

---

# 細胞医学講座

---

## 【研究プロジェクト名および概要】

エピジェネティクスの機構は、ゲノム上の全ての遺伝子の働き方を調節する仕組みであり、「生命のプログラム」を創出している。DNAのメチル化、ヒストンの修飾、クロマチンの形成で印付けられたゲノムをエピゲノムとよび、この印付けに従って、ゲノム上の遺伝子は選択的に活用されている。細胞の分化と脱分化、炎症、老化、癌化では、それぞれ、エピジェネティックにリプログラムされている。さらに、エピゲノムは環境因子の作用を受けて、代謝メモリーや炎症メモリーとして変換される。多くのヒト病気は、プログラムの制御異常と考えられる。エピジェネティクスの観点から、癌、生活習慣病、発生・再生や老化の研究に挑戦する。そして、将来に向けた医学・生命科学を統合的に推進することを目指す。

- I. エピジェネティクスの分子機構
- II. 代謝・栄養のエピジェネティクス
- III. 癌のエピジェネティクス
- IV. 細胞分化と老化のエピジェネティクス
- V. トランスオミクス解析技術の開発

## 【研究者および大学院生】

### メールアドレス

准教授	日野 信次朗	(s-hino@kumamoto-u.ac.jp)
特任教授	中尾 光善	(mnakao@gpo.kumamoto-u.ac.jp)
特任准教授	渡邊 すぎ子	(sugikow@kumamoto-u.ac.jp)
大学院学生(博士課程)	洪 性賢	
大学院学生(修士課程)	前田 玲雄	
技術支援者	日野 裕子	
技術支援者	田辺 やよい	(yayoit@kumamoto-u.ac.jp)

【連絡先】 Tel: 096-373-6801, 6804 Fax: 096-373-6804

【ホームページ】 [http://www.imeg.kumamoto-u.ac.jp/divisions/medical\\_cell\\_biology/](http://www.imeg.kumamoto-u.ac.jp/divisions/medical_cell_biology/)

---

## 【特殊技術・特殊装置】

1. 組換えDNA技術
2. タンパク質間の相互作用の解析技術
3. 核酸とタンパク質の生化学解析の技術
4. 細胞内構造のバイオイメーキング技術
5. 遺伝子発現およびエピゲノムの解析技術
6. 細胞培養技術と細胞内代謝計測技術

### 【英文原著】

1. Ishii Y., Shiota A., Takao T., Yamamoto N., Ogawa T., Jo A., Shinozaki S., Fukuyama S., Koga T., Ito M., Tanaka H., Tamura A., Tsukita S., Matsumoto K., Okamoto I., Kan-O K. Claudin-3 deficiency inhibits allergic responses in an ovalbumin-induced asthma mouse model. **Allergol Int.** 74(3):472-475, 2025.
2. Takada S., Shinomiya N., Mao G., Tsuchiya H., Koga T., Komatsu-Hirota S., Sou YS., Abe M., Ryzhii E., Suzuki M., Nakao M., Waguri S., Morishita H., Komatsu M. KEAP1 retention in phase-separated p62 bodies drives liver damage under autophagy-deficient conditions. **EMBO Reports.** 26(13):3384-3410, 2025.
3. Saika F., Sato T., Nakabayashi T., Fukazawa Y., Hino S., Suzuki K., and Kiguchi N. Male-dominant spinal microglia contribute to neuropathic pain by producing CC-chemokine ligand 4 following peripheral nerve injury. **Cells.** 14: 484 2025.
4. Habash SA., Takahashi N., Eltalkhawy YM., Abdelnaser RA., Ogata-Aoki H., Okada S., Takizawa H., Usuki S., Etoh K., Hino S., Morino-Koga S., Ogawa M., and Suzu S. Macrophages with different origins proliferate ex vivo and do not lose their core intrinsic features. **iScience** 28: 112635, 2025.
5. Nakamura K., Ortuste-Quiroga HP., Horii N., Fujimaki S., Moroishi T., Nakayama KI., Hino S., Saito Y., Nishino I., and Ono Y. Iron supplementation alleviates pathologies in a mouse model of facioscapulohumeral muscular dystrophy. **J. Clin. Invest.** e181881, 2025.
6. Hayashi Y., Hino S., Sato T., Kashio S., Otsubo K., Saito K., Sato B., Kawano N., Saito D., Miura M., Suyama M., Nakao M., Kobayashi S. Repressive S-adenosylmethionine biosynthesis status inhibits transcription of HeT-A retrotransposon in the germline of *Drosophila*. **J. Biochem.** 178: 217-228, 2025.
7. F. Saika, T. Sato, T. Nakabayashi, Y. Fukazawa, S. Hino, K. Suzuki and N. Kiguchi. Male-dominant spinal microglia contribute to neuropathic pain by producing CC-chemokine ligand 4 following peripheral nerve injury. **Pain.** 2025 Dec 1;166(12):e746-e757.
8. Ohguchi Y, Ajiro M, Ogiya D, Masuda T, Kawano Y, Usuki S, Koga T, Hino S, Harada T, Takahashi S, Okada S, Yasunaga JI, Sashida G, Ohtsuki S, Nakao M, Minami T, Yoshimi A, Ohguchi H. IL-6-driven POU2AF1 and ELL2 are key regulators of multiple myeloma-distinct transcriptional and splicing programs. **Blood Adv**, in press.
9. Funagura N, Koga T, Etoh K, Hong S, Ichiyasu H, Fujiwara Y, Yasunaga KI, Usuki S, Noda A, Sagara A, Hino S, Komohara Y, Sakagami T, Inoue T, Nakao M. Histone demethylase KDM7A negatively regulates fibrotic macrophage polarization and lung fibrosis progression. **Commun Biol**, Jan 23;9(1):309. 2026
10. Shiota A, Kan-O K, Ishii Y, Koga T, Sawada T, Yasunagara KI, Usuki S, Katsuno T, Inoue S, Ogawa T, Jo A, Fukuyama S, Nakao M, Ogata H, Kido MA, Tsukita S, Matsumoto K, Okamoto I. Epigenetic dysregulation of the NKX2-1/SPDEF axis drives persistent goblet cell differentiation and epithelial barrier dysfunction in chronic obstructive pulmonary disease. **Respirology**, in press.
11. Horii T., Morita S., Hino S., Hino Y., Fukushima H.S., Kobayashi R., Kimura M., Nakao M., Mizukami Y., Inoue A., and Hatada I. Germline epigenome editing identifies H3K9me3 as a mediator of intergenerational DNA methylation recovery in mice. **Nature Commun.** 16(1):11200, 2025

### 【和文総説】

1. 日野信次郎「栄養素代謝物によるエピゲノム制御の分子メカニズム」Dojin News 193: 6-9, 2025.
2. 衛藤貫、中尾光善. 老化細胞における ACLY を介したクエン酸代謝の役割、医学のあゆみ、293 (12) 2025.
3. 中尾光善. エピジェネティクス、標準分子細胞生物学、医学書院、2025.