



応用生物情報学講座
准教授
おおしま
大島 拓
(1968生)
博士(理学)
(東京大学・平9)

■経歴

九州大学農学部農芸化学科卒(平4) / 東京大学理学系研究科生物化学専攻修了(平9) / 持田製薬株式会社研究員(平9.4~平11.8) / 科学技術振興事業団研究員(平11.9~平14.6) / 奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科助手(平14.7~平19.4) / 奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科助教(平19.4~平29.3) / 富山県立大学准教授(平29.4~)

担当科目 分子生物学 / ゲノム工学 / 応用生物情報学

専門分野 分子生物学 / ゲノム科学 / 微生物学

論文・報告

Akiyama, MT., Oshima, T., Chumsakul, O., Ishikawa, S., and Maki, H. (2016) Replication fork progression is paused in two large chromosomal zones flanking the DNA replication origin in *Escherichia coli*, *Genes to Cells* 21, 907-914
Fukui, N., Oshima, T., Ueda, T., Ogasawara, N., and Tobe, T. (2016) Gene Activation through the Modulation of Nucleoid Structures by a Horizontally Transferred Regulator, Pch, in Enterohemorrhagic *Escherichia coli*, *PLoS One* 11:e0149718.
Higashi, K., Tobe, T., Kanai, A., Uyar, E., Ishikawa, S., Suzuki, Y., Ogasawara, N., Kurokawa, K., and Oshima, T. (2016) H-NS Facilitates Sequence Diversification of Horizontally Transferred DNAs during Their Integration in Host Chromosomes, *PLoS Genetics* 12, e1005796.
Murayama, S., Ishikawa, S., Chumsakul, O., Ogasawara, N., and Oshima, T. (2015) The Role of α -CTD in the Genome-Wide Transcriptional Regulation of the *Bacillus subtilis* Cells, *PLoS One* 10, e0131588.
Kawai, Y., Mercier, R., Wu, L.J., Dominguez-Cuevas, P., Oshima, T., and Errington, J. (2015) Cell Growth of Wall-Free L-Form Bacteria Is Limited by Oxidative Damage, *Current Biology* 25, 1613-1618.
Imashimizu, M., Takahashi, H., Oshima, T., McIntosh, C., Bubunenko, M., Court, DL., and Kashlev, M. (2015) Visualizing translocation dynamics and nascent transcript errors in paused RNA polymerases in vivo, *Genome Biology* 16, 98.
Takahashi, H., Oshima, T., Hobman, J.L., Doherty, N., Clayton, S.R., Iqbal, M., Hill, P.J., Tobe, T., Ogasawara, N., Kanaya, S., and Stekel, D.J. (2015) The dynamic balance of import and export of zinc in *Escherichia coli* suggests a heterogeneous population response to stress, *Journal of the Royal Society, Interface* 12, pii 20150069.

著書

大島 拓, 石川 周, Chumsakul Onuma, 中村 健介. (2014) 高精度で結合領域を決定する GeF-seq, 次世代シーケンス解析スタンダード:NGS のポテンシャルを活かす WET&DRY pp 131 - 142 羊土社 二階堂愛編集
S.R. Clayton, K. Heurlier, T. Oshima and J.L. Hobman. (2011) Copper and zinc stress in bacteria, pp 245-265 in Stress Response in Pathogenic bacteria ed S.P. Kidd. Advances in Molecular and Cellular Microbiology 19, Published by: CAB International Wallingford Oxfordshire. ISBN-13: 978 1 84593 760 7
J.L. Hobman, K. Yamamoto and T. Oshima. (2007) Transcriptomic Responses of Bacterial Cells to Sublethal Metal Ion Stress, pp 73-115 in Molecular Microbiology of Heavy Metals, Microbiology Monographs, Volume 6, Published by: Springer. DOI: 10.1007/7171_2006_074
大島 拓. (2006) バクテリアのタイリングアレイ解析, DNA チップ活用テクノロジーと応用 pp61-72 シーエムシー出版 久原哲監修

所属学会 日本ゲノム微生物学会(平19.3~) / 日本農芸化学会(平23.9~) / 日本分子生物学会(平10~) American Society for Microbiology(平23.4~)

学会委員等 日本ゲノム微生物学会 評議員

現在の研究課題

1. バクテリアの転写サイレンシング機構の解析
バクテリアのゲノム進化におけるサイレンシングタンパク質の役割の解析を行う。
2. バクテリアの核様体構造と転写制御システムの解析
ゲノム解析技術を駆使して、バクテリアのゲノム構造を解明する。同時に、転写制御機構をシステムとして理解する。それらの結果を元に、ゲノムを改変し、より生産性の高いバクテリアゲノムの再構築を目指す。
3. 初期地球に出現したバクテリアの増殖機構の解析
L-form バクテリアの人工細胞ベシクルを手掛かりに、情報科学的な手法も用いて初期生命の増殖機構を推測する。

共同研究キーワード

次世代シーケンス / トランスクリプトーム / RNA-seq/ChIP-seq