

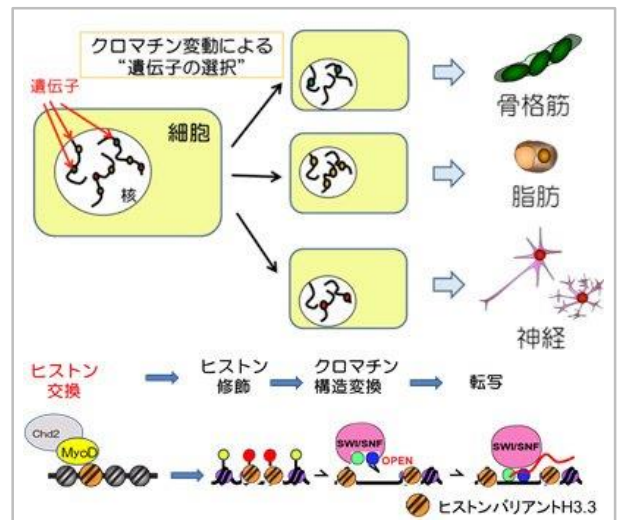
1. 研究紹介：【計画研究】九州大学・大川
【研究分担者の紹介】 遺伝研・堀、阪大・山縣、阪大・浅川、阪大・岡、阪大・安原、東北大・原田
2. 学会報告：アメリカ生物物理学会年会（日本原子力研究開発機構・河野）
Keystone シンポジウム-Transcriptional Regulation（九州大学・前原）
3. 今年度の成果
4. 今後の予定

1. 研究紹介

【計画研究ケ 細胞分化にともなうクロマチン変動メカニズムの解明】

研究代表者：大川 恭行（九州大学 医学研究院・准教授）

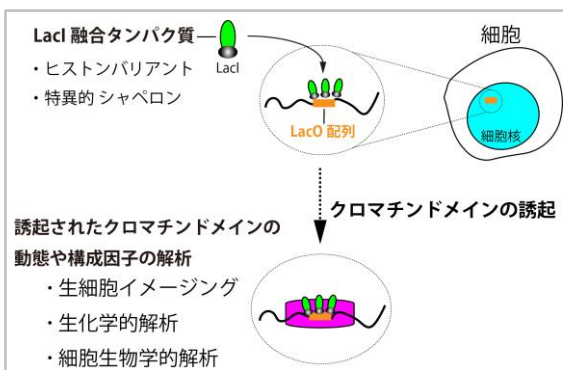
生物個体が形成されるためには、異なる形質を発現する様々な細胞への分化が必須である。この細胞分化の過程で、ゲノム上に存在する 2-3 万もの遺伝子から特定遺伝子の発現が選択される。この選択的な遺伝子発現には、DNA のメチル化やヒストン修飾から、クロマチンの凝集と弛緩に至る幅広いクロマチン構造制御（“動的クロマチン”）が関与することが明らかとなってきた。分化における遺伝子選択の破たんは、がんなど疾病の原因ともなりうるが、近年、ヒストンそのものの変異と小児性脳腫瘍との関係が見出されている。この小児性脳腫瘍の原因と考えられる h3f3a 遺伝子によりコードされるヒストン H3.3 は、全ヒストン H3 のうちの 5% 程度を占めるバリエーションであるが、転写活性化領域に選択的に取り込まれる。この H3.3 バリエーションは、主要な H3.1 ヒストンと比べてわずかに 5 アミノ酸が異なるだけであるが、このわずかな違いこそが機能的に重要であり、遺伝子発現制御の多様性の一翼を担っている。本研究では、これらヒストンバリエーションを軸にしたクロマチン変動機構の解析によって、細胞分化にともなう遺伝子選択機能の解明を目指す。



【研究分担者の紹介】

計画研究ア 再構成ヌクレオソームを用いた動的クロマチン構造の解明（代表者：早稲田大学・胡桃坂）

研究分担者：堀 哲也（国立遺伝学研究所・助教）

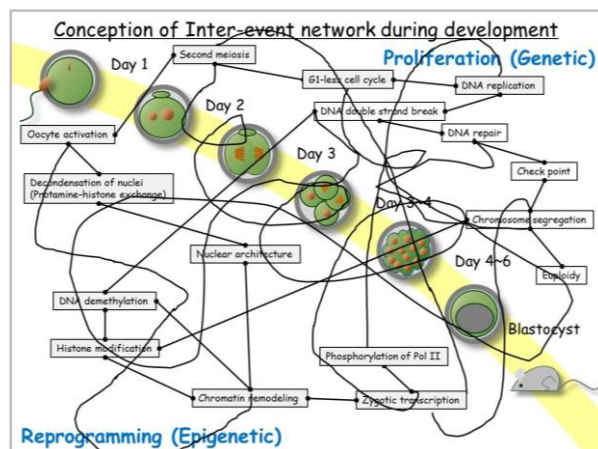


本計画研究では、*in vitro* でのクロマチン再構成系を用いた、生化学的および構造生物学的な解析を通して、クロマチンの高次構造および動的変動メカニズムの解析を行い、高次クロマチンの形成とその機能発現機構を原子レベルで理解することを目指している。本分担研究では、主に染色体工学的手法を利用して、構造生物学的な解析や他計画研究より見いだされた興味深い新規ヒストンバリエーションやヒストンシャペロンなどを、特定の染色体部位へ人為的に局在させ、任意のクロマチンドメインの誘起を行なう。誘起されたクロマチンドメインの動態や構

成因子および形成機構を、細胞生物学的手法や生化学的手法あるいは生細胞イメージング法により明らかにする。これらの研究を通して、高次クロマチン形成に至るメカニズムおよびその意義の解明を目指す。

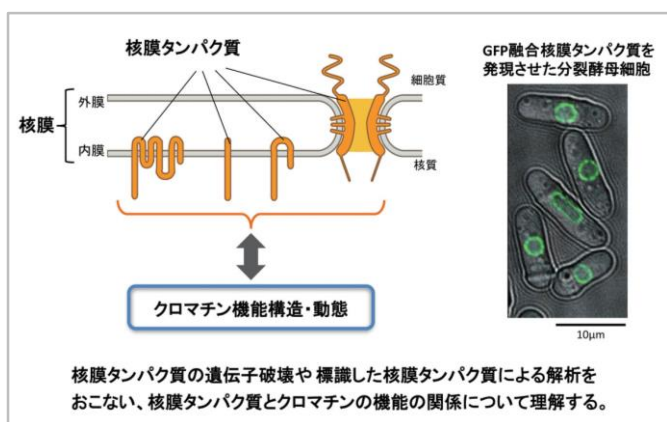
計画研究工 **計測と再構築による生細胞内クロマチンダイナミクスの高次元的理解** (代表者: 大阪大・木村)
研究分担者: 山縣 一夫 (大阪大学 微生物病研究所・特任准教授)

受精・着床前初期胚発生は、終末分化した細胞である配偶子とそのエピジェネティックな記憶をいったん消去し、全能性を持つ細胞としての記憶を獲得する過程である。同時に、遺伝情報を短期間に正確に増殖させてゆく (図)。その過程で起きた異常は、発生の破たんを引き起こし、不妊や早期流産の原因となる。一方、これら作用機序についてはその細胞の性質から実験法が限られており、これまで十分に研究がなされているとはいえない。そこで本研究では、研究代表者である木村宏博士と協力しながら、最終的にはこれら作用機序を明らかにすることを目的に、まずは以下に挙げるような新しい方法論の開発に主眼を置いた研究を行っている。



- 1、個体レベルでの動的クロマチン解析のためのツールづくり、および細胞分化過程におけるクロマチン構造変換の定量化に関する研究。
- 2、受精卵、初期胚を用いた再構成ポリヌクレオソームの機能発現に関する研究。
- 3、各種ヒストンバリエント、クロマチン関連タンパク質のノックアウト、ノックインマウスの作製。
- 4、ゲノム編集技術を応用した人為的エピジェネティック操作技術の開発。

計画研究オ **クロマチン機能を保証する核膜の構造と分子基盤** (代表者: 情報通信研究機構・原口)
研究分担者: 浅川 東彦 (大阪大学 生命機能研究科・助教)



核膜は、クロマチンが正常に機能するための重要な足場となる。分裂酵母は核膜タンパク質として核膜孔複合体や LEM ドメインタンパク質を保持する一方、ラミンのホモログを持たないことから、真核生物の中でも限られた核膜タンパク質のセットしか持たない生物と考えられる。そこで分裂酵母で保存されている核膜タンパク質についてクロマチン機能における役割について研究する。分裂酵母は、相同組換えによって、内在性の遺伝子を改変することが可能である。蛍光タンパク質などの標識と融合した核膜タンパク質や遺伝子破壊を使った解析によって、核膜タンパク質と核構造、DNA 複製、染色体分配 (mitosis および meiosis) との関係の詳細に調べる。クロマチン機能との関連を検討することにより、進化的に保存された核膜タンパク質の機能を明らかにし、核膜タンパク質がクロマチン機能を保証する分子メカニズムを明らかにする。

核膜は、クロマチンが正常に機能するための重要な足場となる。分裂酵母は核膜タンパク質として核膜孔複合体や LEM ドメインタンパク質を保持する一方、ラミンのホモログを持たないことから、真核生物の中でも限られた核膜タンパク質のセットしか持たない生物と考えられる。そこで分裂酵母で保存されている核膜タンパク質についてクロマチン機能における役割について研究する。分裂酵母は、相同組換えによって、内在性の遺伝子を改変することが可能である。蛍光タンパク質などの標識と融合した核膜タンパク質や遺伝子破壊を使った解析によって、核膜タンパク質と核構造、DNA 複製、染色体分配 (mitosis および meiosis) との関係の詳細に調べる。クロマチン機能との関連を検討することにより、進化的に保存された核膜タンパク質の機能を明らかにし、核膜タンパク質がクロマチン機能を保証する分子メカニズムを明らかにする。

計画研究キ **核膜孔複合体構成因子・核輸送因子によるクロマチン動態制御の解明**
研究分担者: 岡 正啓 (大阪大学 生命機能研究科・助教) (代表者: 医薬基盤研・米田)

核膜孔を形成する核膜孔複合体は、約 30 種類のヌクレオポリンと呼ばれる構成因子から成る巨大な複合体である。それぞれのヌクレオポリンは固有の動態を示し、特に動的ヌクレオポリンは核膜孔と核質、あるいは細胞質の間をシャトリングしながら核-細胞質間輸送制御に関わっている。近年、Nup98 などの動的ヌクレオポリンが核内でクロマチンと物理的・機能的な相互作用を示し、遺伝子発現の調節に関与することが報告されている。また、急性骨髄性白血病(AML)の原因の一つが、Nup98 遺伝子が染色体転座することによって形成される融合遺伝子産物であることが分かってきた。本領域研究では、ヌクレオポリン融合遺伝子産物による遺伝子発現制御メカニズムの解析を中心にヌクレオポリンと動的クロマチン構造との関連を明らかにし、病態メカニズムの解明を目指す。

研究分担者：安原 徳子（大阪大学 生命機能研究科・特任助教）

輸送因子 importin α は ES 細胞の未分化維持と運命決定に不可欠である。また、importin α は酸化や紫外線照射などのストレス条件下で核集積すると共にクロマチンと相互作用を示し、遺伝子発現制御に関わる。さらに importin α をコードする遺伝子のうち KPNA2 は、各種腫瘍組織やがん細胞のマーカー遺伝子であることが知られている。これらから、importin α はクロマチンとの相互作用を通し、ゲノムワイドな遺伝子発現制御に大きなインパクトを持つ可能性が高い。本研究では、核輸送因子とクロマチンの相互作用によるクロマチン変化とがん化メカニズムの解明を目指す。

計画研究ク **核内構造体とのインタープレイによるクロマチン動構造の制御**（代表者：熊本大学・斉藤）

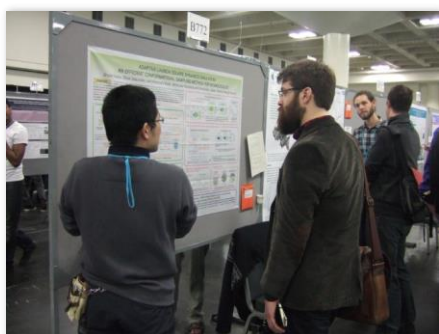
研究分担者：原田 昌彦（東北大学大学院 農学研究科・准教授）

細胞核内には様々なアーキテクチャが存在しており、これらはクロマチンダイナミクスに影響を与え、エピジェネティック制御に重要な役割を有する。本研究では、核内アーキテクチャの構成因子として、アクチンファミリーに注目する。また、核アーキテクチャと相互作用するクロマチン因子の候補として、ヒストンバリエーションの解析を行う。これらの分子機能を解明すると共に、これら分子に結合するペプチドや化合物を利用することによって、核アーキテクチャネットワークの人為的なマニピュレーションを試みる。これらの研究を、研究代表者（斉藤）による組織細胞・疾患細胞のハイコンテンツ画像解析結果と組み合わせることで、発生・分化過程におけるダイナミックな核・クロマチン構造変化の機序を明らかにすると共に、核内構造変化を伴う疾患を標的とした創薬の基盤確立を目指す。

2. 学会報告

📍 アメリカ生物物理学会年会 (Biophysical Society 58th Annual meeting)

久々のアメリカ西海岸への出張である。出発当日は、大雪に見舞われて関空にたどり着けるか心配されたが、無事サンフランシスコにたどり着いた。本年会には約 7,000 名の研究者が集まり、4,500 以上の研究発表がなされた。出張者らは、開発した計算手法及びその応用例について発表すると同時に、新たなシミュレーション手法やクロマチン（ヌクレオソーム）に関する情報収集を行った。クロマチン関係では、H2A.Z がらみの発表が多かったように思う。H2A.Z はヌ



クレオソームを不安定化することが知られているが、その要因は外側の DNA (Outer turn) との相互作用にあると考えられている。しかし、Yale 大学の Regan グループは、光ピンセットを用いた一分子実験から、内側の DNA (Inner turn) との相互作用の違いによるというこれまでとは異なる主張をしており、興味深かった。しかし、具体的にヌクレオソーム分子に何が起きているかは依然として謎のままで、シミュレーション研究の必要性を強く感じた。また、転写因子との絡みでは、p53 が H3 以外のヒストンテールとの結合を好み、裸の DNA よりヌクレオソーム状態の方が強く結合することや ISW1a と SWI/SNF が 転写因子の結合に対して異なるレスポンスを示すことなど多くの興味深い発表があった。年会では、これらの研究発表者やボスと直に議論することができ、寒い日本を忘れて有意義な 1 週間を過ごすことができた。

(日本原子力研究開発機構・河野 秀俊)



📖 Keystone シンポジウム

(Keystone Symposia on Molecular and Cellular Biology “Transcriptional Regulation”)

2014年2月4日から2月9日にかけてニューメキシコ州サンタ・フェにて開催された Keystone シンポジウムの Transcriptional Regulation に参加した (参加者: 大川、原田、前原)。セッション初日では、preinitiation complex (PIC) assembly について、DNA と共に TBP, TFIIA, B, … とこれらが順次組み上がってゆく様子を取得し、それらを連結したムービーによって PIC 形成の連続的・動的な構造モデルを説明する、タンパク質構造の時系列解析とも言える Eva Nogales 博士の衝撃的なプレゼンテーションで幕を開けた。こうした RNA Polymerase II の研究発表を主軸としながらも、幅広い対象・アプローチからの研究発表が行われた。Job Dekker 博士の Hi-C 技術を用いたクロマチンの空間構造の解析は、ゲノム上に多数存在する空間ドメイン (~100kbp) である Topologically associated Domain (TAD) が、細胞周期によりダイナミックに形成・消失する研究結果が紹介された。また近年提唱されたばかりの Super-enhancer に続き、細胞分化に伴って enhancer 領域が拡大する Stretch-enhancer という新しい regulatory elements の概念までも提唱され、近年の大規模配列解析技術の発達により明らかとなってきたクロマチンの動的構造の解明はいよいよ世界的な盛り上がりを見せてきていると感じた。

また今回のシンポジウムは、Cancer Epigenetics とのジョイントセッションとして開催されており、プロモドメイン阻害剤である JQ1 に代表される、エピジェネティック創薬への展開も発表が相次いだ。今後ともクロマチン構造から様々なアウトプットが期待できるエキサイティングな会であった。

(九州大学・大川研 前原 一満)

3. 今年度の成果

原著論文

領域内共同研究による論文が 6 報発表されました。

The centromeric nucleosome-like CENP-T-W-S-X complex induces positive supercoils into DNA

Takeuchi K, Nishino T, Mayanagi K, Horikoshi N, Osakabe A, Tachiwana H, [Hori T](#), [Kurumizaka H](#) and Fukagawa T
Nucleic Acids Res, 2014, 42(3): 1644-1655

Structural basis of a nucleosome containing histone H2A.B/H2A.Bbd that transiently associates with reorganized chromatin

Arimura Y, [Kimura H](#), Oda T, Sato K, Osakabe A, Tachiwana H, Sato Y, Kinugasa Y, Ikura T, Sugiyama M, Sato M and [Kurumizaka H](#)
Sci Rep, 2013, 3: 3510

Structural polymorphism in the L1 loop regions of human H2A.Z.1 and H2A.Z.2

Horikoshi N, Sato K, Shimada K, Arimura Y, Osakabe A, Tachiwana H, Hayashi-Takanaka Y, Iwasaki W, Kagawa W, [Harata M](#), [Kimura H](#) and [Kurumizaka H](#)

Acta Crystallogr D Biol Crystallogr, 2013, 69(Pt 12): 2431-2439

Genetically encoded system to track histone modification in vivo

Sato Y, Mukai M, Ueda J, Muraki M, Stasevich TJ, Horikoshi N, Kujirai T, Kita H, Kimura T, Hira S, Okada Y, Hayashi-Takanaka Y, [Obuse C](#), [Kurumizaka H](#), Kawahara A, [Yamagata K](#), Nozaki N and [Kimura H](#)

Sci Rep, 2013, 3: 2436

Characterization of nuclear pore complex components in fission yeast

[Asakawa H](#), Yang HJ, Yamamoto TG, Ohtsuki C, Chikashige Y, Sakata-Sogawa K, [Tokunaga M](#), Iwamoto M, Hiraoka Y and [Haraguchi T](#)
Nucleus, 2014, 5(2), doi: 10.4161/nucl.28487

Human TREX component Thoc5 affects alternative polyadenylation site choice by recruiting mammalian cleavage factor I

Katahira J, Okuzaki D, Inoue H, [Yoneda Y](#), Maehara K and [Ohkawa Y](#)

Nucleic Acids Res, 2013, 41(14): 7060-7072

その他 35 報の論文が発表されました。

Structure of human nucleosome containing the testis-specific histone variant TSH2B

Urahama T, Horikoshi N, Osakabe A, Tachiwana, and [Kurumizaka H](#)

Acta Crystallogr F Struct Biol Commun, 2014, doi:10.1107/S2053230X14004695

Mislocalization of the Centromeric Histone Variant CenH3/CENP-A in Human Cells Depends on the Chaperone DAXX

Lacoste N, Woolfe A, Tachiwana H, Garea AV, Barth T, Cantaloube S, [Kurumizaka H](#), Imhof A and Almouzni G

Mol Cell, 2014, 53(4): 631-644

Compensatory functions and interdependency of the DNA-binding domain of BRCA2 with the BRCA1-PALB2-BRCA2 complex

Al Abo M, Dejsuphong D, Hirota K, Yonetani Y, Yamazoe M, [Kurumizaka H](#) and Takeda S

Cancer Res, 2014, 74(3): 797-807

Telomeric repeats act as nucleosome-disfavouring sequences in vivo

Ichikawa Y, Morohashi N, Nishimura Y, [Kurumizaka H](#) and Shimizu M

Nucleic Acids Res, 2014, 42(3): 1541-1552

Functional analyses of the C-terminal half of the *Saccharomyces cerevisiae* Rad52 protein

Kagawa W, Arai N, Ichikawa Y, Saito K, Sugiyama S, Saotome M, Shibata T and [Kurumizaka H](#)

Nucleic Acids Res, 2014, 42(2): 941-951

Contribution of histone N-terminal tails to the structure and stability of nucleosomes

Iwasaki W, Miya Y, Horikoshi N, Osakabe A, Taguchi H, Tachiwana H, Shibata T, Kagawa W and [Kurumizaka H](#)
FEBS Open Bio, 2013, 3: 363-369

Homologous pairing activities of two rice RAD51 proteins, RAD51A1 and RAD51A2

Morozumi Y, Ino R, Ikawa S, Mimida N, Shimizu T, Toki S, Ichikawa H, Shibata T and [Kurumizaka H](#)
PLoS One, 2013, 8(10): e75451

Activation of the SUMO modification system is required for the accumulation of RAD51 at sites of DNA damage

Shima H, Suzuki H, Sun J, Kono K, Shi L, Kinomura A, Horikoshi Y, Ikura T, Ikura M, Kanaar R, Igarashi K, Saitoh H, [Kurumizaka H](#) and Tashiro S
J Cell Sci, 2013, 126(Pt 22): 5284-5292

Conclusive evidence of the reconstituted hexasome proven by native mass spectrometry

Azegami N, Saikusa K, Todokoro Y, Nagadoi A, [Kurumizaka H](#), Nishimura Y and Akashi S
Biochemistry, 2013, 52(31): 5155-5157

Interaction between basic residues of Epstein-Barr virus EBNA1 protein and cellular chromatin mediates viral plasmid maintenance

Kanda T, Horikoshi N, Murata T, Kawashima D, Sugimoto A, Narita Y, [Kurumizaka H](#) and Tsurumi T
J Biol Chem, 2013, 288(33): 24189-24199

Adaptive lambda square dynamics simulation: an efficient conformational sampling method for biomolecules

Ikebe J, Sakuraba S and [Kono H](#)
J Comput Chem, 2014, 35(1): 39-50

A novel method for purification of the endogenously expressed fission yeast Set2 complex

Suzuki S, Nagao K, [Obuse C](#), Murakami Y and Takahata S
Protein Expr Purif, 2014, 97c: 44-49

CxxC-ZF domain is needed for KDM2A to demethylate histone in rDNA promoter in response to starvation

Tanaka Y, Umata T, Okamoto K, [Obuse C](#) and Tsuneoka M
Cell Struct Funct, 2014, doi.org/10.1247/csf.13022

Human origin recognition complex binds preferentially to G-quadruplex-preferable RNA and single-stranded DNA

Hoshina S, Yura K, Teranishi H, Kiyasu N, Tominaga A, Kadoma H, Nakatsuka A, Kunichika T, [Obuse C](#) and Waga S
J Biol Chem, 2013, 288(42): 30161-30171

NEAT1 long noncoding RNA regulates transcription via protein sequestration within subnuclear bodies

Hirose T, Virnicchi G, Tanigawa A, Naganuma T, Li R, [Kimura H](#), Yokoi T, Nakagawa S, Benard M, Fox AH and Pierron G
Mol Biol Cell, 2014, 25(1): 169-183

Myelodysplastic syndromes are induced by histone methylation-altering ASXL1 mutations

Inoue D, Kitaura J, Togami K, Nishimura K, Enomoto Y, Uchida T, Kagiya Y, Kawabata KC, Nakahara F, Izawa K, Oki T, Maehara A, Isobe M, Tsuchiya A, Harada Y, Harada H, Ochiya T, Aburatani H, [Kimura H](#), Thol F, Heuser M, Levine RL, Abdel-Wahab O and Kitamura T
J Clin Invest, 2013, 123(11): 4627-4640

JMJD1C, a JmjC domain-containing protein, is required for long-term maintenance of male germ cells in mice

Kuroki S, Akiyoshi M, Tokura M, Miyachi H, Nakai Y, [Kimura H](#), Shinkai Y and Tachibana M
Biol Reprod, 2013, 89(4): 93

Epigenetics of eu- and heterochromatin in inverted and conventional nuclei from mouse retina

Eberhart A, Feodorova Y, Song C, Wanner G, Kiseleva E, Furukawa T, [Kimura H](#), Schotta G, Leonhardt H, Joffe B and Solovei I
Chromosome Res, 2013, 21(5): 535-554

Enhanced chromatin dynamics by FACT promotes transcriptional restart after UV-induced DNA damage

Dinant C, Ampatzidis-Michailidis G, Lans H, Tresini M, Lagarou A, Grosbart M, Theil AF, Van Cappellen WA, [Kimura H](#), Bartek J, Fousteri M, Houtsmuller AB, Vermeulen W and Martejn JA
Mol Cell, 2013, 51(4): 469-479

Redistribution of the Lamin B1 genomic binding profile affects rearrangement of heterochromatic domains and SAHF formation during senescence

Sadaie M, Salama R, Carroll T, Tomimatsu K, Chandra T, Young AR, Narita M, Perez-Mancera PA, Bennett DC, Chong H, [Kimura H](#) and Narita M
Genes Dev, 2013, 27(16): 1800-1808

In aggressive variants of non-Hodgkin lymphomas, Ezh2 is strongly expressed and polycomb repressive complex PRC1.4 dominates over PRC1.2

Abd Al Kader L, Oka T, Takata K, Sun X, Sato H, Murakami I, Toji T, Manabe A, [Kimura H](#) and Yoshino T
Virchows Arch, 2013, 463(5): 697-711

Pericentric heterochromatin generated by HP1 protein interaction-defective histone methyltransferase Suv39h1

Muramatsu D, Singh PB, [Kimura H](#), Tachibana M and Shinkai Y
J Biol Chem, 2013, 288(35): 25285-25296

Latrunculin A treatment prevents abnormal chromosome segregation for successful development of cloned embryos

Terashita Y, [Yamagata K](#), Tokoro M, Itoi F, Wakayama S, Li C, Sato E, Tanemura K and Wakayama T
PLoS One, 2013, 8(10): e78380

Non-destructive handling of individual chromatin fibers isolated from single cells in a microfluidic device utilizing an optically driven microtool

Oana H, Nishikawa K, Matsuhara H, Yamamoto A, Yamamoto TG, [Haraguchi T](#), Hiraoka Y and Washizu M
Lab Chip, 2014, 14(4): 696-704

Puromycin resistance gene as an effective selection marker for ciliate Tetrahymena

Iwamoto M, Mori C, Hiraoka Y and [Haraguchi T](#)
Gene, 2014, 534(2): 249-255

The role of chromosomal retention of noncoding RNA in meiosis

Ding DQ, [Haraguchi T](#) and Hiraoka Y
Chromosome Res, 2013, 21(6-7): 665-672

Recruitment of the autophagic machinery to endosomes during infection is mediated by ubiquitin

Fujita N, Morita E, Itoh T, Tanaka A, Nakaoka M, Osada Y, Umemoto T, Saitoh T, Nakatogawa H, Kobayashi S, [Haraguchi T](#), Guan JL, Iwai K, Tokunaga F, Saito K, Ishibashi K, Akira S, Fukuda M, Noda T and Yoshimori T
J Cell Biol, 2013, 203(1): 115-128

The role of Importin-betas in the maintenance and lineage commitment of mouse embryonic stem cells
Sangel P, Oka M and Yoneda Y
FEBS Open Bio, 2014, 4: 112-120

Quantitative regulation of nuclear pore complex proteins by O-GlcNAcylation
Mizuguchi-Hata C, Ogawa Y, Oka M and Yoneda Y
Biochim Biophys Acta, 2013, 1833(12): 2682-2689

Importin alpha subtypes determine differential transcription factor localization in embryonic stem cells maintenance
Yasuhara N, Yamagishi R, Arai Y, Mehmood R, Kimoto C, Fujita T, Touma K, Kaneko A, Kamikawa Y, Moriyama T, Yanagida T, Kaneko H and Yoneda Y
Dev Cell, 2013, 26(2): 123-135

The transcriptional cofactor MCAF1/ATF7IP is involved in histone gene expression and cellular senescence
Sasai N, Saitoh N, Saitoh H and Nakao M
PLoS One, 2013, 8(7): e68478

Generation of a Monoclonal Antibody for INI1/hSNF5/BAF47
Harada A, Hayashi M, Kuniyoshi Y, Semba Y, Sugahara S, Tachibana T, Ohkawa Y and Fujita M
Monoclon Antib Immunodiagn Immunother, 2014, 33(1): 49-51

Production of a Monoclonal Antibody for C/EBPbeta: The Subnuclear Localization of C/EBPbeta in Mouse L929 Cells
Harada A, Okazaki E, Okada S, Tachibana T and Ohkawa Y
Monoclon Antib Immunodiagn Immunother, 2014, 33(1): 34-37

The PPARgamma locus makes long-range chromatin interactions with selected tissue-specific gene loci during adipocyte differentiation in a protein kinase A dependent manner
Leblanc SE, Wu Q, Barutcu AR, Xiao H, Ohkawa Y and Imbalzano AN
PLoS One, 2014, 9(1): e86140

Wnt signaling regulates left-right axis formation in the node of mouse embryos
Kitajima K, Oki S, Ohkawa Y, Sumi T and Meno C
Dev Biol, 2013, 380(2): 222-232

英文総説

6 報 (印刷中も含む)

英文著書

Molecular Communication.
Nakano T, Eckford AW, and Haraguchi T
Cambridge University Press, 2013

和文総説・著書 (分担執筆)

18 報 (印刷中も含む)

和文著書 (編書)

染色体と細胞核のダイナミクス
平岡 泰・原口 徳子/編
化学同人, 2013 (全 224 ページ)

アウトリーチ活動

34 件

特許

1 件 (出願中)

受賞

河野 秀俊 2013 年 10 月 28 日 第 2 回 BIOPHYSICS 論文賞
米田 悦啓 2013 年 11 月 12 日 2013 年 武田医学賞



4. 今後の予定

① 高等研カンファレンス 2014「Chromatin Decoding」

期間：5月12-15日

場所：公益財団法人国際高等研究所

主催：公益財団法人国際高等研究所

後援：文部科学省、日本学術振興会、京都府、関西経済連合会、関西文化学術研究都市推進機構、日本細胞生物学会、日本生化学学会、日本分子生物学会、日本RNA学会

協力：文部科学省科学研究費補助金新学術領域研究「動的クロマチン構造と機能」「ゲノム複製、修復、転写のカップリングと普遍的なクロマチン構造変換機構」「転写サイクル」「ゲノムを支える非コードDNA領域の機能」

詳しくはこちらをご覧ください。

http://www.ias.or.jp/research/ias_conference/2014/info.html

② 高等研レクチャー2014「Chromatin Decoding」

期間：5月16日 13:30-17:00

場所：東京大学伊藤謝恩ホール（東京都文京区本郷7-3-1）

主催：公益財団法人国際高等研究所

詳しくはこちらをご覧ください。

http://www.ias.or.jp/research/ias_lecture/2014/info.html

③ 「クロマチン動構造と創薬」セミナー

期間：5月23日 13:00より

場所：医薬基盤研究所 (<http://www.nibio.go.jp/introduction/access.html>)

主催：文部科学省科学研究費補助金新学術領域研究「動的クロマチン構造と機能」

詳しくはクロマチン動構造HPでお知らせします。

④ 第14回 日本蛋白質科学会年会

期間：6月25-27日

場所：ワークピア横浜/横浜ホールマリネリア

本領域協賛のワークショップ「クロマチンの動的構造とDNA機能発現機構」（オーガナイザー：胡桃坂・河野）があります。

詳しくはこちらをご覧ください。

<http://www.aeplan.co.jp/pssj2014/index.html>

⑤ 新学術領域「動的クロマチン構造と機能」若手の会、班会議

期間：7月2日 若手の会、7月3-5日 第2回 班会議

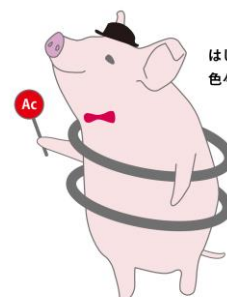
場所：サホロリゾート (<http://www.sahoro.co.jp/>)

編集後記：

STAP細胞の衝撃の発表から、現在に至るまでの展開は驚くばかりです。再発防止のために、関係諸機関には徹底的な調査と厳正なる処置を期待します。現在噴出している様々な問題に対して真摯に対応することができなければ、日本の科学の未来は暗いのではないのでしょうか。もちろん、我々研究者の意識も高めていく必要があることは言うまでもありません。

さて、新学術領域「クロマチン動構造」の初年度が終了しました。領域内共同研究による論文の発表も相次ぎ、好いスタートを切ったと思います。2年目には、融合研究をさらに推進することで、クロマチン研究のブレイクスルーとなるような仕事が発表できることを願っています。また、4月からは公募班が加わりますが、今後どのように領域の研究が発展していくか楽しみです。

HiKi



はじめまして。ヒストんです。
色々、トントン拍子にうまくいくとイイですね。