発現・機能解析ユニット

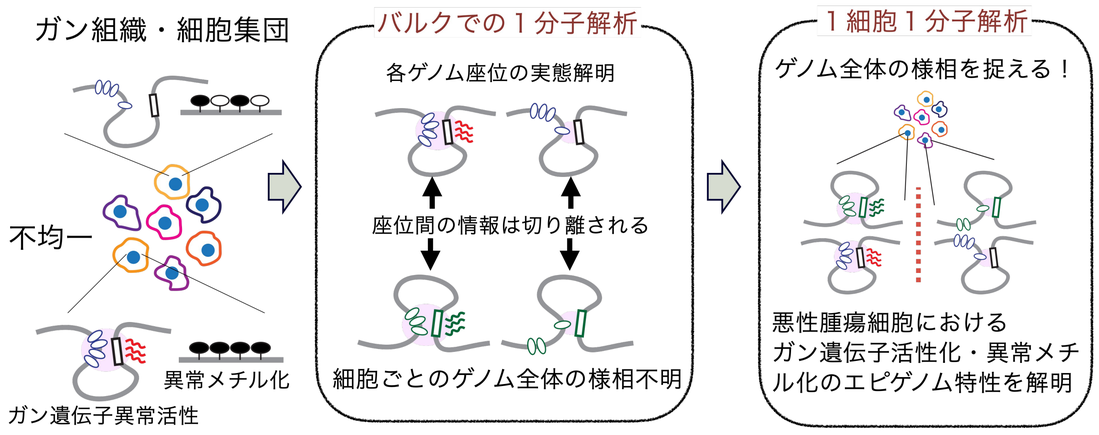
補助事業代表者（所属・職名）
辻村　太郎（京都大学高等研究院・特定准教授）

ロングリード１分子エピゲノム解析の支援

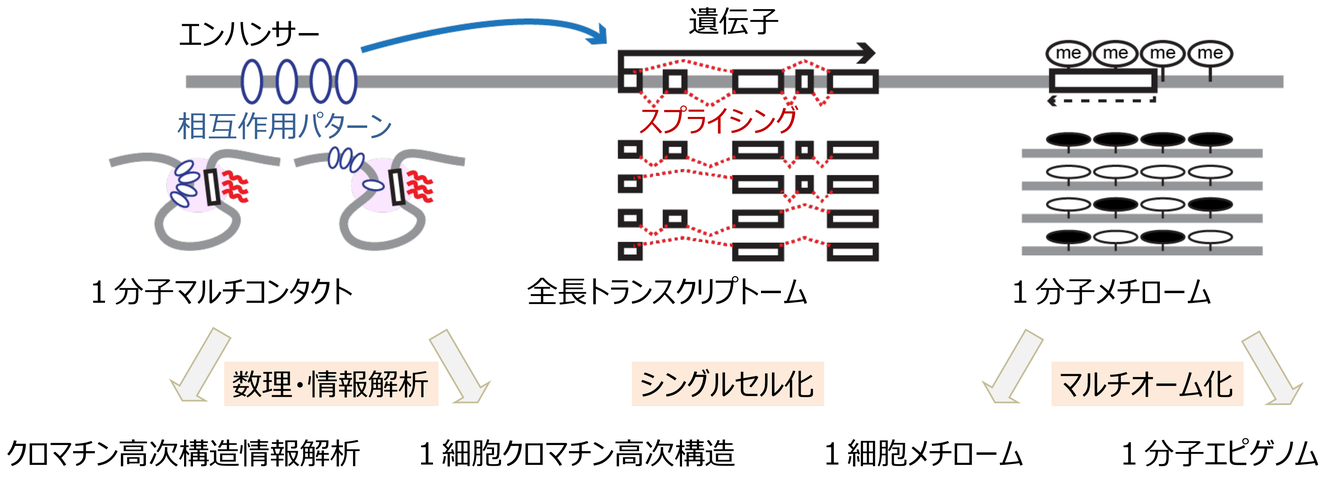
補助事業分担者（所属・職名）
斎藤　通紀（京都大学高等研究院・教授）、平岡 裕章（京都大学高等研究院・教授）、山本　拓也（京都大学iPS細胞研究所・教授）

高度化における研究背景・目的

背景：１分子解析と１細胞解析の意義



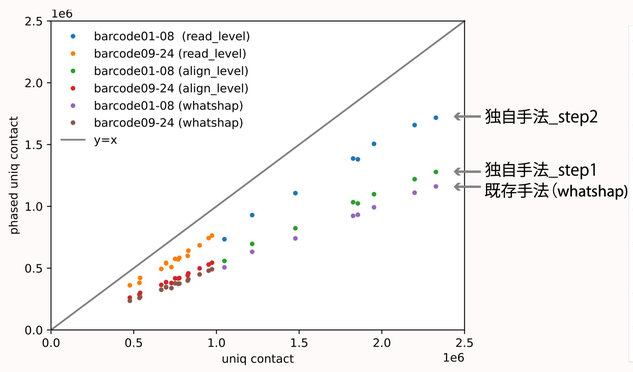
目的：１細胞・１分子エピゲノム解析の高度化

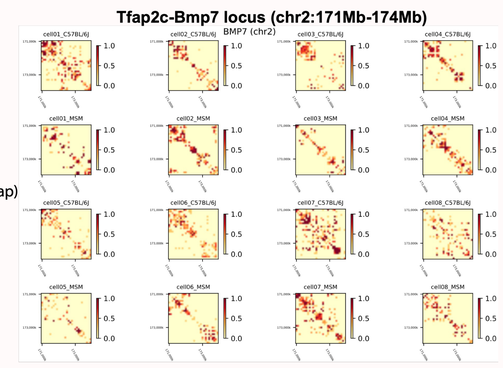


高度化の成果

１細胞クロマチン高次構造解析手法開発

新規ライブラリー調製手法の構築・アリル区別情報解析手法の開発



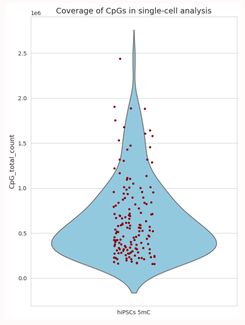


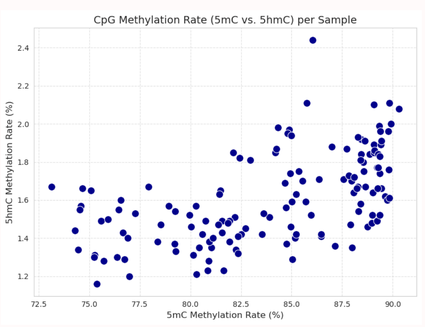
１細胞あたり1M以上のアリル区別コンタクトを検出可能

高深度１染色体コンタクトマップの構築

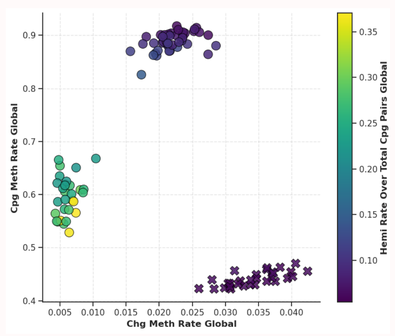
１細胞メチローム解析手法開発

新規ハイスループット解析手法構築





マウス発生システムに適用

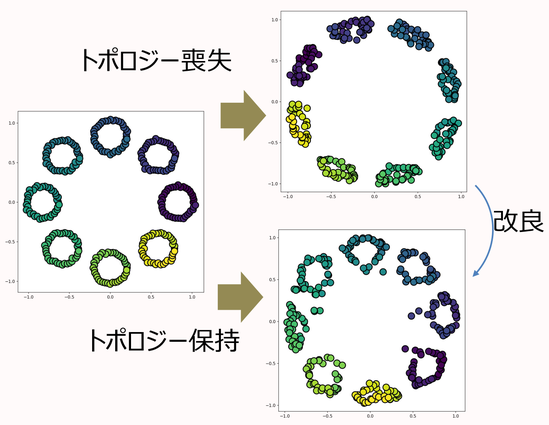


Tarumoto et al. (in preparation)

１分子マルチコンタクトクロマチン高次構造解析の高度化

数理解析

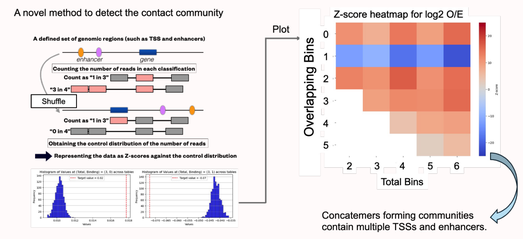
グラフデータのベクトル埋め込み



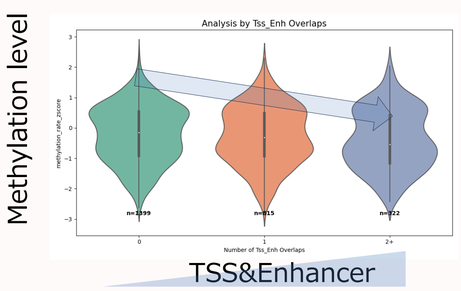
Hiraoka et al. ***JMLR*** (2024)

データ解析

新規コンタクトコミュニティ検証手法開発



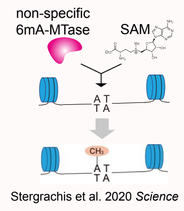
メチル化+コンタクト情報同時解析

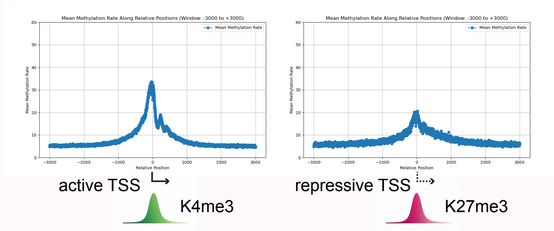


Hirota et al. (in preparation)

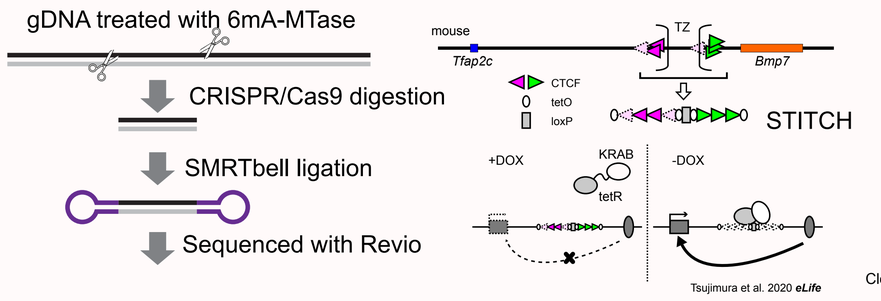
１分子オープンクロマチン解析・ヒストン修飾解析

Fiber-seq手法導入



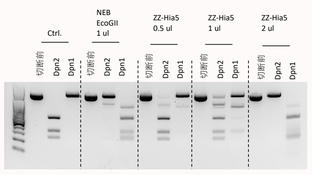


CRISPRを活用した標的エンリッチメント解析

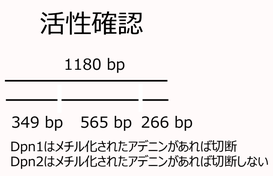


DiMeLo-seq手法導入、プロトコル改良

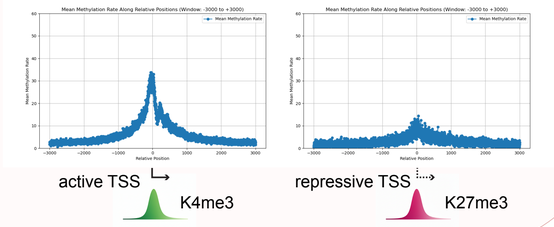
東大・三浦博士よりZZ-Hia5酵素分与（課題間連携）



活性確認



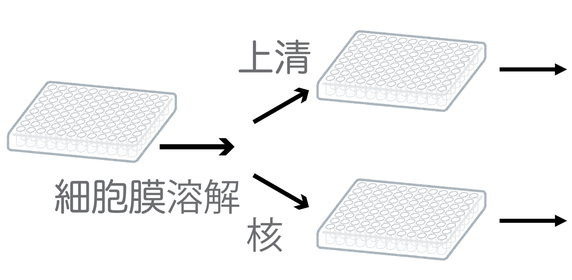
anti-H3K4me3



今後の発展

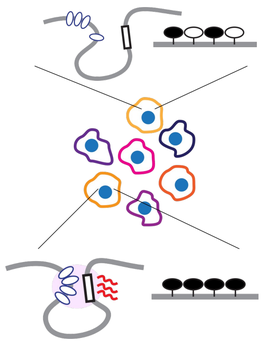
マルチオーム解析の高度化

例：１細胞RNA発現＋メチローム同時解析



- エピゲノム状態変化と細胞状態の変化を直接的に関連づける

エピゲノム異常細胞の検出



１細胞RNA発現＋メチローム同時解析適用

↓

希少エピゲノム異常を検出、トランスクリプトーム変化の検出

↓

早期病変細胞の検出、疾患機序の解明へ