



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年度-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.18 Jun, 2022

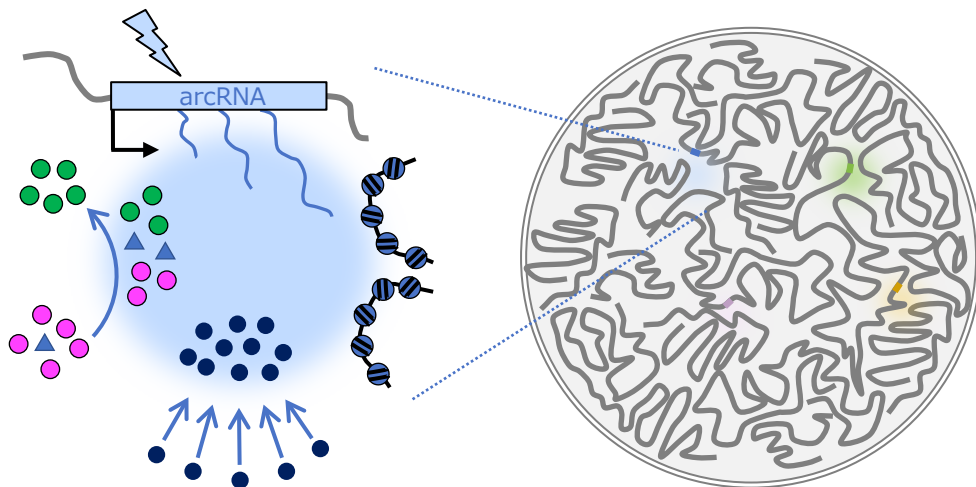
1. 公募研究紹介 (山崎 智弘・加藤 太陽・原 裕貴)
2. 第5回 領域会議・総括班会議レポート
3. 成果紹介
4. 今後の予定

1. 公募研究紹介

『RNA誘導性相分離によるクロマチン制御』

研究代表者：山崎 智弘（大阪大学・生命機能研究科・特任講師）

ゲノムからは、多数の長鎖ノンコーディングRNA (lncRNA) を含むRNAが産生されており、ゲノム制御因子として重要な機能を有していると考えられています。本研究では、RNAが起点となり誘導される非膜性構造体に焦点を当て、その遺伝子発現・クロマチン制御における機能発現メカニズムを理解することを目的とします。NEAT1_2 lncRNAが構築する非膜性構造体パラスペクルをモデルとするとともに、申請者が新たに確立した人工RNA相分離構造体構築系も利用し、RNAが誘導する核内相分離による機能発現メカニズムを明らかにします。また、第1期で明らかにしたRNA-タンパク質複合体 (RNP) がブロック共重合体として振舞うという新たなRNPの働き方について掘り下げ、分子基盤の解明、さらに、この機構のクロマチン制御における意義を明らかにします。ソフトマター物理学の理論解析なども取り入れ、RNA誘導性相分離の誘導とクロマチン・遺伝子発現制御を包括的に理解するための分子基盤・普遍的なルールを明らかにすることを目指します。以上の解析によりクロマチンポテンシャルにおけるRNA誘導性相分離の役割を明らかにします。



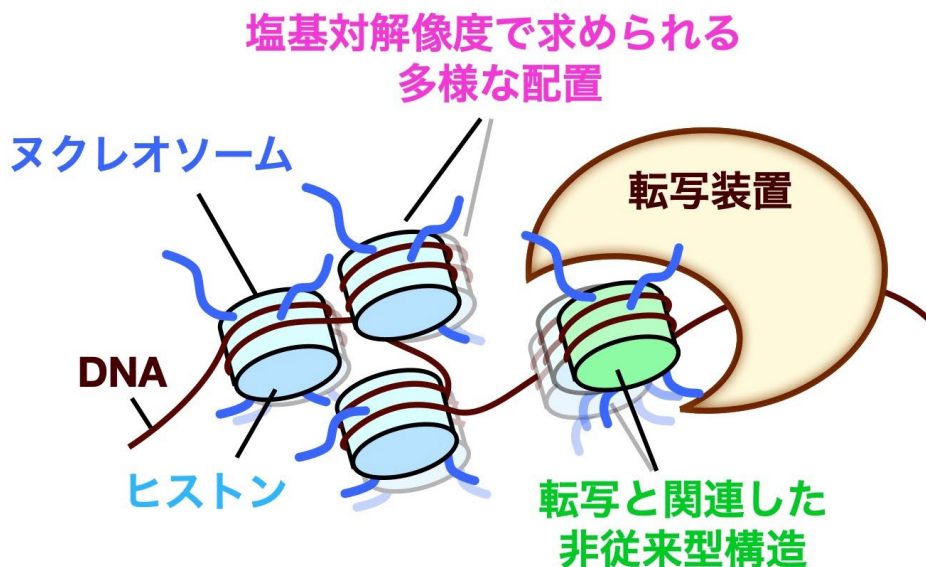
『転写と関連した非従来型ヌクレオソームの細胞内高解像度マッピング』

研究代表者：加藤 太陽（島根大学・医学部生命科学講座・准教授）

エピジェネティック制御の根幹に関わるヌクレオソームは、従来、ヒストン8量体にDNAが巻きついた構造と考えられてきました。近年、ヒストンの構成とDNAの巻きつき具合、および他の因子との相互作用といった動的な変化が注目されていますが、それらが細胞内の証拠によって十分に裏付けられているとは言い難いのが現状です。

DNA-タンパク質複合体の細胞内での振る舞いを明らかにするためには、タンパク質の特定アミノ酸が近接するDNAの特定ヌクレオチドをゲノム座標上で同定する必要があります。これにはCys残基依存的なフェントン反応を利用するケミカルマッピングが有効です。ヒストンH3とH4を含むヌクレオソームはすでに同定されていましたが、DNAの巻きつき具合は不明でした。第1期の公募研究では、ヒストン8量体にDNAが完全に巻きついたヌクレオソームをゲノムワイドに同定し、ヌクレオソームDNAの部分配列の役割を解析しました。

本研究は、研究協力者である明星大学清水光弘博士の協力を得て、ヒストンH2AとH2Bの新規マッピング手法を開発し、H3とH4、およびDNAの巻きつきの情報と統合することで、細胞内ヌクレオソームの多様な配置を塩基対解像度で明らかにします。その上で、転写と関連して生じる特殊なヌクレオソーム構造の証拠をゲノム座標上にマッピングし、ヌクレオソームの動的な振る舞いをゲノムのコンテキストで理解することを目指します。



『核内クロマチン密度と核内構造体の相互関連の検証』

研究代表者：原 裕貴（山口大学・創成科学研究科・講師）

真核生物の細胞が有する核（細胞核）のサイズは一定ではありません。同じゲノムをもった細胞でも、細胞内外の環境や必要とする機能に合わせて、核のサイズは劇的に変化します。この同一ゲノムを保持する核サイズの変化は、核内のクロマチンの密度が変化することを意味しています。これまでに、我々は核内クロマチンの量の変化が、核のサイズ制御に影響を与える特徴を報告してきました。しかし、核内クロマチンの量や密度が、どのように核の機能やクロマチンの高次構造を制御しているかは分かっていません。そこで本研究では、核内に形成される構造体の形態と役割に焦点を当て、核内のクロマチン密度がクロマチンの機能を制御する機構の解明に挑みます。具体的には、アフリカツメガエルの卵抽出液による無細胞系を利用し、試験管内で精子クロマチンから核を再構成する実験系を利用します。この核の再構成時に、核内クロマチン密度や核内構造体の形態を人為的に操作する手法を確立し、核やクロマチン、核内構造体の形態を定量します。発生や分化の影響を受けない均質な無細胞再構成条件下で、核内クロマチン密度と核内構造体の両者の相互関係を理解することにより、核内クロマチンの密度情報が核機能を制御する道筋を明らかにしたいと考えています。



2. 第5回 領域会議・総括班会議レポート

2022年4月25日(月)–27日(水)にクロマチン潜在能第5回領域会議が中山潤一さんのオーガナイズにより岡崎コンファレンスセンター（愛知県岡崎市）およびオンラインのハイブリッド形式で開催された。本領域の計画研究および公募研究の代表者・分担者・連携研究者は会場にて、各グループの研究協力者や領域評価者や文部科学省学術調査官の先生方はオンラインにて、参加した。会場からは約40名（運営スタッフの方々を含む）、オンラインでは約120名が常にアクセスしているという状況であった。



会議の様子

会議冒頭に木村宏領域代表から、「過去2年間、新型コロナウイルスの感染流行により領域会議をオンラインでしか開催できなかつたので、最終年度にあたる今回はなんとかして対面で開催したかった。休憩時間なども活用して大いに議論・交流してほしい」との趣旨説明があった。その後、3日間にわたり、計画研究代表者、計画研究分担者、公募研究代表者全員が口頭発表を行い、進捗状況を報告した（合計36演題）。また、2日目の昼には総括班会議もハイブリッド形式で開催された。最終年度が始まった時期ということで、計画研究課題を中心に現在までの成果を概観しながら今後の課題を整理・展望するような発表が多く見られ、領域の現状と課題を各自が整理する良い機会となった。休憩時には感染対策に十分配慮しつつも、ここ数年難しかった対面での議論・交流が活発に行われ、領域会議の良さを改めて実感する機会ともなった。領域評価者の先生からも「ハイブリッドで行えたのはとても良い形式であった」「本領域での成果を今後しっかり取りまとめ、同分野のさらなる発展につなげてほしい」というコメントを頂いた。

感染症対策で難しい判断がまだまだ迫られる状況の中で、発表者は一堂に介して会議を開催するという決断をした領域代表と、それに応えて感染対策に気をつけた参加者の方々、そして何よりもストレスのないハイブリッド会議が開催できるように完璧な準備と運営、感染対策を行ってくださった中山さんとスタッフの方々、サポートをされた小布施力史さんに敬意と感謝を申し上げたい。

木村暁（国立遺伝学研究所）



2022.4.26 新学術領域研究「クロマチン潜在能」第5回領域会議（岡崎コンファレンスセンター）

岡崎コンファレンスセンターの前にて

3. 成果紹介

■ 寺川剛公募研究代表らの論文がNucleic Acids Research誌に掲載されました。

The lane-switch mechanism for nucleosome repositioning by DNA translocase

† Nagae F, Brandani GB, Takada S, *Terakawa T

Nucleic Acids Res. 2021 Sep 20. doi: 10.1093/nar/gkab664.

<https://academic.oup.com/nar/article/49/16/9066/6345465>

真核生物のゲノムDNAは、ヒストンタンパク質に巻き付いて、数珠つなぎに多数のヌクレオソームを形成している。一方で、トランスロケースと呼ばれるタンパク質群（例えば、RNAポリメラーゼ、DNA複製ヘリカーゼ、エキソヌクレアーゼ等）は、そのDNAに沿って一方向に移動しながらそれらの機能を果たしている。そのため、トランスロケースはヌクレオソームと必然的に衝突する。先行研究の1分子イメージングで、トランスロケースとヌクレオソームが衝突したのちに、ヌクレオソームがトランスロケースの進行方向（下流）に向けて再配置される様子が観察された。しかし、この再配置の分子機構は明らかになっていなかった。本研究では、分子動力学シミュレーションを用いて、この再配置が「レーン・スイッチ機構」によって起きることを予測し、それを制限酵素消化アッセイとMNaseアッセイによって検証した。「レーン・スイッチ機構」ではまず、トランスロケースが、ヌクレオソームに巻きついているDNAをダイアドの近くまで解く。すると、まだ巻きついているDNAが、解かれて露出した結合面に再結合する。それによって露出した結合面に下流のDNAが再結合して、再配置が完了する（図1）。本研究では、ヌクレオソームと特異的に相互作用しない、T7ファージのRNAポリメラーゼを用いて、「レーン・スイッチ機構」によるヌクレオソームの下流への再配置を調べた。一方で細胞内では、ヌクレオソームと特異的に相互作用するトランスロケースとヌクレオソームの衝突において、ヌクレオソームの上流への再配置がエピゲノム情報の保持に必須である。その分子機構の基盤として、「レーン・スイッチ機構」が重要な意味を持つと考えられる。

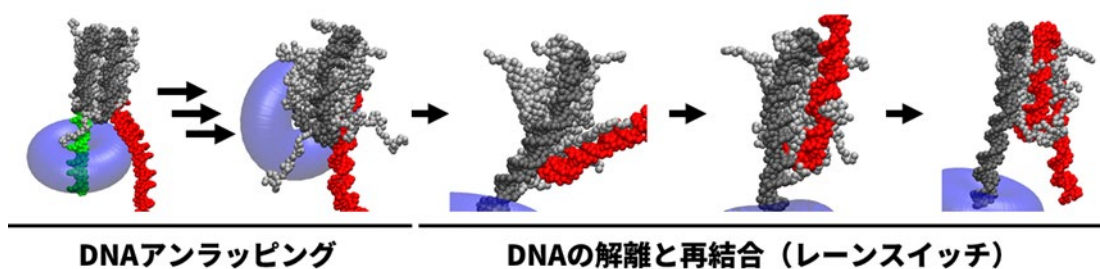


図1; レーン・スイッチ機構。

濃灰色:ヌクレオソームDNA、赤色:下流DNA、

灰色:ヒストンタンパク質、青色:トランスロケースモデル

■ 齊藤典子計画研究代表、原口徳子分担、立和名博昭連携研究者、伊藤由馬分担、落合博分担らの論文がLife Science Alliance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。

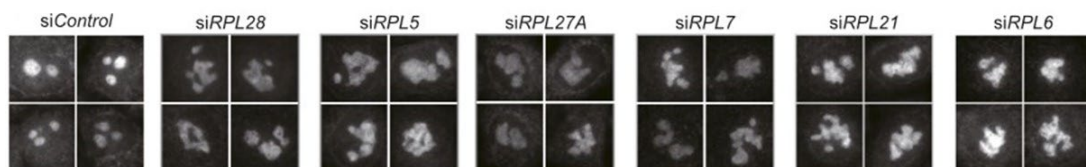
The CENP-A centromere targeting domain facilitates H4K20 monomethylation in the nucleosome by structural polymorphism

† Matsumori H, † Watanabe K, Tachiwana H, Fujita T, Ito Y, Tokunaga M, Sakata-Sogawa K, Osakada H, Haraguchi T, Awazu A, Ochiai H, Sakata Y, Ochiai K, Toki T, Ito E, Goldberg IG, Tokunaga K, *Nakao M, *Saitoh N


Life Sci Alliance. 2022 Mar 23. doi: 10.26508/lisa.202101045.

<https://www.life-science-alliance.org/content/5/7/e202101045>

細胞内の核内に存在する核内構造体である核小体はリボソームRNA(rRNA)の転写、修飾やプロセッシング、会合など、いわゆるリボソーム生合成と呼ばれるタンパクの合成に関わっている。そのため核小体は細胞が増殖するために重要な役割を担っている。核小体の大きさは細胞の種類によって異なり、特に正常細胞とがん細胞を比較すると大きさや形態が異なることが以前より知られていた。がん細胞は強い増殖能力をもつために、細胞分裂などの際に新しいタンパク質の需要が増加している。その需要増大によって、がん細胞では核小体の機能が正常細胞より亢進しており、核小体の大きさが正常な細胞より大きくなっていると考えられている。また、最近の研究でリボソーム生合成の過程に何らかの異常が生じる（核小体ストレス）と、このストレスが起点となって細胞周期を停止させるストレスセンサーとして働き、正常細胞において核小体には細胞増殖抑制としての新たな役割があることもわかってきた。今回、我々は核小体の形態に着目し、どのようなタンパク質が核小体の形態を維持するのに必要であるか、またその形態変化が核小体の機能にどう影響するかを検討した。まず、核小体の形態維持に重要な遺伝子をスクリーニングするために、745遺伝子に対するsiRNAをそれぞれHeLa細胞にトランスフェクションし、その核小体の形態を画像データとして取得した。その画像データに機械学習を用いた画像解析技術 wndchrm (weighted neighbor distance using a computed hierarchy of algorithms representing morphology) を適用し、核小体形態のプロファイリングを行った。その結果、核小体を構成するタンパクであるL ribosomal proteins (RPL) ファミリーのいくつかをノックダウン(KD)すると、いずれのRPLをKDした場合でも同様に数個の核小体が融合し1つの構造体として観察され、膨化し、より大きくなるという特徴があることが分かった(下図)。




HeLa細胞にsiRNAをトランスフェクションし、核小体の形態をnucleophosminに対する抗体で免疫染色して観察した。



更に、RPLファミリーの中でもRPL5をKDした際に、最も核小体の形態変化が顕著に現れた。核小体はFC (fibrillar center)、DFC (dense fibrillar components)、GC (granular components) と呼ばれる3つのサブ構造から構成されていることが知られているが、RPL5をKDすると核小体内GC領域が拡張していることが透過電子顕微鏡法で明らかとなり、このGC領域の拡張が核小体形態変化の原因と考えられた。また、RPL5をKDすると、GC領域を構成するタンパクであるnucleophosmin (NPM1)の流動性が亢進していることを細胞内一分子軌跡解析により明らかにした。この細胞内NPM1の流動性亢進は、シュミレーションモデルによっても同様に確認された。次にRPL5をKDした際の核小体の形態変化が、核小体機能にどのように影響を及ぼすかについて検討した。核小体の機能の1つとしてrRNAのプロセッシングがあるが、rRNA前駆体から成熟したrRNAにプロセッシングされる行程は核小体のGC領域で主に行われている。Northern blotでrRNA前駆体の蓄積を解析したところ、RPL5KD-HeLa細胞では、rRNAのプロセッシングに異常を認め、未成熟なrRNA前駆体の蓄積が観察された。また、RPL5KDによって、核小体内でのrDNA相互の結束が弱まり、rRNAの転写自体も阻害されることが明らかとなった。

RPL5に先天的な変異を持つヒトはDiamond-Blackfan貧血症を新生児期より発症することが知られている。我々はこの患者の末梢血リンパ球細胞を観察したところ、RPL5KD-HeLa細胞で観察された時と同様に、核小体が膨化していることを見つけた。このようにRPL5が核小体の形態維持とそれによる細胞機能の破綻が、Diamond-Blackfan貧血の原因となっている可能性を見出した。

以上のことから、核小体タンパクRPL5の新たな機能として、核小体の形態維持とそれによる核小体機能の維持に重要な役割を担っていることが明らかとなった。



■作野剛士（大阪大学、特任准教授）と平岡泰計画研究代表、原口徳子分担らの論文が Nucleic Acids Research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。

Rec8 cohesin-mediated axis-loop chromatin architecture is required for meiotic recombination

* † Sakuno T, Tashiro S, Tanizawa H, Iwasaki O, Ding DQ, Haraguchi T, *Noma K, *Hiraoka Y
Nucleic Acids Res. 2022 Apr 22. doi: 10.1093/nar/gkac183.

<https://academic.oup.com/nar/article/50/7/3799/6554166?login=true>

本論文は、減数分裂期に必要なクロマチン構造を明らかにすることを目的として、分裂酵母を使って解析し、Rec 8 コヒーシンタンパク質によってつくられる染色体の“しなやかさ”が、相同染色体間の組換えに重要であることを明らかにしたものである。減数分裂は、ヒトなどの高等生物では、卵子や精子を形成する上で重要であり、今回の発見は、Rec8によって形成されるクロマチン構造が、減数分裂期のクロマチンポテンシャルとして重要であることを示している。

減数分裂ではまず染色体DNAが複製された後に、（両親由来の）相同染色体の間で組換え反応が起こる。複製の際、元のDNAと新たに複製されたDNAを繋ぎ留めておく“接着因子”がコヒーシンである。コヒーシンは、複製されたDNA間の接着に加えて、軸状染色体構造の形成や組換え反応に必要な因子を染色体へと呼び込む上でも機能していることが知られていた（図1）。しかし軸状染色体構造の意義や、その構造と組換え反応との関連については、これまで明らかになっていなかった。今回、我々は、分裂酵母を用いて、減数分裂の際にコヒーシンによって形成される軸状染色体構造と組換え反応との関係について解析を行った。その結果、染色体にコヒーシンが無い場合だけでなく、過剰にある場合についても相同染色体間のペアリングがうまくいかなることが分かった。ペアリングは、染色体の両端を核膜にくっつけて染色体全体を湾曲させながら揺り動かすことにより促進されるが、コヒーシンが無い場合は染色体がほとんど動かず、過剰にある場合は染色体の湾曲が観察されなかった。染色体の構造を蛍光顕微鏡やHi-C法を用いて解析すると、コヒーシンが無い場合は軸状染色体構造が形成されず、コヒーシンが過剰にある場合は軸状染色体構造の軸部分が太くなる一方でDNAのループが長くなることが明らかになった。よって、染色体全体をうまく動かしペアリングを促進するためには、コヒーシンが軸状染色体構造を適切に形成し、染色体の最適な「硬さ」を生み出す

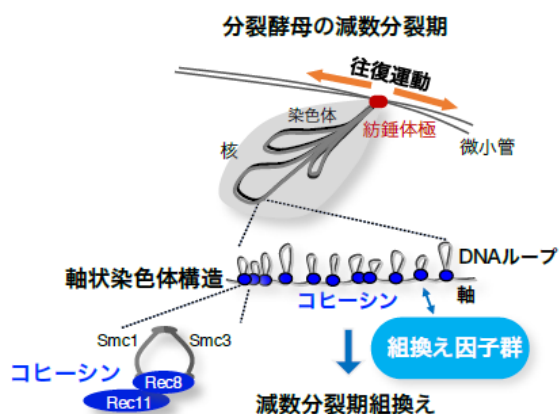


図1. 分裂酵母の減数分裂期における染色体の模式図。染色体の両末端が紡錘体極で束ねられた状態で、紡錘体極を起点に核が細胞内を往復運動することで染色体のペアリングが促進される。左下に示すコヒーシンは複合体で、軸上染色体構造形成の寄与に加え、染色体相同組み換えの因子を呼び込む機能がある。

ことによって実現されている可能性が示された。今回、分裂酵母をモデルとして解析を行った結果、減数分裂期組換え前におこる相同染色体のペアリングに、軸状染色体構造が必要であることがわかった。Rec8によって形成されるこの軸状染色体構造こそが、減数分裂期のクロマチンポテンシャルである。さらに、軸状染色体構造を形成できなくなるコヒーシン変異体では、減数分裂期組換えの開始に必要な因子群が染色体に集まれなくなり、組換え反応に著しい欠損を示すことも明らかになった(図2)。ヒトでは、減数分裂期の組換えにエラーが生じると、ダウン症や不妊につながると考えられている。コヒーシンや軸状染色体構造はヒトにも存在することから、今回明らかになった知見は、将来、不妊治療の進展に寄与することが期待される。

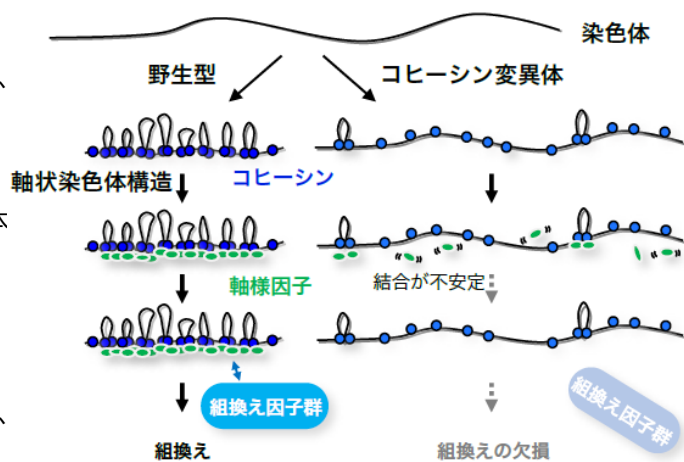


図2. 減数分裂期の組換えに必要な染色体における染色体の模式図。軸様因子はコヒーシンが作る軸状染色体構造に依存して染色体上に安定的に形成される。軸様因子は組換え因子群を染色体へ呼び込むことで、組換えが実行される。右側の軸状染色体構造が形成できないコヒーシン変異体では、軸様因子と染色体の結合が不安定になる結果、組換え因子が染色体に呼び込まれないので組換えがおこらない。

この成果は、大阪大学からプレスリリースされ、広く国民に周知されました。

プレスリリースサイトは、以下の通りです。

「精子・卵子を形成する上で鍵となる染色体構造を発見 一染色体の担い手“コヒーシン蛋白質”が支える染色体のしなやかさが重要！」

https://www.fbs.osaka-u.ac.jp/ja/research_results/papers/detail/1041

■藤城新（京都大学、研究員）と笹井理生公募研究代表の論文が Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 誌に掲載されました。

Generation of dynamic three-dimensional genome structure through phase separation of chromatin

† Fujishiro S, *Sasai M

Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A. 2022 May 27. doi.org/10.1073/pnas.2109838119.

<https://doi.org/10.1073/pnas.2109838119>

本論文は、ヒト細胞の全ゲノム立体構造を100 kb解像度のポリマーモデルで計算した結果を報告している。近年、Hi-C法や超解像顕微鏡を始めとする様々な進歩により、ゲノム立体構造の解析は大きく進んだが、こうした多様なデータをさらに統一して理解するために、全ゲノム立体構造を表現する計算モデルの開発が期待されている。しかしこれまでの計算では、1細胞Hi-Cデータなど大規模な全ゲノム2点間データを参照し、データを再現するようにモデルの2点間距離を調整して立体構造を計算する方法が主流であった。状況に応じた細胞の柔軟な変化を追跡するためには、大規模データに頼らない物理原理に基づく計算法の開発が望まれていた

が、これまでは成功していなかった。主な困難は、接触頻度が高いクロマチン2点間に実効的な引力を仮定すると、接触頻度の高いヘテロクロマチンが核の中心付近に凝縮し、不自然なゲノム構造が導かれることであった。本研究では発想を転換し、引力ではなく斥力が重要であるという視点に立つことでこの困難を克服し、大規模データ

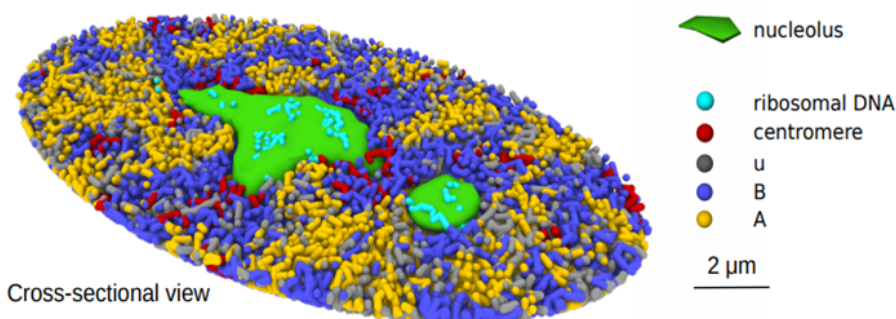


図1. 100 kb解像度のポリマー計算シミュレーションで得られた全ゲノム立体構造。A領域（黄）、B領域（青）は相分離によりAコンパートメントおよびBコンパートメントをつくり、A/B中間の性格を持つ領域（灰色）はA/Bコンパートメント境界付近に局在する。Bコンパートメントは核小体（緑）や核膜付近に集まる傾向がある。リボソームDNA（水色）は核小体に取り込まれる傾向があり、染色体の中ほどにあるセントロメア（赤）はBコンパートメントに埋もれている。ヒト線維芽細胞（IMR90）細胞核の断面図を例として表している。

を参照せずに、世界で初めて高精度全ゲノム立体構造を計算することに成功した。

計算は、分裂期の凝縮した染色体を初期状態として行われた。間期の開始時点にクロマチン間斥力により染色体が膨張するとともに、核膜と核小体が形成される。本研究の計算は、この膨張過程において、不均一な斥力が場所ごとに不均一なクロマチン運動を生み出すことを示した。このうち、動きやすいクロマチン領域（A領域）が互いに集まることによってより動きやすくなり、自由エネルギーを下げるため、A/B領域の相分離が生じて、Aコンパートメント、Bコンパートメントが生成される（図1）。この不均一運動を駆動力とする相分離により、B領域は核膜や核小体付近に自発的に集まり、ゲノム立体構造が形成された。生成された構造は、Hi-Cデータ、ラミナ接近頻度、核小体接近頻度などのハイスループット生

化学データ（図2）とともに、各染色体テリトリーの大きさと核内分布、核小体の分布などの顕微鏡データを定量的に説明する。この計算はモデルパラメータの変化に対してロバストであり、異なるヒト細胞の異なるゲノム構造を同じパラメータで高精度に計算することができる。このモデルでは、クロマチン領域の不均一な運動が相分離をもたらすが、安定した間期になったあとも不均一運動は残り、速く運動するクロマチン領域と遅く運動するクロマチン領域が混在する。このように、計算された構造は多くの実験データを統一的に説明し、細胞への摂動に応じたゲノム構造と運動の変化を予測する手がかりとなる。本研究ではさらに、1 kb解像度のポリマーモデルを計算し、ヌクレオソーム間の引力と斥力が混在した状況での100 kb領域間の粗視化された実効相互作用を導出した。クロマチン密度が低い場合はB領域間の実効相互作用は引力となり、クロマチンを凝縮させるが、細胞内と同程度に高い密度では、クロマチン領域間に斥力が支配的となり、A領域間には弱い、B領域間には強い斥力が働く。この不均一斥力がA/B領域の運動に差をもたらし、相分離の原動力となる。こうして、運動と構造の間に空間サイズのスケールを超えた密接な関係があることを示すことができた。

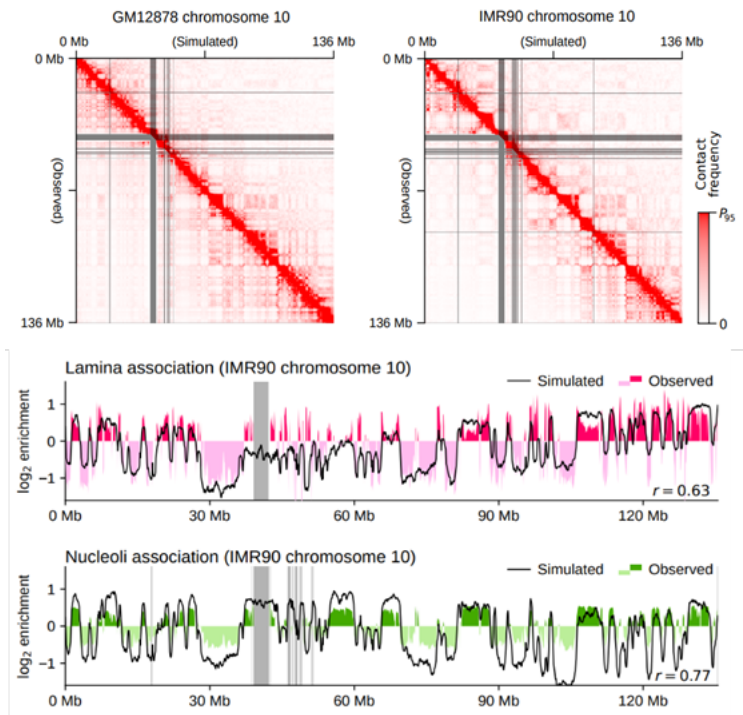


図2. 測定データと計算結果の比較。(上段) 左下の三角は測定されたHi-Cデータ (Rao et al. 2014 Cell)。右上の三角は計算結果。(中段) 染色体の各位置がラミナに接近する頻度。測定データ (Sadaie et al. 2013 Genes Dev.) は接近頻度が高い位置 (赤) と低い位置 (ピンク) を表す。黒い線は計算結果。(下段) 染色体の各位置が核小体に接近する頻度。測定データ (Dillinger et al. 2017 PLOS One) は接近頻度が高い位置 (濃緑) と低い位置 (薄緑) を表す。黒い線は計算結果。ヒト線芽細胞 (IMR90)、ヒトリンパ芽球様細胞 (GM12878) の第10染色体を例として表している。

この成果は、名古屋大学からプレスリリースされました。

プレスリリースサイトは、以下の通りです。

「世界初！ヒトゲノムのダイナミックな立体構造の計算に成功！」

<https://www.nagoya-u.ac.jp/researchinfo/result/2022/05/post-265.html>

4. 今後の予定

■第74回 日本細胞生物学会大会

日 時： 2022年6月28日(火)-30日(木)

会 場： 東京都・タワーホール船堀 (<https://www.towerhall.jp/4access/access.html>)

大会長： 今本 尚子 (理化学研究所)

Homepage : <https://confit.atlas.jp/guide/event/jscb2022/top?lang=ja>

■第33回細胞生物学ワークショップ^o (蛍光顕微鏡実機講習会)

日 時： 2022年8月1日(月)-8月5日(金)

会 場： オンライン+大阪大学生命機能研究科

住 所： 大阪府・大阪大学大学院生命機能研究科生命システム棟8F

講 師： 原口 徳子、平岡 泰、木村 宏、山縣 一夫、伊藤 由馬 (他)

受講対象者： オンラインは全国の大学院生・若手研究者

オンサイトは希望者、大阪大学大学院の学生・研究者

Homepage : <https://www.fbs.osaka-u.ac.jp/ja/eventinfo/detail/448>

当領域共催Conference

■Japan-UK Regulation through Chromatin Conference

日 時： 2022年8月22日(月)-23日(火)

会 場： Leicester Institute for Structural and Chemical Biology (UK)

オーガナイザー： Shaun Cowley (Univ. of Leicester), Mariko Dacher (Univ. of Tokyo),
Hiroshi Kimura (Tokyo Tech.), Hitoshi Kurumizaka (Univ. of
Tokyo), Daniel Panne (Univ. of Leicester), Thomas Schalch (Univ. of
Leicester), John Schwabe (Univ. of Leicester)

Abstract受付：2022年6月30日(木)

参加登録受付：2022年6月30日(木)

Homepage : <https://chromatin2022.le.ac.uk/>

■第60回生物物理学会年会

日 時： 2022年9月28日(水)-30日(金)

会 場： 北海道・函館アリーナ、函館市民会館

年会長： 金城 政孝（北海道大学）

事前参加登録受付：前期2022年6月24日(金)、後期2022年6月25日(日)-9月20日(火)

Homepage： <https://www2.aeplan.co.jp/bsj2022/index.html>

当領域共催シンポジウム

「Chromatin function as revealed by cutting-edge technique and theory

先端技術と理論で迫るクロマチン機能の理解」

日 時： 2022年9月29日(水) 8:45-11:15

オーガナイザー： 伊藤 由馬（東京工業大学）、木村 宏（東京工業大学）

■第95回 日本生化学会大会

日 時： 2022年11月9日(水)-11日(金)

会 場： 愛知県・名古屋国際会議場

会 頭： 門松 健治（名古屋大学）

演題登録：2022年6月30日(木) 締め切り

事前参加登録受付：2022年9月15日(木) 17:00締め切り

Homepage： <https://www2.aeplan.co.jp/jbs2022/>

当領域共催シンポジウム

「クロマチンの動的構造変換とエピジェネティック制御」

日 時： 2022年11月10日(木) 16:40-18:40

会 場： 第14会場（432）

オーガナイザー：中山 潤一（基礎生物学研究所）、胡桃坂 仁志（東京大学）

講演者：胡桃坂 仁志（東京大学）、大川 恭行（九州大学）

当領域研究者オーガナイズシンポジウム

「転写促進と抑制 — 表と裏から理解する遺伝子発現制御」

日 時： 2022年11月10日(木) 16:40-18:40

会 場： 第16会場（133+134）

オーガナイザー：酒井 寿郎（東北大学）、眞貝 洋一（理化学研究所）



■第42回 日本分子生物学会年会

日 時： 2022年11月30日(水)-12月2日(金)

会 場： 千葉県・幕張メッセ

年会長： 深川 竜郎（大阪大学）

演題登録受付： 2022年7月1日(金)-7月29日(金)

事前参加登録受付： 2022年7月1日(金)-10月7日(金)

Homepage: <https://www2.aeplan.co.jp/mbsj2022/>

当領域研究者オーガナイズシンポジウム

1. 「WPI joint symposium for interdisciplinary life sciences (3AS-02)」

日 時： 2022年12月2日(金) 9:00-11:30

会 場： 第2会場

オーガナイザー： 古寺 哲幸（金沢大学）、見學 美根子（京都大学）

当領域研究者オーガナイズワークショップ

1. 「サイズスケーリングからひも解く細胞内世界の混沌と調和 (1AW-07)」

日 時： 2022年11月30日(水) 9:30-12:00

会 場： 第7会場

オーガナイザー： 山本 一男（長崎大学）、原 裕貴（山口大学）

2. 「ゲノム機能の理解に迫る生細胞エピジェネティックイメージング (1AW-13)」

日 時： 2022年11月30日(水) 9:30-12:00

会 場： 第13会場

オーガナイザー： 落合 博（広島大学）、木村 宏（東京工業大学）

3. 「多様な複製システムによる環境変動対応のメカニズム (2AW-09)」

日 時： 2022年12月1日(木) 9:30-12:00

会 場： 第9会場

オーガナイザー： 正井 久雄（東京都医学総合研究所）、片山 勉（九州大学）



4. 「クロマチン潜在能に働きかけるエピゲノムと核内構造体 (2AW-16) 」

日 時： 2022年12月1日(木) 9:30-12:00

会 場： 第16会場

オーガナイザー： 斉藤 典子 (がん研究所)、小布施 力史 (大阪大学)

5. 「クロマチン構造と転写制御 (2PW-13) 」

日 時： 2022年12月1日(木) 16:15-18:45

会 場： 第13会場

オーガナイザー： 佐藤 優子 (東京工業大学)、胡桃坂 仁志 (東京大学)

6. 「細胞核を造る ～物理化学的視点に着目して～ (2PW-18) 」

日 時： 2022年12月1日(木) 16:15-18:45

会 場： 第18会場

オーガナイザー： 山縣 一夫 (近畿大学)、木村 暁 (遺伝学研究所)

7. 「生命現象の制御と疾患に伴うゲノム三次元構造動態 (3AW-08) 」

日 時： 2022年12月2日(金) 9:30-12:00

会 場： 第8会場

オーガナイザー： 平谷 伊智朗 (理化学研究所)、金田 篤志 (千葉大学)

■ **第40回染色体ワークショップ・第21回核ダイナミクス研究会**
(当領域研究 共催)

日 時： 2022年12月20日(火)～21日(水) オンライン

当領域研究者世話人： 平谷 伊知郎 (理化学研究所)、木村 暁 (遺伝学研究所)

編集後記：「観測史上まれにみる」という言葉には慣れたつもりでしたが、6月中の梅雨明けには驚きました。今年は夏が長くな
りそうですが、よい思い出でいっぱいになりますように！ (NS)
残すところ、この号を含めて3号となりました。オンサイトの学会も増えてきて、うれしいですね。
今まで以上に、記事で大募集します！ よろしく願いいたします。(TF)