

# 機能ゲノミクス分野

## 【研究プロジェクト名および概要】

私たちの研究室では、新規オミクス技術の開発と膨大なエピゲノミクスデータの統合解析を通じて、時空間的な遺伝子発現制御機構の解明、疾患の発症原理の理解、および診断技術の開発に取り組んでいます。

### I. 局所トランスクリプトーム技術の開発と応用研究

私たちが独自に開発した PIC (Photo-Isolation Chemistry) 技術は、組織切片に光を照射したのちに RNA-seq を行うことで、照射領域に特異的なトランスクリプトーム情報を抽出することを可能にします (*Nat Commun* 2021; *STAR Protoc* 2022)。この手法により、微細な病変細胞や細胞内オルガネラなど、局所的領域の遺伝子発現を高深度に解析できます (*Sci Adv* 2024)。現在、私たちはこの技術のさらなる改良を進めており、検出感度や空間分解能の向上を図るとともに、多様なオミクス技術への応用も推進しています。また、病理組織の解析を通じて、新たなバイオマーカーの発見や診断技術への応用にも取り組んでいます。

### II. エピゲノミクスデータの統合解析と応用研究

私たちは、世界中のエピゲノミクスデータを統合したデータベース ChIP-Atlas を開発しています (*EMBO Rep* 2018; *Nucleic Acids Res* 2022, 2024)。本データベースでは、40 万件以上にのぼる ChIP-seq、ATAC-seq、Bisulfite-seq 実験データから、数百億件規模のゲノム情報を統合解析することにより、細胞分化や疾患に伴う遺伝子発現変化のメカニズムの解明が可能となります。さらに、これらの大規模データを機械学習により解析することで、薬剤の作用機序や効能の予測にも成功しています (*BMC Bioinform* 2022; *Epigenetics Chromatin* 2023)。今後は、これらの予測モデルの実証を進めることで、遺伝子発現制御機構に基づいた創薬の実現をめざします。

【教職員および大学院学生】	【メールアドレス】	【研究プロジェクト】
教授	沖 真弥 okishinya@kumamoto-u.ac.jp	研究の統括
助教	鄒 兆南 zou@kumamoto-u.ac.jp	II
特任助教	木村龍一 ryu1kimura@kumamoto-u.ac.jp	I
事務補佐員	國武雅代	
派遣技術職員	田上昌代	I
大学院学生（博士課程）	下川理沙 産科婦人科学（本籍）	I
大学院学生（博士課程）	David Nduru	I
大学院学生（博士課程）	李 紓然	II

【連絡先】 電話: 096-373-6501

【ホームページ】 <https://oki-lab.jp>

## 【特殊技術・特殊装置】

### 研究プロジェクト I

- 局所オミクス解析技術
- 組織切片の作製と染色技術
- 共焦点・二光子励起顕微鏡
- 光学と化学の融合技術

### 研究プロジェクト II

- 公共オミクスデータの解析技術
- スパコンを用いた大規模計算技術
- 機械学習による予測モデル構築技術
- データベース開発技術

【英文原著】

1. Katoh, H., Kimura, R., Sekizuka, T., Matsuoka, K., Hosogi, M., Kitai, Y., Akahori, Y., Kato, F., Kataoka, M., Kobayashi, H., Nagata, N., Suzuki, T., Ohkawa, Y., **Oki, S.**, Takeda, M. Structural and molecular properties of mumps virus inclusion bodies. *Sci Adv.* 10(49), eadr0359, 2024.
2. Zou, Z., Ohta, T., **Oki, S.\***. ChIP-Atlas 3.0: a data-mining suite to explore chromosome architecture together with large-scale regulome data. *Nucleic Acids Res.* 52(W1), W45-W53, 2024.
3. Zou, Z., Yoshimura, Y., Yamanishi, Y., **Oki, S.\***. Elucidating disease-associated mechanisms triggered by pollutants via the epigenetic landscape using large-scale ChIP-Seq data. *Epigenetics Chromatin.* 16(1), 34, 2023.
4. Honda, M., Kimura, R., Harada, A., Maehara, K., Tanaka, K., Ohkawa, Y., **Oki, S.\***. Photo-isolation chemistry for high-resolution and deep spatial transcriptome with mouse tissue sections. *STAR Protoc.* 3(2), 101346, 2022.
5. Zou, Z., Ohta, T., Miura, F., **Oki, S.\***. ChIP-Atlas 2021 update: a data-mining suite for exploring epigenomic landscapes by fully integrating ChIP-seq, ATAC-seq and Bisulfite-seq data. *Nucleic Acids Res.* 50(W1), W175-W182, 2022.
6. Zou, Z., Iwata, M., Yamanishi, Y., **Oki, S.\***. Epigenetic landscape of drug responses revealed through large-scale ChIP-seq data analyses. *BMC Bioinform.* 23(1), 51, 2022.
7. Honda, M., **Oki, S.\***, Kimura, R., Harada, A., Maehara, K., Tanaka, K., Meno, C., Ohkawa, Y. High-depth spatial transcriptome analysis by photo-isolation chemistry. *Nat Commun.* 12(1), 4416, 2021.
8. **Oki, S.\***, Ohta, T., Shioi, G., Hatanaka, H., Ogasawara, O., Okuda, Y., Kawaji, H., Nakaki, R., Sese, J., Meno, C. ChIP-Atlas: a data-mining suite powered by full integration of public ChIP-seq data. *EMBO Rep.* 19(12), e46255, 2018.

【和文著書】

1. 鄒 兆南, **沖 真弥**. ChIP-Atlas3.0: 世界最大のエピゲノムデータ解析インフラ. 実験医学. 42(16), 2024.
2. 鄒 兆南, **沖 真弥**. ChIP-Atlas ～転写制御ランドスケープの歩き方～. JSBi Bioinformatics Review. 4(1), 2023.
3. 鄒 兆南, **沖 真弥**. ChIP-Atlas 2.0 — 転写制御機構&エピゲノムランドスケープを可視化する. 実験医学. 40(17), 2022.
4. **沖 真弥**, 大川恭行. 光単離化学による高深度かつ高解像度トランスクリプトーム解析. 生物物理. 62(6), 2022.
5. **沖 真弥**, 大川恭行. Photo-Isolation Chemistry: PIC 法を用いた微小細胞集団での遺伝子発現解析. 月刊「細胞」. 54(10), 2022.
6. 本田瑞季, **沖 真弥**. Photo-Isolation Chemistry: 光照射による高解像度かつ高感度なトランスクリプトーム技術. 実験医学. 39(14), 2021.
7. **沖 真弥**, 大川恭行. 概論—空間トランスクリプトーム技術の最前線. 実験医学. 39(14), 2021.
8. **沖 真弥**, 大田達郎. ChIP-Atlas:公共 ChIP-seq データを統合的に活用するためのウェブサービス. THE LUNG perspectives. 27(3), 2019.
9. **沖 真弥**, 大田達郎. ChIP-Atlas: 既報の ChIP-seq データをフル活用するためのウェブサービス. 実験医学. 37(16), 2019.