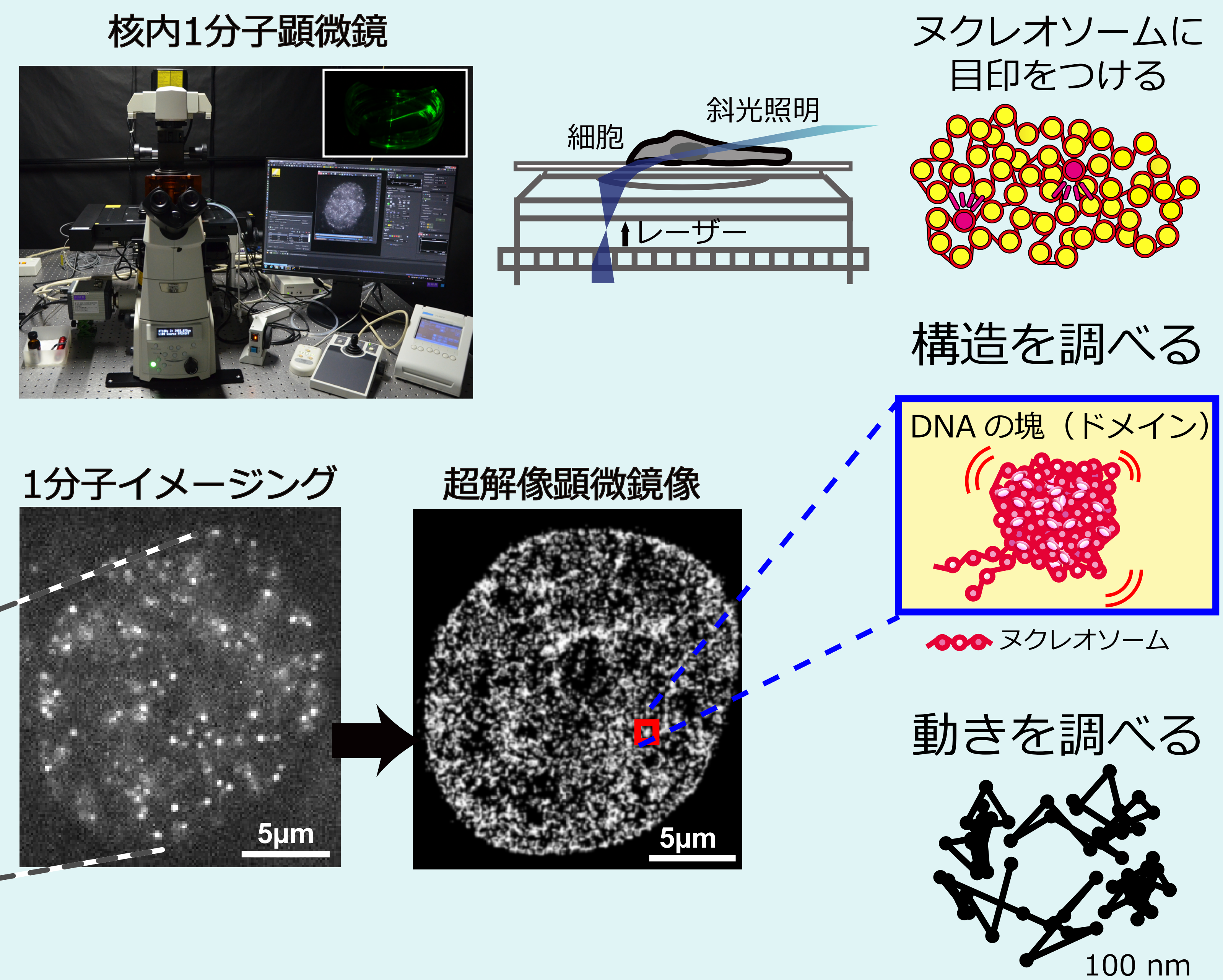


教科書の“ゲノム収納モデル”は正しいの？



“ゲノムDNAは不規則に折り畳まれ、ゆらゆら動いている”という従来のモデルとは全く合わない証拠を沢山つかんできました。

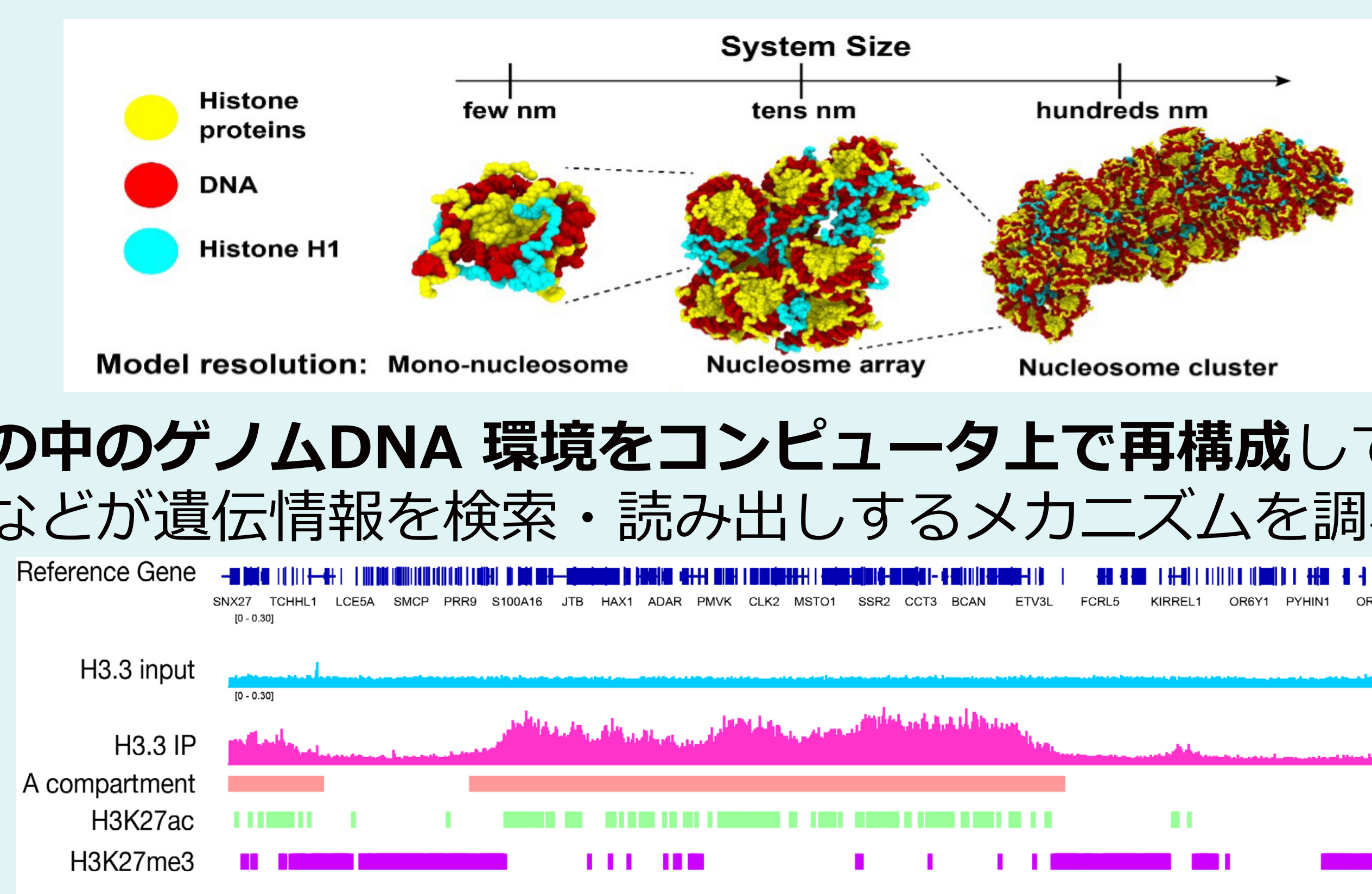
超解像ライブセルイメージング



超解像・ライブイメージングにより、生きた細胞の中のゲノムDNAの折り畳み構造や動きを直接観察できるようになりました。

遺伝情報の検索・読み出しのメカニズム

計算機シミュレーションとゲノミクス解析



細胞の中のゲノムDNA 環境をコンピュータ上で再構成して、転写因子などが遺伝情報を検索・読み出しするメカニズムを調べます。

次世代シーケンサーデータをイメージングと統合し、エピジェネティクスによりゲノム構造が制御される仕組みを明らかにします。

新しいゲノム収納モデルと研究の展開



最近の論文

