



文部科学省科学研究費補助金 新学術領域研究
「遺伝子制御の基盤となるクロマチンポテンシャル」 2018度-2022年度
HP: <https://www.nibb.ac.jp/potentia>
Twitter: https://twitter.com/CP_Publicity

クロマチン潜在能

News Letter No.12 Oct, 2020

1. 公募研究紹介 (小林 慎・佐瀬 英俊・田口 善弘)
2. ワークショップレポート
3. 成果紹介
4. 今後の予定

1. 公募研究紹介

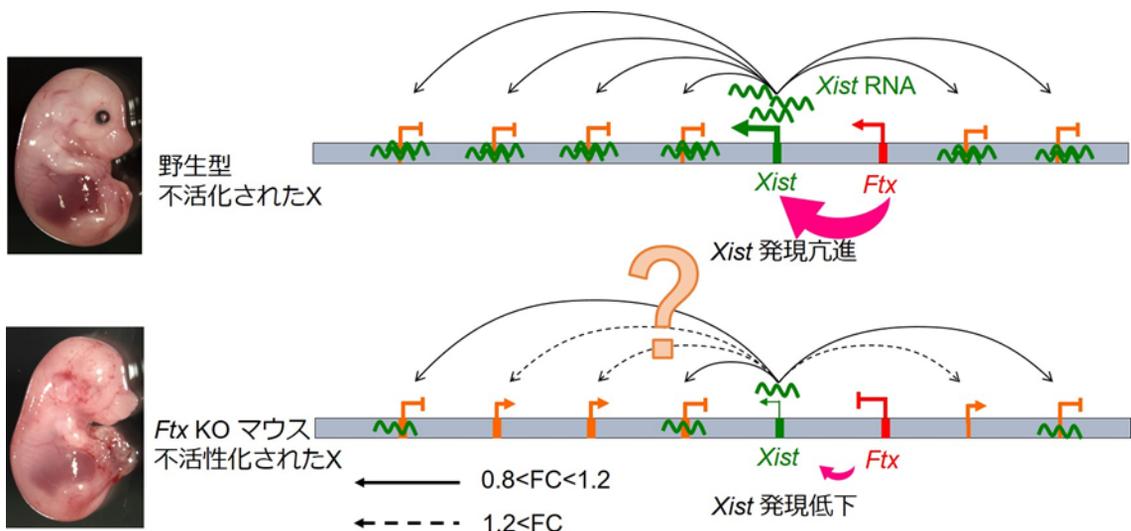
『長鎖ノンコーディングRNAが制御する個体発生とヘテロクロマチン形成メカニズム』

研究代表者：小林慎（産業技術総合研究所・主任研究員）

研究協力者：足達俊吾（産業技術総合研究所・主任研究員）

石野史俊（東京医科歯科大学難治疾患研究所・教授）

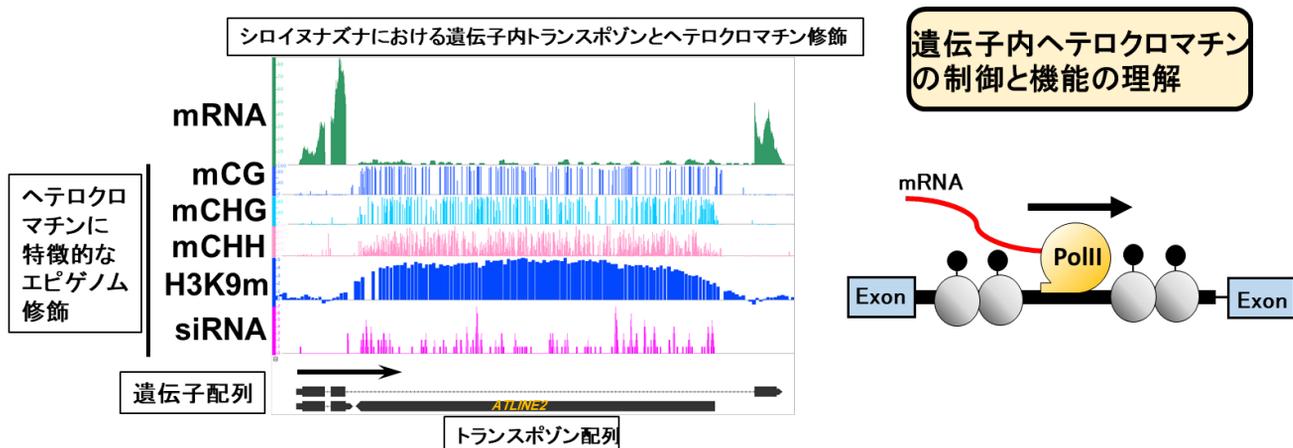
哺乳類の発生に必須な「X染色体の不活性化」は、X染色体上のほぼ全ての遺伝子の発現がOFFになる現象であり、このような染色体レベルの変化はヘテロクロマチン形成による遺伝子発現制御を理解するための良いモデルです。その制御にはヒストン修飾や核内構造といったクロマチン状態を決める因子として、Xistを始めとするいくつかのタンパク質を作らない長いnon-coding RNA(lncRNA)が重要な機能を持つと考えられています。しかし、Xist 自体の発現制御やlncRNAによる不活性化制御については、不明な点が多いのが現状です。私たちはこれまで、lncRNA の一つであるFtxを欠損させたノックアウトマウスの解析から、このマウスが不活性化異常を示すことを明らかにしました。しかし、その表現型はこれまで報告された変異体とは異なり、胎仔で死亡することなく生まれてきます。雌のみで眼球形成に異常を示し、Xist発現が低下・X染色体の一部の遺伝子が不活性化されないことを突き止めました。このような従来とは異なる表現型のマウスでどのような異常が起こっているか、明らかにすることにより、ヘテロクロマチン形成メカニズムに迫りたいと思います。



『植物における遺伝子内ヘテロクロマチンの制御と機能』

研究代表者：佐瀬英俊（沖縄科学技術大学院大学・植物エピジェネティクスユニット・准教授）

動植物を含む真核生物のゲノムの大部分は転移因子（トランスポゾン）などのリピート配列により形成されています。トランスポゾンの転写活性化と遺伝子領域への転移は正常な遺伝子機能を阻害するため、トランスポゾンは一般にDNAメチル化やヒストンH3リジン9のメチル化などの抑制的なエピゲノム修飾によりヘテロクロマチン化し転写が不活性化されています。興味深いことに、活発に転写されている遺伝子配列内、特に非翻訳領域であるイントロンや5'、3'-UTRに大量のトランスポゾン配列が入り込んでいる現象（intragenic transposon）が多くの生物ゲノムで観察されています。植物ゲノムにおいても、活発に転写されている遺伝子内にトランスポゾン配列が多く存在し、しかもこうした遺伝子内トランスポゾン配列にもヘテロクロマチン修飾が蓄積されていることが我々の研究から明らかになっています。しかしながら、RNAポリメラーゼによる転写の際にどのような分子メカニズムによって遺伝子内ヘテロクロマチンが維持・制御されているのか、また遺伝子内ヘテロクロマチン形成が遺伝子機能の進化にどのような影響を及ぼすのかについてはよく理解されていません。本研究ではシロイヌナズナやイネといった植物ゲノムをモデルとして、遺伝学やエピゲノミクス的手法を用いて遺伝子内ヘテロクロマチンの制御と、遺伝子発現における機能を理解することを目指します。



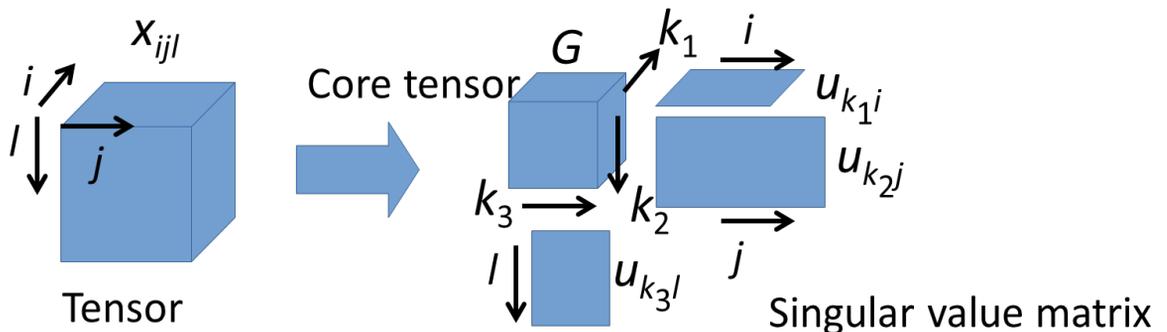
『テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択法のヒストン修飾解析への応用』

研究代表者：田口善弘（中央大学・理工学部・物理学科・教授）

私の方法はデータ駆動型の科学の方法をゲノム科学に応用することです。いままで、遺伝子発現プロファイルやメチル化、非コードRNAの発現量を個別、または統合的に解析する研究も行ってきました。ヒストン修飾の研究も小規模ながら行ったことがあります。テンソルは行列の拡張版の様な物で、行と列しかない行列に対して、行や列に相当するものが3つ以上ある場合を扱えます。例えば、遺伝子×患者×臓器、という風に。私が提案する「テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択法」は通常の「患者と健常者で差がある遺伝子」のように人間側で選択基準を決めるのではなく、データ駆動型でデータそのものに選択基準を決めさせる方法で遺伝子選択に非常に有効であることがわかりました。今回はヒストン修飾と銘打っていますが、その他のメチル化、遺伝子発現プロファイル、転写因子の結合（ChIP-Seq）などの解析も扱うことができます。皆さんの実験データを解析することで領域に貢献したいと思いますのでご協力（データ提供）をお願いします。

Tensor decomposition (TD) unsupervised FE

$$x_{ijl} = \sum_{k_1, k_2, k_3} G(k_1, k_2, k_3) x_{k_1 i} x_{k_2 j} x_{k_3 l}$$



2. ワークショップレポート

■第31回 細胞生物学ワークショップ オンライン

2020年8月17日（月）～8月21日（金）に、平岡泰（計画研究代表）、原口徳子（山縣計画研究分担）主催「第31回細胞生物学ワークショップ 蛍光顕微鏡トレーニングコース」（場所：大阪大学大学院生命機能研究科）を開催しました。若手研究者のバイオイメージング技術習得の促進を目的とした「実機を用いた講習会」です。受講生として、全国の大学院生や若手研究者など22名が参加しました。本領域からは、講師・ディスカッションリーダーとして、



図1. オンライン参加する受講生および講師（一部のみ）

木村宏（領域代表）、山縣一夫（計画研究代表）、伊藤由馬（木村計画研究分担）が参加したほか、受講生として、本領域計画研究および公募研究の研究室から、若手研究者3名が参加しました。従来のワークショップは、参加者全員が泊まり込む「合宿形式」で行っていましたが、今回は、ワークショップ始まって以来のオンライン開催となりました（図1）。午前中は講義、午後の実習は、（阪大生命機能研究科に設置されている）実機で実演している様子をライブ配信しました。夕方には、4-5人のグループに分かれてディスカッションする時間を設け、その日の問題点や疑問を討論しました。

リモート配信はワークショップの長い歴史の中でも初めてでした。受講生の皆さんに、臨場感をもって参加して貰えるように、入念な準備を行いました。顕微鏡室の通信状況、オンライン配信での写り具合や解像度の確認、カメラ位置の検討、配信画像のスイッチングの確認などなどです。これらの準備は、阪大・平岡研の平野泰弘助教（図2，左上）が中心となって進めてくれました（ありがとう、平野さん！）。実は、今年のワークショップは、例年と大きく異なることがありました。それは、午後の実習を「自由参加」とした点です。リモートで、1週間の全日程を参加するのは、受講生にとってしんどいかも知れないと配慮したためです。



図2. 実習の様子。実機前での実演（左上）、ライブ配信した顕微鏡コントロールパネル（右上）、裏方として現場で支えたTA（左下）、配信画像の切り替え（右下）。

しかし、そのような危惧は不要だったようです。受講生は、最終日まで誰一人欠けることなく全日程を参加してくれました。それは、我々にとって、とても嬉しい誤算でした。

以下に、受講生のアンケート結果を紹介します（図3）。

「このワークショップは有意義でしたか？」との質問に、全員が「有意義だった」と回答しました。

リモートで行うワークショップがどのくらい意義あるものになるか、大変不安でしたが、アンケート結果を見ると、ある程度は、有意義なものだったということが確認できました。「実習の内容はどうでしたか？」という質問に、約70%の受講生が「分かり易かった」、残りの約30%がなんらか

「分かり難い」と回答しました。分かりにくかった理由については、「時折、音声聞こえなかった」「画像がところどころコマ落ちした」「小さいノートPCだと見にくかった」という声も聞かれました。また、画像解析実習では、講義の画面を見ながら、自分のパソコンで解析をやることに困難を感じた受講生が多かったです。ここは今後の改善点だと思います。良かった理由としては、「先生方の講義で出てきた知らない言葉や定義を、すぐgoogleで調べながらできたので助かった」

「（顕微鏡制御用の）パソコンの操作画面がとても見やすかった」などがあげられていました。このように、リモートでの実習は、我々の予想以上に“高い評価”を受けた訳ですが、より予想外だったのは、「対面式のワークショップとオンラインのワークショップと、どちらを受けてみたかったですか？」という質問に対する回答です。合宿形式（アンケートでは「対面形式」）を選んだひとが、実に、73%に上ったのは驚きでした。やはり、人間は、対面しながら一緒に過ごすのが好きなのだ、改めて認識させられました（笑）。頂いた意見を、今後活かしていきたいと思ひます。

最後に、本ワークショップに参加して下さった全ての参加者の皆さまに心より感謝します。

（顕微鏡制御用の）パソコンの操作画面がとても見やすかった」などがあげられていました。このように、リモートでの実習は、我々の予想以上に“高い評価”を受けた訳ですが、より予想外だったのは、「対面式のワークショップとオンラインのワークショップと、どちらを受けてみたかったですか？」という質問に対する回答です。合宿形式（アンケートでは「対面形式」）を選んだひとが、実に、73%に上ったのは驚きでした。やはり、人間は、対面しながら一緒に過ごすのが好きなのだ、改めて認識させられました（笑）。頂いた意見を、今後活かしていきたいと思ひます。

最後に、本ワークショップに参加して下さった全ての参加者の皆さまに心より感謝します。

「対面式のワークショップとオンラインのワークショップと、どちらを受けてみたかったですか？」という質問に対する回答です。合宿形式（アンケートでは「対面形式」）を選んだひとが、実に、73%に上ったのは驚きでした。やはり、人間は、対面しながら一緒に過ごすのが好きなのだ、改めて認識させられました（笑）。頂いた意見を、今後活かしていきたいと思ひます。

最後に、本ワークショップに参加して下さった全ての参加者の皆さまに心より感謝します。

（大阪大学・原口徳子）

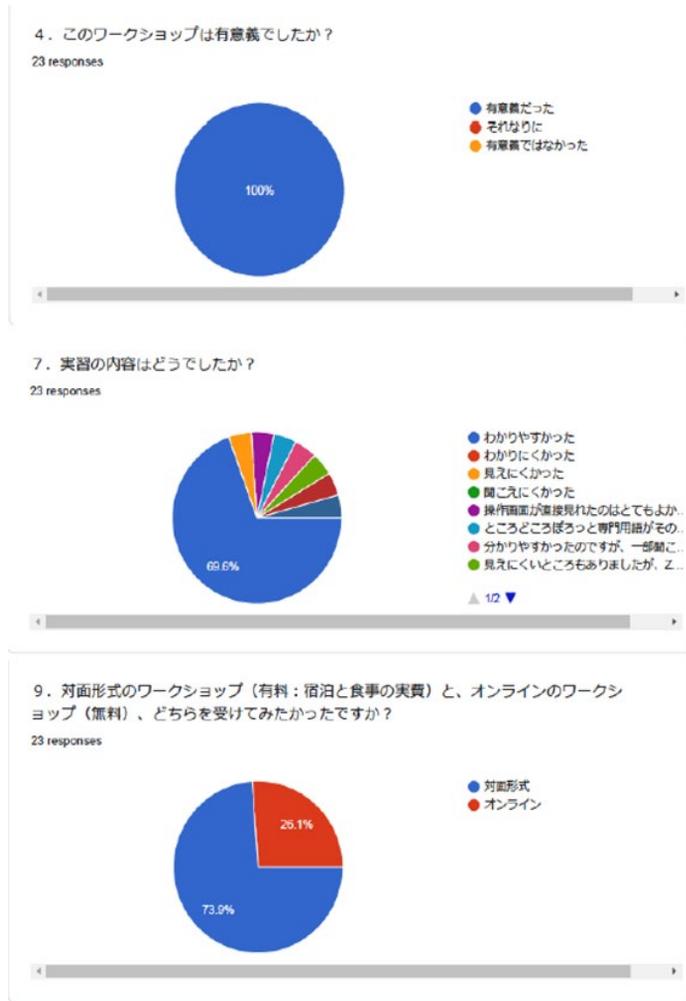


図3. アンケート結果

ディスカッションリーダーから頂いたご意見・感想

[東京工業大学 伊藤由馬]

オンラインワークショップで、ここまでできるのかと感銘を受けました。私が担当したグループディスカッションでは、初日は少し戸惑ったものの、2回目以降は講義内容に即して、受講生自身の研究対象に具体的に適用するときの、方法や問題点、工夫などを話し合いました。全員が活発に発言し、有意義な議論になったと思います。その時に聞いた実習の印象では、顕微鏡操作の部分が特に好評でした。通常ならば実験者の後ろからのぞき込む操作画面を、自らのパソコン画面で直接見たことで、とても臨場感のある実習と感じました。一方、画像解析の実習に最後までついていけなかったという意見も頂きました。大人数でのオンライン実習では個別のちょっとした質問に対応することが難しいですが、共有する操作画面の解像度を下げて小画面でも見やすくしたり、完成版の解析シートにパスワードを付けて予め配布したりしておく、取り残されずに最後まで参加できるのではないかと思います。初めてのオンラインワークショップ開催にご尽力いただいた講師やスタッフの皆様、積極的に議論に参加して下さった受講生の皆様に深く感謝いたします。

受講生の感想

[九州大学・大川研 富松航佑]

コロナ禍でオンラインでのワークショップでしたが、普段使いの顕微鏡がすぐ側にある環境で受ける事ができたので、講義と実習で学んだ事を即実践できる非常に実の多い機会となりました。休憩時間になる度に顕微鏡のもとに走っては、レンズやカメラなどのシステムと自分の実験系は適切かを考え、疑問を質問として直ぐに消化できた事が理解へと繋がりました。また、1日の最後に行われる少人数ディスカッションで「〇〇顕微鏡を使って□□を撮りたい時は何が最適か、できなければどう解決するか」等を議論するのが、時には大掛かりな顕微鏡改造案なども出て大変面白かったです。これまでは顕微鏡の性能に頼りきったイメージングをしていましたが、ワークショップ後からは、目的のイメージングにあった適切なコンディションを考える事が楽しみの一つとなりました。限られた時間の中で大変有意義なワークショップを準備して下さいました先生方、スタッフの方々、また一緒に参加して議論できたメンバーの皆様に深く感謝致します。

[広島大学・落合研 大石裕晃]

第31回細胞生物学ワークショップに参加しました。今回コロナ禍のためオンライン開催となり、私は大学の会議室を借り、プロジェクターの大画面を介して勉強させて頂きました。実際に講師陣や受講生と会って議論することは出来ませんが、学習のスタイルを選べる点やチャットを利用して気兼ねなく質問できる点はオンラインの強みだと感じました。本ワークショップでは顕微鏡の光学的な知識から画像解析まで基本的かつ必須の知識を国内有数の講師陣から講義と実習によって学ぶことが出来ます。特にフーリエ変換や画像処理などを学ぶことができ充実した内容でした。このような状況の中、ワークショップを開いて頂いた講師陣には大変感謝しています。本ワークショップで学んだことを活かし、日々の顕微鏡で細胞を観る実験に没頭しています。

3. 成果紹介

■玉田洋介公募研究代表の論文がNature Plants誌に掲載されました。

DNA damage triggers reprogramming of differentiated cells into stem cells in *Physcomitrella*

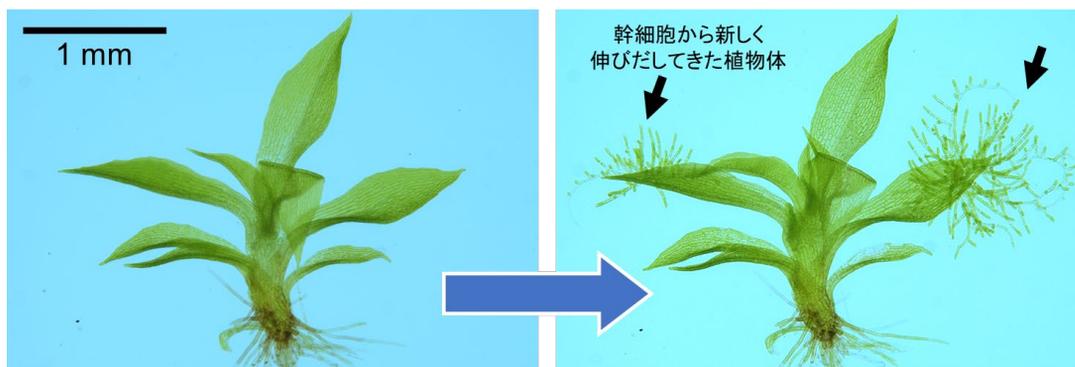
†Nan Gu, †Yosuke Tamada, Akihiro Imai, Gergo Palfalvi, Yukiko Kabeya, Shuji Shigenobu, Masaki Ishikawa, Karel J. Angelis, *Chunli Chen, *Mitsuyasu Hasebe.

Nat Plants. 2020 Aug 17. doi: 10.1038/s41477-020-0745-9.

<https://www.nature.com/articles/s41477-020-0745-9>

植物は一般に動物よりも細胞リプログラミングによる幹細胞化がおきやすく、そのトリガーとして傷害刺激と植物ホルモン処理がよく知られている。コケ植物ヒメツリガネゴケは特に幹細胞化しやすく、葉を切断して水と光を与えておくと、切り口にある分化した葉細胞の半分から7割程度がリプログラミングされ、ライフサイクルの最初期にあらわれる原糸体幹細胞へと変化してによきによきと伸びだす。

中国からの交換留学生Nan Gu（顧 南）は、ヒメツリガネゴケにおけるDNA損傷応答機構の解明を目的として私の前所属の基礎生物学研究所に参加し、私と二人三脚で研究を進めてきた。その過程で、切断した葉にDNA損傷を与えながら幹細胞化を誘導する実験をNan Guが行った。幹細胞はDNA損傷によって細胞死しやすいことから、私はDNA損傷によって幹細胞化が阻害されるだけだろうと考えていた。しかし、結果はその予想を覆すもので、切断葉にDNA損傷を与えることで、切り口の細胞だけでなく、切り口でない内部の細胞にまで幹細胞化が誘導された。つまり、DNA損傷によって幹細胞化が促進されたのである。その後、DNA損傷の条件を幅広く検討し、強いDNA損傷を一過的に与えることで、傷害刺激がなくとも幹細胞化を誘導できることを発見した（図）。このことは、DNA損傷が、傷害刺激、植物ホルモン処理に続く植物幹細胞化の「第3のトリガー」であることを意味している。



DNA損傷剤処理前の
ヒメツリガネゴケ茎葉体

DNA損傷剤処理後7日目の
ヒメツリガネゴケ茎葉体



その後、DNA損傷による幹細胞化には、DNA損傷応答経路の中心因子の一つATRと、AP2/ERF転写因子STEMINが必須であり、さらにATRがSTEMINの上流にいることを解明した。以前の論文にて、STEMINはH3K27me3の脱メチル化を介して幹細胞化を誘導することを明らかにしており (Ishikawa et al. 2019, Nat Plants)、DNA損傷がATRを介してSTEMINを活性化することで、幹細胞化が誘導されることが示された。

さて、本論文のアクセプトの最後の障壁が、DNA損傷による細胞死が起きていないことを証明することであった。もし細胞死が起きていれば、それが傷害刺激となって幹細胞化は誘導されうるため、既知のメカニズムと変わらないことになってしまう。私たちは、DNA損傷剤処理とその除去を行いながら、細胞死マーカー物質を用いて細胞死をタイムラプス観察できる系を構築し、DNA損傷による幹細胞化の過程で、細胞死が起きていないことを実証した。

次なる研究の目標は、どのようにDNA損傷とATRがSTEMINを活性化するのかを解明することである。STEMINを含む幹細胞化促進因子の遺伝子座が損傷を受け、それを修復する際のユークロマチン化によって「クロマチンポテンシャルが開放」され、幹細胞化が引き起こされているという仮説を立て、研究を進めている。

以下、プレスリリース情報です。

～Yahooニュース 2020年8月18日

DNA傷つくと「幹細胞」に変化 コケで発見、基礎生物学研

<https://news.yahoo.co.jp/articles/2b3e400be95ad0e28ad625e5402ca80c41482e77>

など、計80件のプレス報道（国内新聞9件、国内ウェブ新聞50件、海外ウェブ新聞21件）がありました。



■鈴木淳史公募研究代表と堀澤健一（九大・鈴木研助教）、大川恭行計画研究分担らの論文がMolecular Cell誌に掲載されました。本研究は、領域内共同研究の成果です。

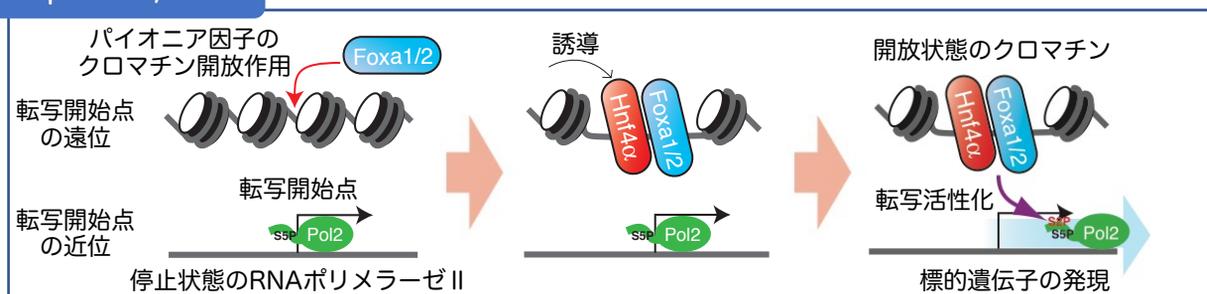
The dynamics of transcriptional activation by hepatic reprogramming factors

+Horisawa K, +Udono M, +Ueno K, Ohkawa Y, Nagasaki M, Sekiya S, *Suzuki A (+Co-second author) Mol Cell. 2020 Aug 20. doi: 10.1016/j.molcel.2020.07.012.

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1097276520305025>

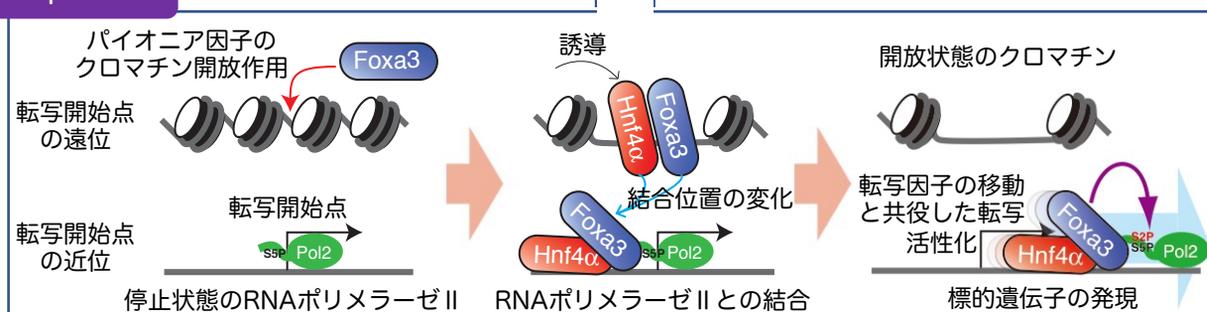
これまでの研究で、鈴木らは、マウスの皮膚から抽出した線維芽細胞に2つの転写因子（Hnf4αとFoxa1、2、3のいずれか1つ）を発現させることで、線維芽細胞を肝細胞の性質を有する「誘導肝細胞（iHep細胞）」へと変化させることに成功した（Sekiya and Suzuki, Nature, 2011）。こうした細胞運命の直接転換は「ダイレクトリプログラミング」と呼ばれ、将来の革新的医療を担う新しい技術として注目されている。本研究では、iHep細胞へのダイレクトリプログラミングを誘導する転写因子の挙動を詳しく解析するとともに、線維芽細胞が肝細胞の運命を獲得する過程で生じる遺伝子発現変化やクロマチン状態変化、エピゲノム状態変化などを統合的に解析することで、転写因子のDNAへの結合から始まる一連のダイナミックな細胞状態変化の全容を解明することに成功した。興味深いことに、iHep細胞誘導因子の1つであるFoxa3は、同じファミリーに属するFoxa1やFoxa2とは異なる様式で標的遺伝子の発現を誘導することが判明した。

iHep-4α1/4α2



iHep細胞へのダイレクトリプログラミング

iHep-4α3



※ Hnf4αとFoxa1、Hnf4αとFoxa2、Hnf4αとFoxa3の組み合わせで作製したiHep細胞をそれぞれiHep-4α1、iHep-4α2、iHep-4α3と呼ぶ



本研究において、Foxa3がFoxa1やFoxa2と同じパイオニア因子としてクロマチン構造を開くことが明らかになったが、Foxa3はその後速やかに転写開始点付近に転位してRNAポリメラーゼⅡやHnf4aと結合し、それらと一緒にDNA上を動くことで標的遺伝子の転写を活性化することが明らかとなった（前頁図）。この特徴的なFoxa3の作用機序は、Hnf4aとFoxa3を用いたiHep細胞誘導に必要不可欠であることも判明した。RNAポリメラーゼⅡと転写因子の機能的な結合はFoxa3以外の転写因子でも起こりうることから、細胞運命制御に関連する他の転写因子にも同様の働きがあるかもしれない。本研究で明らかとなったiHep細胞の誘導メカニズムは、iHep細胞の質の向上や安全性の担保など、iHep細胞の医療応用において重要な知見になるだけでなく、肝細胞の分化機序やその破綻による病気の発症機構の解明にもつながると考えられる。



■藤芳暁公募班代表の論文が、Journal of Physical Chemistry B誌に掲載されました。

Cryogenic Far-Field Fluorescence Nanoscopy: Evaluation with DNA Origami

† Furubayashi T, Ishida K, Nakata E, Morii T, Naruse K, Matsushita M, *Fujiyoshi S. J Phys Chem B. 2020 Sep 3. doi: 10.1021/acs.jpccb.0c04721.

<https://pubs.acs.org/doi/10.1021/acs.jpccb.0c04721>

蛍光顕微鏡で分子の世界を知りたい。これは我々の悲願である。なぜなら、蛍光顕微鏡は生体試料内部を観ることができ、1分子感度を併せ持つという唯一の顕微法なので、生命現象を画像化できる可能性を持っているからだ。このような画像化には1分子観察が不可欠であると考え、1分子観察を基にした蛍光局在化顕微法 (Fluorescence Localization Microscopy) を用いて、分子レベルの画像化に挑戦してきた。その過程で、生体試料のナノレベルの固定化が重要であることに気づかされ、ク

クライオ固定化した試料を観察するための超流動ヘリウム蛍光顕微鏡を独自開発してきた。昨年、短い二本鎖DNA(長さ10 nm)の蛍光ナノスコーピーに成功し、速報(Letter)を投稿した[1]。ごく最近、この成果を原著論文(Article)にまとめることができたので、以下に紹介する。

図1 aはエアリー関数である。理想的な蛍光顕微鏡で1個の色素を観察すると、そのスポットはエアリー関数になる。エアリー関数の特徴は中心のディスクと同心円のリングである。レイリーの定義では、黒い環の半径 (第一暗環半径、 r_{1st}) を分解能とした。開口数 $NA=1.4$ 、波長488 nmの時、分解能は $r_{1st} = 0.2 \mu\text{m}$ になる。一方、蛍光局在化顕微法では、中心ディスクの重心を定めることで1分子の位置を決定する。その位置精度 Δxy は s/\sqrt{N} で表され (ここで、 s はエアリーディスクの標準偏差、 N は検出された光子数である。) 開口数 $NA=1.4$ 、波長488 nmの時、 s は $0.07 \mu\text{m}$ になる。つまり、 N が5000光子で、 Δxy が1 nmになる。これは室温の実験でも現実的な光子数で、超流動ヘリウム中ではオングストロームの精度も実現している[2]。

ところが、精度を上げていっても、分子レベルの画像化が不可能なことが分かってきた。それは、精度とは再現性の尺度だが、正確さの尺度 (正確度) ではないからである。我々は、蛍光局在化顕微法において、分解能に換算して約50 nmの系統誤差が生じていることを実験的に明らかにした。これは、1分子からの蛍光は双極子輻射なので、空間的に非等方な輻射であり、この非等方性が系統誤差を産む。

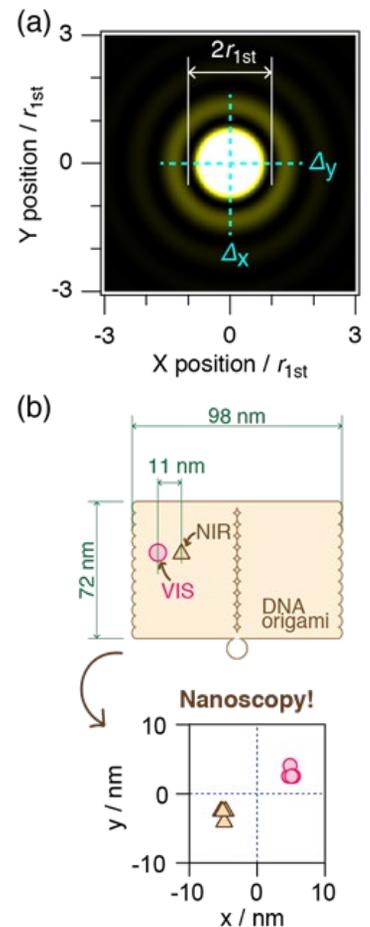


図 1. (a) エアリー関数・分解能・精度. (b) ナノスコーピーの実証.



我々は、この系統誤差を補正し、正確度5 nmの蛍光1分子観察を実証した。その結果、DNAオリガミに結合した二つの色素（色素間距離11 nm）を見分けることに成功した(図1 b)。11 nmは、ちょうどヌクレオソームの大きさである。現在は、この顕微鏡で、ヌクレオソームの細胞内観察を目指している。

[1] **Nanometer Accuracy in Cryogenic Far-Field Localization Microscopy of Individual Molecules**

Furubayashi T, Ishida K, Kashida H, Nakata E, Morii T, Matsushita M, Fujiyoshi S
J. Phys. Chem. Lett. 10, 5841-5846 (2019).

[2] **Three-Dimensional Localization of an Individual Fluorescent Molecule with Angstrom Precision**

Furubayashi T, Motohashi K, Wakao K, Matsuda T, Kii I, Hosoya T, Hayashi N, Sadaie M, Ishikawa F, Matsushita M, Fujiyoshi S
J. Am. Chem. Soc. 139, 8990-8994 (2017).



4. 今後の予定

■ 第43回 日本分子生物学会年会

日 時： 2020年12月2日(水)-4日(金) (Zoomオンライン開催)

年会長： 上村 匡 (京都大学)

Late-breaking Abstract締切： 10月26日(月) 17:00

事前参加登録締切： 10月30日(金) 17:00

homepage： <https://www2.aeplan.co.jp/mbsj2020/>

当領域共催ワークショップ

「1細胞解析から紐解くクロマチンポテンシャル」

日 時： 2020年12月2日 (水) PM

オーガナイザー： 平谷 伊智朗 (理研)、落合 博 (広大)

当領域研究者によるワークショップ

「機能性RNAによる核と染色体のダイナミクス制御」

日 時： 2020年12月2日 (水) AM

オーガナイザー： 斉藤 典子 (がん研)、岩崎 由香 (慶応大)

「植物と動物の発生における非対称性創出の基盤原理の理解にむけて」

日 時： 2020年12月3日 (木) AM

オーガナイザー： 佐藤 豊 (遺伝研)、木村 暁 (遺伝研)

「女性研究者の活躍がクロマチンのように生物学の最前線に広がることを目指して」

日 時： 2020年12月3日 (木) PM

オーガナイザー： 加納 純子 (東大)、岡田 由紀 (東大)

「柔らかい生体分子の生物学」

日 時： 2020年12月4日 (金) AM

オーガナイザー： 山崎 智弘 (北大)、中川 真一 (北大)

「今後の分子生物学で神経科学の何を明らかにするのか？」

日 時： 2020年12月4日 (金) PM

オーガナイザー： 岸 雄介 (東大)、竹内 春樹 (東大)

「細胞核を造る～再構成的アプローチによる細胞核の階層性理解～」

日 時： 2020年12月4日 (金) PM

オーガナイザー： 胡桃坂 仁志 (東大)、山縣 一夫 (近大)



■ International Symposium for Female Researchers in Chromatin Biology 2020/Satellite symposium of the 43rd MBSJ

当領域共催シンポジウム

日 時： 2020年12月5日(土) 14:30-21:00 (Zoomオンライン開催)

オーガナイザー： Yuki Okada (Univ.of Tokyo, Japan), Junko Kanoh (Univ.of Tokyo, Japan)
Masako Tada (Toho Univ., Japan), Susan Gasser (FMI, Switzerland),
Ichiro Hiratani (RIKEN BDR, Japan)

定 員： 300名 (下記ウェブサイトから要登録、先着順) 300人定員で締め切ります。

Homepage: <https://www.wisj.online/isfrcb2020>

編集後記：すっかり秋になりました。また、今号で第1期公募班紹介が終了しました。感無量です。今後も、色んな活動内容や、成果報告等どしどしお寄せください。よろしくお願いたします。(TF)
秋の訪れとともに忙しさが増す毎日です。本領域は中間評価および第二期公募班募集の時期に入りました。このニュースレターが広く深い研究ネットワークの形成の一助となることを願っています。(NS)

