

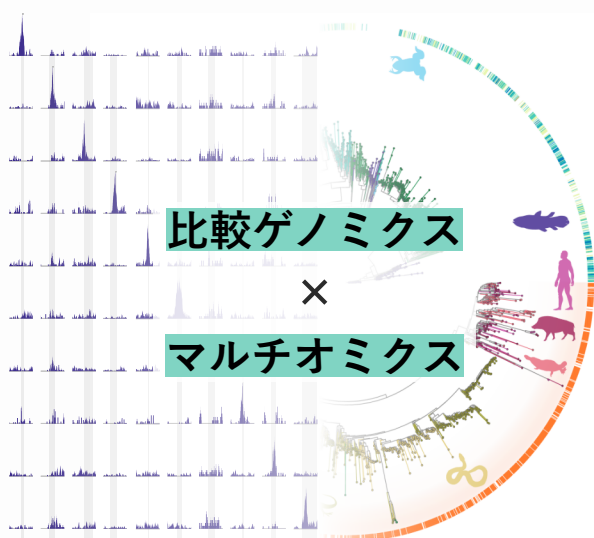
遺伝子制御系進化研究ユニット

Gene Regulatory Evolution Research Unit

■ ゲノムのプログラムはどのように進化してきたのか？

地球上には実に多様な生物種が存在します。そんな多様な生命を形作るゲノムのプログラムはいかに進化してきたのでしょうか？

本研究ユニットでは、トランスポゾン（転移因子としても知られる）由来の制御配列や、これらを制御する転写因子に注目することで、制御プログラムの跳躍的な進化を実現する分子機構を解明します。



■ 進化とメカニズムの視点を統合して解析

多数の生物種ゲノムを比較ゲノム解析することで、転写因子のアミノ酸配列がどのように変化してきたのか、その進化の軌跡を捕捉します。

また、培養細胞を用いて遺伝子編集やマルチオミクス解析をすることで、転写因子の標的配列に対する機能を解明します。

■ 一緒に研究してくれる方を募集中です

ゲノム解析と哺乳類細胞を用いた実験両方を身につけられます。どちらか一方を極めたいという方も大歓迎です。

研究テーマや手法に興味のある方はぜひお気軽にメールしてください。

Comparative genomics
ATAC-seq ChIP-seq RNA-seq
dTAG degtron CRISPR/Cas9
Transposon annotation
Ancestral sequence reconstruction



松島 和洋

wayo.matsushima@gmail.com
@wayomayo (X/Bluesky)

● 略歴

2026- 国立遺伝学研究所 特任准教授
2020-2026 École Polytechnique Fédérale de Lausanne (EPFL), Postdoctoral Fellow
2015-2020 University of Cambridge, PhD Programme

● 代表論文

Matsushima W*, Duc J, Sheppard S, Pulver C, Coudray A, Grun D, Raclot C, Forey R, Offner S, Planet E, Trono D* (2026) Evolutionary lineage-specific and heterochromatin-independent repression of transposon-derived sequences. *Nature Genetics* (in press)

Matsushima W*, Planet E, Trono D* (2024) Ancestral genome reconstruction enhances transposable element annotation by identifying degenerate integrants. *Cell Genomics* 4 (2): 100497