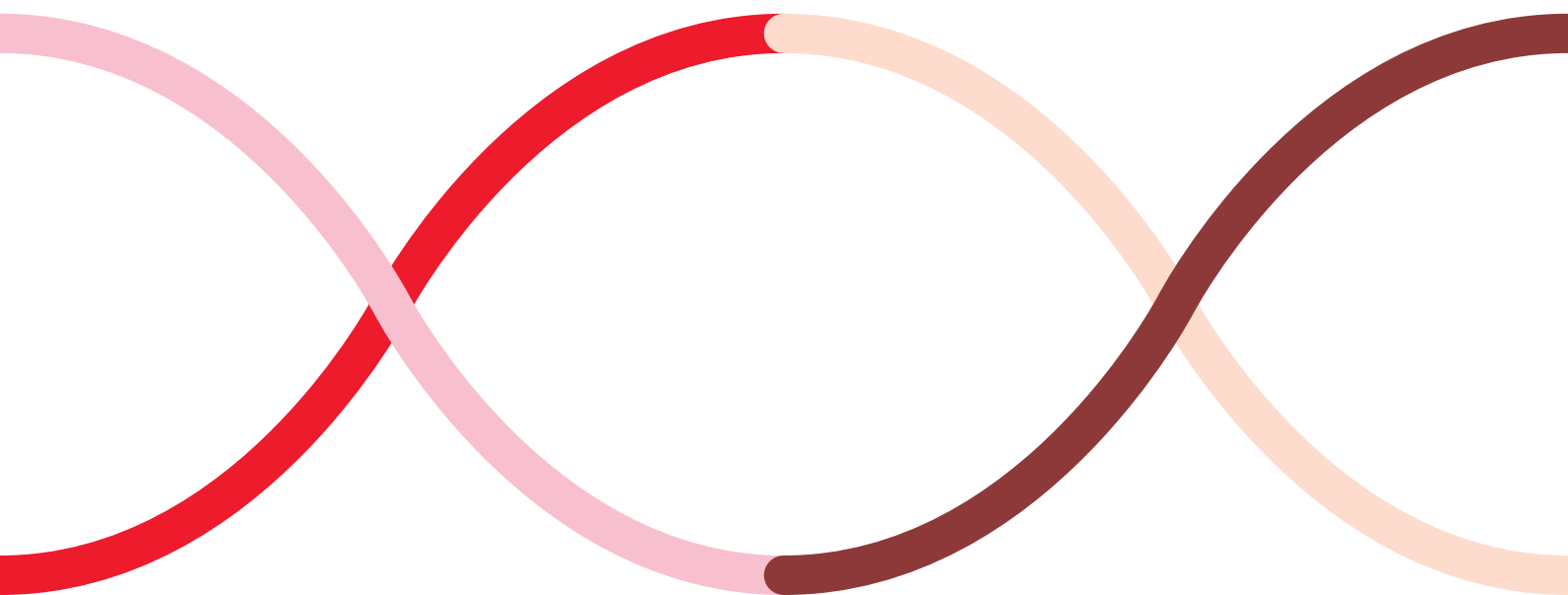


IQB

THE ANNUAL REPORT 2022



INSTITUTE FOR
QUANTITATIVE BIOSCIENCES
THE UNIVERSITY OF TOKYO

Table of Contents

目次

1	目次
4	IQB Highlights 2022
6	組織図 Organization
8	構成員内訳 Institution members
9	財務状況 Budgets
10	プレスリリース Press releases
23	発表論文・書籍等 Publications
28	受賞 Awards and Honours
30	セミナー・シンポジウム Seminars and Symposiums
31	アウトリーチ活動 Outreach
32	所内行事 Internal Events
33	外部評価 Advisory Council

Transforming **quantitative** experimentation



into biological insight.



IQB Highlights 2022

International Collaboration with Agreement



Karolinska Institutet
Stockholm, Sweden



LINK Program

UTokyo-KI Link for Innovative Networks and Knowledge

Letter of Intent on March 2024



**Karolinska
Institutet**

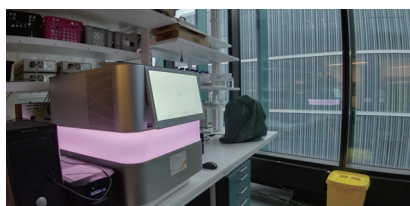


UTokyo



Lecture

KI-UTokyo
Joint Doctoral Course



Next Generation Sequencer

Installed at Prof. Shirahige's
laboratory in KI



IQB LINK Laboratory

Establishment of the LINK Laboratory
in IQB



**IFOM ETS - the AIRC
Institute of Molecular
Oncology**

Milan, Italy



Seminar

IFOM-IQB Scientific seminar
held at IQB

Research Partners

142 Domestic 38 International

Research Income (B : Billion)

¥1.55 B External Research Income ¥2.0 B Total Income

Research Activity

Signature

DORA
The Declaration on Research Assessment



NEW Endowed Chair Program

Establishment of
“ Laboratory for structural biology of higher order
functions of membrane proteins ”
TOYOSHIMA Chikashi (Ph. D.), Project Professor



Publication

Number of
Publications

70

Impact factor avg.

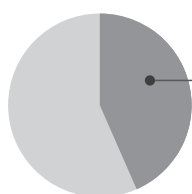
13.6

H-index
2019-2022

28

Diversity and inclusion

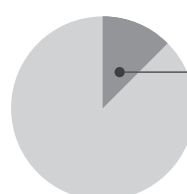
Gender Ratio



Female Members
(Staff & Students)

43.7%

International members Ratio



International Members
(Staff & Students)

15.5%

Award

25

Press release

12

Laboratory

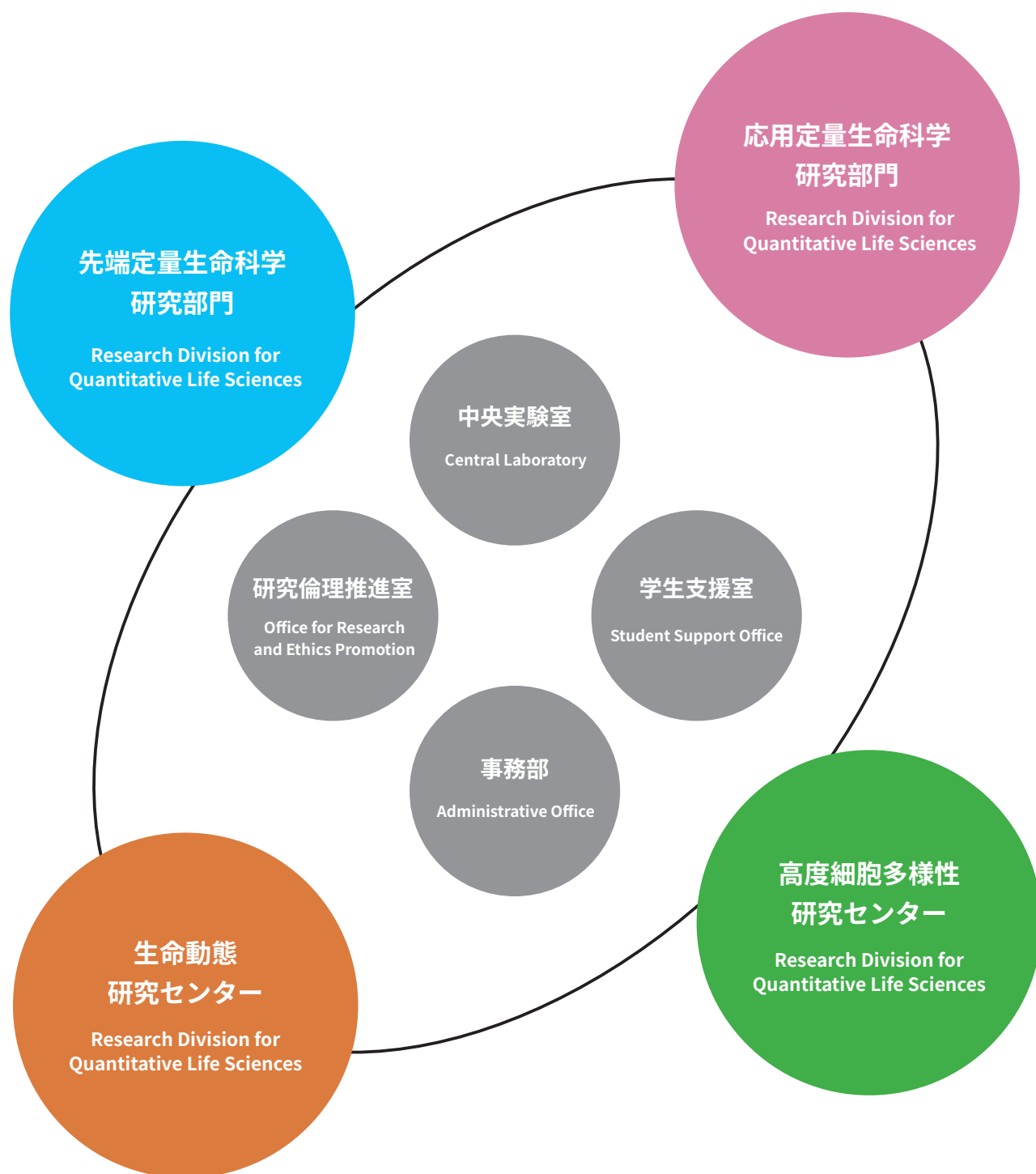
27

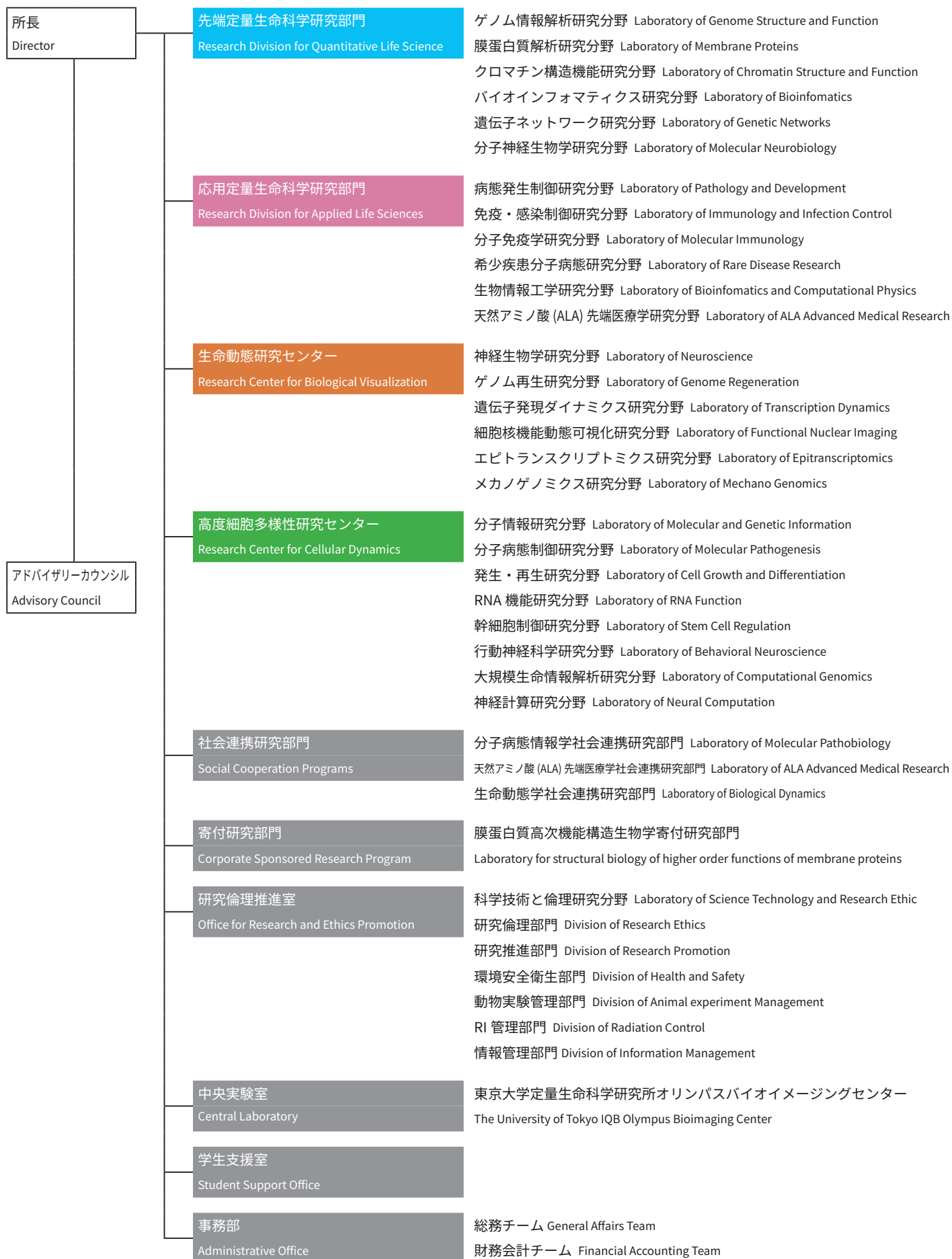
Member

277

Organization

組織図





Institution members

構成員内訳

Academic and Administrative Staff 教職員

	男 (外) Men		女 (外) Women		計 Total	
教授 Professors	6	(0)	2	(0)	8	(0)
准教授 Associate Professors	7	(0)	2	(0)	9	(0)
講師 Lecturer	3	(0)	1	(0)	4	(0)
助教 Research Associate	18	(2)	4	(0)	22	(2)
技術職員 Technical Support Staff	1	(0)	11	(0)	12	(0)
事務職員 Administrative Staff	7	(0)	7	(0)	14	(0)
小計 Sub Total	42	(2)	27	(0)	69	(2)

Fixed-term Academic and Administrative Staff

特定有期雇用教職員

	男 (外) Men		女 (外) Women		計 Total	
特任教授 Project Professors	1	(0)	0	(0)	1	(0)
特任准教授 Project Associate Professors	1	(0)	0	(0)	1	(0)
特任講師 Project Lecturers	1	(0)	0	(0)	1	(0)
特任助教 Project Research Associate	4	(0)	2	(1)	6	(1)
特任研究員 Project Researcher	10	(0)	7	(3)	17	(3)
学術専門職員 Project Academic Specialist	2	(0)	13	(0)	15	(0)
小計 Sub Total	19	(0)	22	(4)	41	(4)

Fixed-term Part-time Staff (特定) 短時間勤務有期雇用教職員

	男 (外) Men		女 (外) Women		計 Total	
(特定) 短時間勤務有期雇用教職員 Fixed-term Part-time Staff	14	(1)	32	(5)	46	(6)

Postgraduate Students and Research Students 大学院生及び研究生

	修士課程 Master's				博士課程 Doctoral				研究生 Research Students				計 Total	
	男 (外) Men		女 (外) Women		男 (外) Men		女 (外) Women		男 (外) Men		女 (外) Women			
理学系研究科 Science	10	(0)	6	(1)	12	(1)	1	(1)	0	(0)	0	(0)	29	(3)
新領域創成科学研究科 Frontier Sciences	4	(1)	2	(2)	9	(6)	4	(2)	1	(1)	0	(0)	20	(12)
薬学系研究科 Pharmaceutical Sciences	1	(0)	2	(1)	0	(0)	0	(0)	0	(0)	0	(0)	3	(1)
農学生命科学研究科 Agricultural and Life Sciences	0	(0)	0	(0)	0	(0)	0	(0)	0	(0)	0	(0)	0	(0)
総合文化研究科 Arts & Sciences	5	(2)	0	(0)	4	(1)	2	(1)	0	(0)	0	(0)	11	(4)
医学系研究科 Medicine	3	(1)	1	(1)	6	(2)	3	(0)	0	(0)	0	(0)	13	(4)
その他 Others	0	(0)	0	(0)	0	(0)	0	(0)	0	(0)	0	(0)	0	(0)
小計 Sub Total	23	(4)	11	(5)	31	(10)	10	(4)	1	(1)	0	(0)	76	(24)

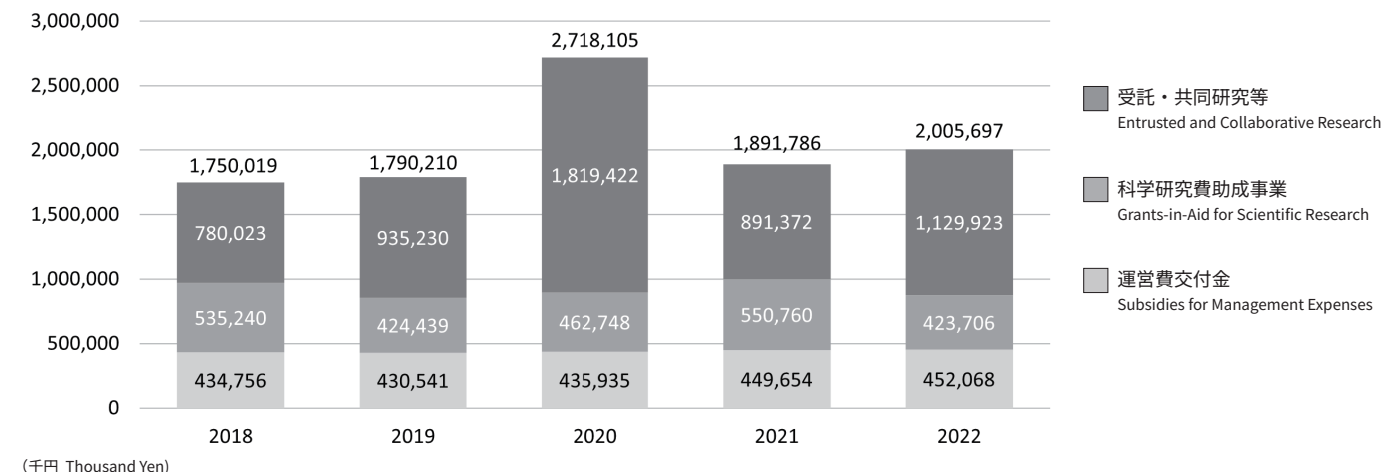
※括弧内は外国籍構成員数（内数）

Budgets

財務状況

Income

収入



Income from Grants-in-Aid for Scientific Research in Fiscal Year 2022

科学研究費助成事業（2022 年度）

研究種目等 Research Categories	受入件数（件） Number of Projects Approved	受入額（千円） Income (Thousand yen)
新学術領域研究 Scientific Research on Innovative Areas	7	83,460
学術変革領域研究 (A) Transformative Research Areas (A)	4	89,310
学術変革領域研究 (B) Transformative Research Areas (B)	2	12,740
基盤研究 (S) Scientific Research(S)	2	70,980
基盤研究 (A) Scientific Research(A)	3	40,690
基盤研究 (B) Scientific Research(B)	10	50,880
基盤研究 (C) Scientific Research(C)	19	25,916
挑戦的研究（開拓） Challenging Research (Pioneering)	1	4,030
挑戦的研究（萌芽） Challenging Research (Exploratory)	5	9,750
若手研究 Early-Career Scientists	15	23,010
特別研究員奨励費 JSPS Fellows	13	12,940
合計 Total	81	423,706

Income from Entrusted and Collaborative Research in Fiscal Year 2022

受託・共同研究等（2022 年度）

区分 Classification	受入件数（件） Number of Projects Approved	受入額（千円） Income (Thousand yen)
民間との共同研究 Private Sector Collaborative Research	23	291,254
受託研究 Entrusted Research	35	648,809
機関補助金 Grant-in-Aid	4	63,410
寄附金 Donations	34	126,450
合計 Total	96	1,129,923

Facility Area 施設の状況

建物延面積 Building Extension Area	13,002 m ²
定量生命科学研究所本館 Main Bldg.	
総合研究棟 General Research Bldg.	
生命科学総合研究棟 Life Sciences Research Bldg.	
生命科学総合研究棟 B Life Sciences Research Bldg.B	

Press releases

プレスリリース



がん免疫療法の標的分子 LAG-3 が抑制機能を発揮するメカニズムを解明

Elucidation of the functional ligand of LAG-3, a potential therapeutic target of cancer immunotherapy

丸橋 拓海（東京大学定量生命科学研究所 分子免疫学研究分野・助教）

杉浦 大祐（東京大学定量生命科学研究所 分子免疫学研究分野・助教）

岡崎 一美（東京大学定量生命科学研究所 分子免疫学研究分野・准教授）

清水 謙次（東京大学定量生命科学研究所 分子免疫学研究分野・助教）

岡崎 拓（東京大学定量生命科学研究所 分子免疫学研究分野・教授）

Jp



En



雑誌名：Immunity

論文タイトル：Binding of LAG-3 to stable peptide-MHC class II limits T cell function and suppresses autoimmunity and anti-cancer immunity

著者：Takumi Maruhashi, Daisuke Sugiura, Il-mi Okazaki, Kenji Shimizu, Takeo K Maeda, Jun Ikubo, Harunori Yoshikawa, Katsumi Maenaka, Naozumi Ishimaru, Hidetaka Kosako, Tatsuya Takemoto, Taku Okazaki

DOI 番号：10.1016/j.immuni.2022.03.013

発表のポイント：

◆抑制性免疫補助受容体 LAG-3 はがん免疫療法の有望な薬剤標的ですが、LAG-3 の機能が発揮されるメカニズムは分かっていませんでした。

◆LAG-3 が抗原ペプチドと主要組織適合遺伝子複合体クラス II の安定な複合体（安定な pMHCII）と結合することで機能を発揮し、自己免疫とがん免疫を制御することが分かりました。

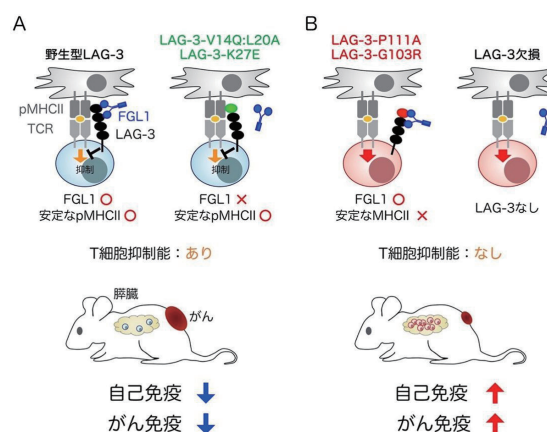
◆LAG-3 と安定な pMHCII との結合を標的とすることにより、がんや自己免疫疾患に対する治療法の開発につながると期待されます。

発表の概要：

LAG-3 は、がん免疫療法において PD-1 と CTLA-4 に次いで有望な薬剤標的として注目されており、LAG-3 阻害抗体を用いたがん免疫療法の開発が世界中で進められています。最近、LAG-3 と PD-1 を同時に阻害することにより悪性黒色腫の生存率が向上することが報告され、期待がさらに高まっています。一方、LAG-3 の抑制機能がどのようにして発揮されるのかは分かっていませんでした。特に、受容体の機能を発揮させるスイッチの役割を担う分子をリガンドと呼びます

が、LAG-3 のリガンドが何であるのかは分かっていませんでした。

今回、東京大学定量生命科学研究所の丸橋拓海助教、岡崎拓教授らの研究グループは、徳島大学先端酵素学研究所の小迫英尊教授と竹本龍也教授、同大学院医歯薬学研究部の石丸直澄教授、北海道大学大学院薬学研究院の前仲勝実教授らとの共同研究で、LAG-3 が安定な pMHCII と結合することにより T 細胞の活性化を抑制し、自己免疫疾患の発症を抑制するとともに、がん免疫を減弱させていることを明らかにしました。PD-1 阻害抗体によるがん免疫療法が複数の種類のがんに対して認可されていますが、その奏効率は 10 ～ 30% と低く、さらなる改良が求められています。そこで、その他の抑制性免疫補助受容体を同時に阻害する併用療法の開発が進められていますが、基礎研究は後回しにされており、各分子の機能について基本的な情報さえ不足している状況です。今回、LAG-3 の機能が発揮されるメカニズムが解明されたことにより、LAG-3 を標的とした効果的かつ安全な治療法の開発につながると期待されます。



コヒーシン複合体による新たな遺伝子発現制御機構の一端を解明

希少疾患や白血病の原因解明の糸口に

Large-scale multi-omics analysis suggests specific roles for intragenic cohesin in transcriptional regulation

王 健康（東京大学大学院医学系研究科 分子細胞生物学専攻・博士後期課程）

坂東 優篤（東京大学定量生命科学研究所 ゲノム情報解析研究分野・講師）

白髭 克彦（東京大学定量生命科学研究所 ゲノム情報解析研究分野・教授）

中戸 隆一郎（東京大学定量生命科学研究所 大規模生命情報解析研究分野・講師）

Jp



En



雑誌名：Nature Communications

論文タイトル：Large-scale multi-omics analysis suggests specific roles for intragenic cohesin in transcriptional regulation

著 者：Jiankang Wang, Masashige Bando, Katsuhiko Shirahige, Ryuichiro Nakato

DOI 番号：10.1038/s41467-022-30792-9

発表のポイント：

- ◆遺伝子発現とクロマチンループ形成に重要な役割を果たすタンパク質複合体「コヒーシン」の新たな機能の一端を明らかにしました。
- ◆遺伝子の転写活性と負の相関を示す遺伝子内コヒーシン結合部位、decreased intragenic cohesin sites (DICs) を提案しました。
- ◆エピゲノム、遺伝子発現、ゲノム立体構造など様々な情報を含む大規模なゲノムデータセットと機械学習を組み合わせた解析により、DICs のさまざまな特徴を明らかにしました。
- ◆本研究は、コヒーシン関連の希少疾患や白血病などのがんの機序解明にも貢献すると期待されます。

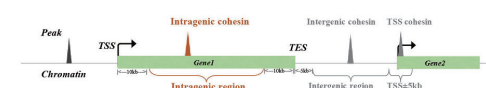
発表の概要：

コヒーシンはゲノムの立体構造制御や遺伝子発現制御に重要な役割を果たすタンパク質複合体です。コヒーシンのもつ機能は多様であり、これまでにクロマチンループ（以後ループと呼ぶ）の形成による遺伝子発現促進、逆にループ形成を阻害して遺伝子発現を抑制するなどの機能が報告されていますが、数万か所ものゲノム領域に結合するコヒーシンが果たす役割の全貌はいまだ明らかにはなっていません。

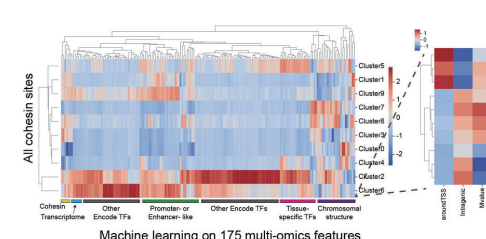
東京大学大学院医学系研究科の王健康大学院生、定量生命科学研究所附属高度細胞多様性研究センター大規模生命情報解

析研究分野の中戸隆一郎講師らは、遺伝子領域内に結合しループを形成しているコヒーシンが転写活性化によって結合が失われる、すなわち「転写活性と負の相関を示す」コヒーシンに注目し、そのようなコヒーシン結合部位を decreased intragenic cohesin sites (DICs) と名付けました。同研究所ゲノム情報解析研究分野の坂東優篤講師、白髭克彦教授らと共に、エピゲノム、遺伝子発現、ゲノム立体構造など様々な情報を含む大規模なゲノムデータを生成し、機械学習と組み合わせた全ゲノム解析を実施しました。その結果、DICs が転写に必須の因子である RNA ポリメラーゼ 2 の結合または伸長に関与しているらしいこと、コヒーシン関連の疾患細胞において特徴的な結合の変化を示すことなどを発見しました。以上の成果は、未解明だったコヒーシンとクロマチンループの機能の一端を明らかにするものであり、コヒーシンに関連する希少疾患や、急性骨髄性白血病（AML）などのがんの機序解明にも貢献すると期待されます。

Cohesin can bind to different genomic regions:



Multi-omics analysis reveals a specific role of intragenic cohesin



真核生物の遺伝子発現制御を担う酵素が染色体の基盤構造に結合した様子を解明—様々な疾患の発症メカニズムの解明や創薬への応用に期待—

Elucidation of the structural basis for binding of acetyltransferase p300 to the nucleosome

畠澤 卓（東京大学大学院理学系研究科 生物科学専攻・博士後期課程）

滝沢 由政（東京大学定量生命科学研究so クロマチン構造機能研究分野・准教授）

胡桃坂 仁志（東京大学定量生命科学研究so クロマチン構造機能研究分野・教授）

Jp



En



雑誌名：iScience

論文タイトル：Structural basis for binding diversity of acetyltransferase p300 to the nucleosome

著者：Suguru Hatazawa, Jiuyang Liu, Yoshimasa Takizawa, Mohamad Zandian, Lumi Negishi, Tatiana G. Kutateladze, Hitoshi Kurumizaka

DOI 番号：10.1016/j.isci.2022.104563

発表のポイント：

◆ 発表者らの研究チームは、主要なアセチル化酵素の一つである p300 が、ゲノム DNA を収納しているヌクレオソームに結合した様子を世界で初めて解明しました。

◆ p300 はヌクレオソームの様々な位置に結合可能であることが明らかになり、この性質によって p300 は多様なヒストンアセチル化に機能していることが示唆されました。

◆ p300 によるヒストンアセチル化の制御異常は、がんを含む様々な疾患を引き起こすことから、本研究で得られた知見は創薬に向けて応用されることが期待されます。

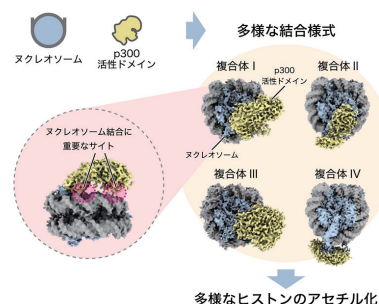
発表の概要：

東京大学大学院理学系研究科の畠澤卓 大学院生、東京大学定量生命科学研究so クロマチン構造機能研究分野の滝沢由政 准教授、胡桃坂仁志 教授らの研究チームは、コロラド大学の Tatiana Kutateladze 教授との共同研究で、細胞の恒常性維持に重要なタンパク質である p300 の活性ドメインと、ヒトのゲノム DNA 収納の基盤構造であるヌクレオソームが結合した複合体の構造を世界で初めて解明しました。

ヒトをはじめとする真核生物のゲノム DNA は、ヒストン複合体に巻き付いてヌクレオソームを形成し、これが数珠状に連なることでクロマチンを形成して細胞核内に収納されています。ヒストンのアセチル化はクロマチン構造を変化させる

ことで、DNA の塩基配列に依存しない後成的な遺伝子制御を担っています。p300 は主要なヒストンアセチル化酵素であり、多様なヒストンのアセチル化を介して特定の遺伝子の活性化を誘導することで、細胞機能の正常な維持に貢献しています。しかし、p300 がどのようにヌクレオソームに結合して、クロマチンにおいてヒストンのアセチル化を触媒するのか、そのメカニズムは不明でした。

そこで本研究チームは、試験管内で再構成したヌクレオソームと、アセチル基転移活性中心を含む p300 ドメイン（p300 活性ドメイン）の複合体を調製し、クライオ電子顕微鏡によってその複合体構造群を明らかにしました。その結果、p300 活性ドメインはヌクレオソーム上の様々なポジションに結合することが分かりました。この性質によって、p300 の特徴であるヌクレオソーム中の多様なヒストンのアセチル化が可能となっていると考えられました。他のアセチル化酵素においては、これまでにヌクレオソーム上の定まった位置での結合様式が報告されています。本研究ではこのような結合様式とは異なった、p300 独自の結合様式を明らかにすることができました。p300 によるヒストンアセチル化の制御異常は、がんや神経変性を引き起こすことが知られています。本研究で得られた知見によって、疾患モデル細胞における p300 の制御異常に関する理解が進み、これらの疾患の発症メカニズムの解明や治療方法の確立につながることが期待されます。





沖縄のサンゴ礁にすむ海洋生物から強力な細胞増殖阻害物質を発見

抗がん剤への応用が期待

豊島 近（東京大学定量生命科学研究所 膜蛋白質解析研究分野・特任教授）

雑誌名：Journal of the American Chemical Society

論文タイトル：Structural Determination, Total Synthesis, and Biological Activity of Iezoside, a Highly Potent Ca^{2+} -ATPase Inhibitor from the Marine Cyanobacterium *Leptochromothrix valpauliae*

著者：Naoaki Kurisawa, Arihiro Iwasaki*, Kazuya Teranuma, Shingo Dan, Chikashi Toyoshima, Masaru Hashimoto, and Kiyotake Suenaga

DOI 番号：10.1021/jacs.2c04459

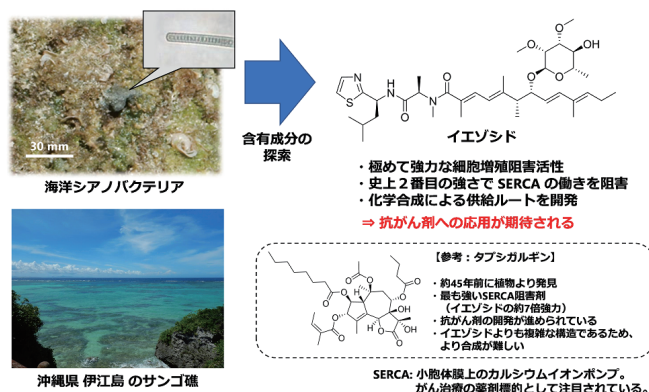
発表のポイント：

- ◆沖縄県にある伊江島のサンゴ礁に生息する海洋シアノバクテリアから、極めて強力な細胞増殖阻害物質を発見した。
- ◆作用解析の結果、がんの治療標的として注目されているタンパク質の働きを、史上2番目の強さで抑えることを明らかにした。
- ◆化学合成による大量供給ルートの開発にも成功した。抗がん剤開発への応用が期待される。

発表の概要：

慶應義塾大学大学院理工学研究科の栗澤尚瑛（博士課程3年）、寺沼和哉（修士課程2年）、同大学理工学部の岩崎有紘専任講師、末永聖武教授は、伊江島（沖縄県伊江村）のサンゴ礁で採集した海洋シアノバクテリアから、抗がん剤への応用が期待される強力な細胞増殖阻害物質を発見しました。生物がつくる物質には、病気の治療に有効な作用をもつものが含まれます。こうした物質を新しく発見するために、研究チームは沖縄・奄美地方の海洋生物を対象に探索を続けてきました。その結果、伊江島のサンゴ礁で採集した海洋シアノバクテリアから、極めて低濃度で細胞の増殖を抑える新しい

化学物質を発見し、イエゾシドと名付けました。詳細な解析の結果、イエゾシドは細胞内にある小胞体膜上のカルシウムイオンポンプ（SERCA）*2の働きを強力に抑える作用をもち、その強さはこれまで人類が発見した化学物質の中で2番目に強いものであることを明らかにしました。さらに研究チームはイエゾシドの化学合成にも成功し、大量供給ルートを開拓しました。SERCAは、近年がんの治療標的として注目を集めているタンパク質で、実際にSERCAを標的とする前立腺がんの治療薬開発が進められています。そのため、今回発見したイエゾシドが、抗がん剤開発に応用されることが期待されます。





Dicer-2-R2D2 タンパク質複合体が二本鎖 siRNA の非対称性を感じ取るしくみー RNA 干渉における 20 年来の謎を解明ー

How the Dicer-2-R2D2 protein complex senses double-stranded siRNA asymmetry

泊 幸秀 (東京大学定量生命科学研究所 RNA 機能研究分野・教授)

雑誌名 : *Nature*

論文タイトル : Structure of the Dicer-2-R2D2 heterodimer bound to a small RNA duplex

著者 : Sonomi Yamaguchi, Masahiro Naganuma, Tomohiro Nishizawa, Tsukasa Kusakizako, Yukihide Tomari, Hiroshi Nishimasu, Osamu Nureki

DOI 番号 : 10.1038/s41586-022-04790-2

発表のポイント :

◆ショウジョウバエ由来の Dicer-2、パートナータンパク質 R2D2、および、二本鎖 siRNA から形成される複合体の立体構造を世界で初めて明らかにしました。

◆Dicer-2-R2D2 が二本鎖 siRNA を決まった向きで Argonaute に受け渡す分子機構を明らかにしました。

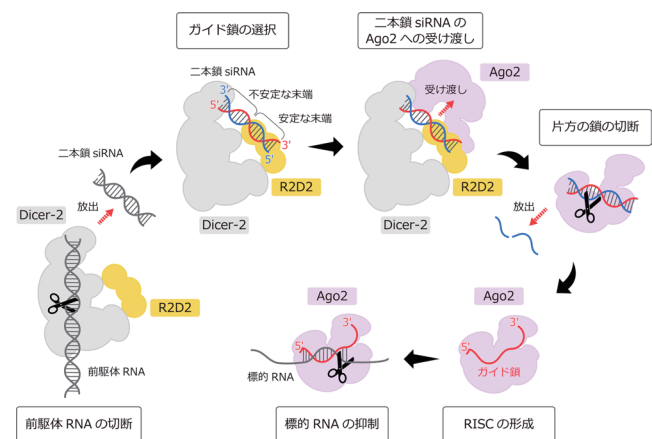
◆本成果は、Dicer の作動機構の理解だけではなく、効率的な二本鎖 siRNA の設計や核酸医薬等への技術応用が期待されます。

発表の概要 :

20 塩基ほどの小さな RNA (siRNA) は Argonaute タンパク質とエフェクター複合体を形成し、相補的な塩基配列をもつ標的遺伝子の発現を制御します。この遺伝子制御機構は RNA 干渉とよばれ、ショウジョウバエなどの昆虫において免疫機構としてはたります。さらに、RNA 干渉は遺伝子発現抑制技術としても広く利用されています。RNA 切断酵素である Dicer-2 は二本鎖 siRNA の産生と Argonaute への受け渡しを担っています。しかし、その詳細な分子機構は明らかになっていませんでした。

今回、東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻の山口そのみ大学院生、濡木理教授、定量生命科学研究所 RNA 機能研究分野の泊幸秀教授、先端科学技術研究センターの西増弘

志教授らは、クライオ電子顕微鏡を用いて、Dicer-2-R2D2 二本鎖 siRNA 複合体の立体構造を決定することに成功しました。その結果、Dicer-2-R2D2 による二本鎖 siRNA の産生および受け渡しの分子機構が明らかになりました。本成果は、Dicer の作動機構の理解だけではなく、効率的な二本鎖 siRNA の設計や核酸医薬等への技術応用が期待されます。





遺伝子の発現とクロマチン構造の維持を両立させる仕組み

RNA ポリメラーゼはヌクレオソームを壊して組み立てる

鯨井 智也（東京大学定量生命科学研究所 クロマチン構造機能研究分野・助教）

胡桃坂 仁志（東京大学定量生命科学研究所 クロマチン構造機能研究分野・教授）

雑誌名： *Science*

論文タイトル： Structural basis of nucleosome disassembly and reassembly by RNAPII elongation complex with FACT

著 者： Haruhiko Ehara, Tomoya Kujirai, Mikako Shirouzu, Hitoshi Kurumizaka, Shunichi Sekine

DOI 番号： 10.1126/science.abp9466

発表の概要：

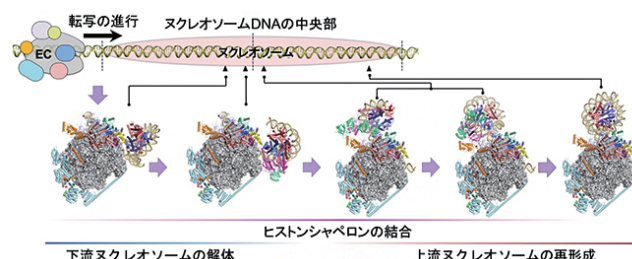
理化学研究所（理研）生命機能科学研究センター転写制御構造生物学研究チームの江原晴彦研究員、関根俊一チームリーダー、東京大学定量生命科学研究所クロマチン構造機能研究分野の鯨井智也助教、胡桃坂仁志教授らの共同研究グループは、真核細胞の遺伝子発現を担う RNA ポリメラーゼ II (RNAPII) が、メッセンジャー RNA (mRNA) の転写に際して、いったんほどいたヌクレオソームを転写直後に組み立て直すことで、クロマチン構造を壊さずに転写を行う仕組みを解明しました。

本研究成果は、真核細胞の核内では遺伝子発現とクロマチン構造の維持がどのように両立しているのかという生物学上の大きな謎に答えるものであり、今後、転写制御やその破綻による疾患メカニズムの理解への発展が期待できます。

真核生物の DNA はヒストンタンパク質と結合してヌクレオソーム構造を形成し、さらに複数のヌクレオソームが数珠状に連なったクロマチンと呼ばれる高次構造をとって、細胞核内に収納されています。mRNA の転写を担う酵素である RNAPII は、DNA を転写する際にヌクレオソームをほどく必要がありますが、ほどかれたヌクレオソーム構造が再形成される仕組みは不明でした。

今回、共同研究グループは「クライオ電子顕微鏡」を用いて、RNAPII が複数のタンパク質（転写伸長因子やヒストンシャペロン）の助けを借りてヌクレオソームを通過する様子を捉

えました。その結果、RNAPII が前方のヌクレオソームをいったん解体し、後方で組み立て直す仕組みが初めて明らかになりました。



がん抑制遺伝子産物である p53 タンパク質が染色体中の遺伝子スイッチをオンにする仕組みを解明—がん悪性化の原因解明や創薬への糸口に一

Structural basis for the nucleosome binding by “Guardian of the genome” p53

Jp



En



西村 正宏 (東京大学定量生命科学研究所 クロマチン構造機能研究分野・特任研究員)

滝沢 由政 (東京大学定量生命科学研究所 クロマチン構造機能研究分野・准教授)

野澤 佳世 (東京大学定量生命科学研究所 クロマチン構造機能研究分野・助教 (研究当時))

胡桃坂 仁志 (東京大学定量生命科学研究所 クロマチン構造機能研究分野・教授)

雑誌名 : *PNAS Nexus*

論文タイトル : Structural basis for the p53 binding to its nucleosomal target DNA sequence

著 者 : Masahiro Nishimura, Yoshimasa Takizawa, Kayo Nozawa, Hitoshi Kurumizaka

DOI 番号 : 10.1093/pnasnexus/pgac177

発表のポイント :

◆がん抑制遺伝子産物 p53 が、染色体の基盤構造であるヌクレオソームに含まれる標的 DNA 配列と結合し、遺伝子のスイッチをオンにする仕組みを、クライオ電子顕微鏡によって世界で初めて明らかにした。

◆ p53 は標的 DNA 配列と結合することで、染色体中の DNA の構造を大きく変化させることが分かった。

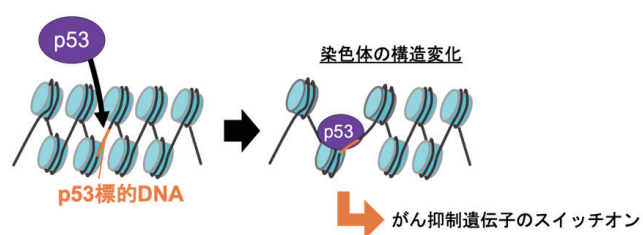
◆ p53 による DNA 結合の破綻はがん悪性化を引き起こす原因であることから、本成果で得られた知見はがん治療を目指した創薬に重要である。

発表の概要 :

東京大学定量生命科学研究所クロマチン構造機能研究分野の西村正宏 特任研究員、野澤佳世 助教 (研究当時、現東京工業大学生命理工学院准 教授)、滝沢由政 准教授、胡桃坂仁志 教授らの研究グループは、がん抑制に関わる主要な転写因子である p53 が染色体の基盤構造 (ヌクレオソーム) と結合した複合体の立体構造を世界で初めて明らかにしました。

p53 遺伝子はおよそ半数のがん患者において突然変異が認められており、細胞が持つがん抑制機構において中心的な働きをすることが知られています。その遺伝子産物となる p53 タンパク質は、ゲノム DNA 上の特定の配列 (標的 DNA 配列) と結合し、がん抑制遺伝子群のスイッチをオンにすることで、細胞分裂の停止・DNA 修復・プログラム細胞死等を誘導し

ます。そのため p53 は”ゲノムの守護神”とも呼ばれており、p53 遺伝子の突然変異によってこれらの細胞機能が損なわれることが、がん化の主要な原因の一つであると考えられています。一方、真核生物のゲノム DNA はヒストン複合体に巻き付いた染色体構造を形成しており、p53 が染色体中でがん抑制遺伝子のスイッチをオンにするメカニズムは不明でした。この疑問を解決するため当研究グループは、試験管内で再構成したヌクレオソームと p53 からなる複合体を高純度に調製し、クライオ電子顕微鏡を用いた立体構造解析をおこないました。その結果、p53 が標的 DNA と結合することで染色体中の DNA が大きく歪められることが明らかになりました。本成果は、真核生物の染色体中で p53 が標的 DNA 配列と結合する様子を捉えた世界初の立体構造であり、p53 ががん抑制遺伝子のスイッチをオンにするメカニズムの一端を解明したものです。それゆえ、p53 の異常が原因となる発がんメカニズムの解明や新たな抗がん剤開発のための重要な足掛かりになることが期待されます。



統合的ゲノム解析のための Web データベース” CohesinDB” を開発

CohesinDB: A comprehensive database for decoding cohesin-related epigenomes, 3D genomes and transcriptomes in human cells

王 健康 (東京大学大学院医学系研究科 分子細胞生物学専攻・博士後期課程)

中戸 隆一郎 (東京大学定量生命科学研究所 大規模生命情報解析研究分野・准教授)



雑誌名: *Nucleic Acids Research*

論文タイトル: CohesinDB: A comprehensive database for decoding cohesin-related epigenomes, 3D genomes and transcriptomes in human cells

著者: Jiankang Wang, Ryuichiro Nakato

DOI 番号: 10.1093/nar/gkac795

発表のポイント:

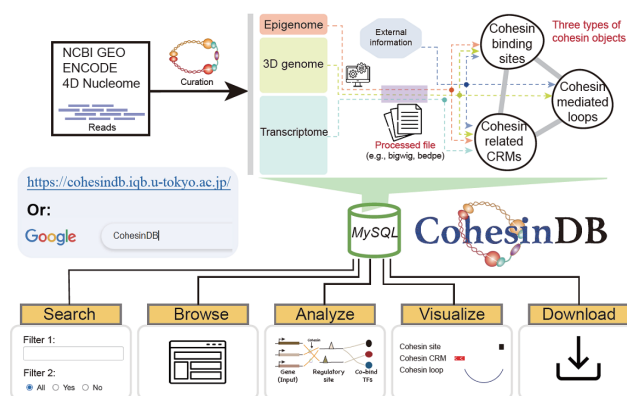
- ◆ 遺伝子発現やゲノム立体構造形成に重要な機能を持つコヒーシン複合体に関連する既存データを網羅的に収集したデータベース “CohesinDB” を開発しました。
- ◆ CohesinDB には、ヒトの 176 細胞種から成る転写因子結合、遺伝子発現変動、ゲノム立体構造など計 2,043 サンプルが含まれており、Web ブラウザシステムを通じて可視化、解析、データダウンロードなどが誰でも簡単に行うことができます。
- ◆ CohesinDB はコヒーシン関連解析だけでなく、転写制御や疾患関連解析などに関する全ての研究者にとって有用なリソースとなります。

発表の概要:

コヒーシンはゲノムの立体構造制御や遺伝子発現制御に重要な役割を果たすタンパク質複合体です。コヒーシンの変異は急性骨髄性白血病や複数の先天性疾患の要因となることから、これらの疾患の発症メカニズムを解明するうえで、コヒーシンの果たす機能を明らかにすることが求められています。しかしながら、コヒーシンの機能はエピゲノム・転写制御・ゲノム立体構造制御など多岐にわたるため、網羅的な全ゲノム解析は難易度が高く、これまで困難でした。

東京大学大学院医学系研究科の王健康大学院生、定量生命科学研究所附属高度細胞多様性研究センター 大規模生命

情報解析研究分野の中戸隆一郎准教授は、そのような統合的大規模解析の解析コストを低減するため、コヒーシンに関するゲノム解析データを格納した大規模データベース” CohesinDB” (<https://cohesindb.iqb.u-tokyo.ac.jp/>) を開発しました。本データベースでは、過去に論文として報告されデータが公開されている全ゲノムデータを網羅的に収集し、独自のパイプラインを用いて統一的に再解析のうえ、得られたコヒーシンに関連するエピゲノム領域(プロモーター・エンハンサーなど)、遺伝子、クロマチンループなどを統一的にラベル付けし、データベースとして公開しています。本データベースは Web ブラウザシステムを通じて可視化、解析、データダウンロードなどが誰でも簡単に行うことができます。これにより、情報学の非専門家にとってこれまで難しかった大規模ゲノム解析が容易になり、コヒーシン研究の一層の推進が期待されます。



世界初・ゲノム DNA を巻き取る新しい基本単位 H3-H4 オクタソームを発見ー染色体疾患の理解に新概念を提唱ー

Cryo-electron microscopic analysis reveal a novel structural unit of chromatin, H3-H4 octasome

野澤 佳世（東京工業大学生命理工学院 生命理工学系・准教授、

研究当時：東京大学定量生命科学研究所 クロマチン構造機能研究分野・助教）

滝沢 由政（東京大学定量生命科学研究所 クロマチン構造機能研究分野・准教授）

胡桃坂 仁志（東京大学定量生命科学研究所 クロマチン構造機能研究分野・教授）

Jp



En



雑誌名：The Proceedings of the National Academy of Sciences

論文タイトル：Cryo-electron microscopy structure of the H3-H4 octasome: a nucleosome-like particle without histones H2A and H2B

著者：Kayo Nozawa, Yoshimasa Takizawa, Leonidas Pierrakeas, Chizuru Sogawa-Fujiwara, Kazumi Saikusa, Satoko Akashi, Ed Luk, Hitoshi Kurumizaka

DOI 番号：10.1073/pnas.2206542119

発表のポイント：

◆染色体の基本単位ヌクレオソームの形成には4種類のヒストンが必要であるという常識を覆し、H3、H4の2種類のヒストンのみでも、ヌクレオソーム様構造（H3-H4 オクタソーム）が形成されることをクライオ電子顕微鏡観察によって世界で初めて明らかにした。

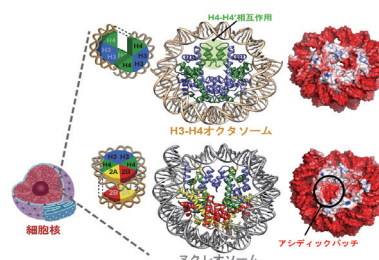
◆H3-H4 オクタソーム特異的な構造を出芽酵母内で検出することに成功し、H3-H4 オクタソームが生体内に存在することを初めて実証した。

◆本成果は、ヒストンの変異や修飾だけでなく、ヒストンの含有率がヌクレオソームのアイデンティティとなることを提唱し、エピジェネティクス制御の異常がもたらす、がん化や生活習慣病、精神疾患の理解においても、新しい概念を加える。

発表の概要：

真核生物のゲノム DNA は、ディスク状のヌクレオソーム構造に巻き取られて核内に収納されていることから、タンパク質の設計図を作る RNA ポリメラーゼ II は、このヌクレオソームをほどこしながらゲノム情報を読み解く必要があります。すなわち、ヌクレオソームを基本単位とするゲノム高次構造（ク

ロマチン）が転写を制御していると言えます。これまでヌクレオソームは、H2A、H2B、H3、H4 の4種類のヒストン2分子ずつからなるヒストン8量体から構成される均一な構造体だと考えられてきましたが、東京大学定量生命科学研究所 クロマチン構造機能研究分野の野澤佳世 助教（研究当時、現：東京工業大学生命理工学院生命理工学系 准教授）、滝沢由政 准教授、胡桃坂仁志 教授らの研究グループは、ヒト由来タンパク質を用いたクライオ電子顕微鏡解析によって、ヒストン H3、H4 の2種類のみでもヌクレオソーム様構造体（H3-H4 オクタソーム）が形成されることを世界で初めて明らかにしました。H3-H4 オクタソームは、ヌクレオソームより可動性が高く、クロマチン結合因子の足場となる特徴的な酸性表面（アシディックパッチ）を持たないユニークな構造体でした。本研究グループは、H3-H4 オクタソーム特異的な構造を出芽酵母内で検出することにも成功し、H3-H4 オクタソームが生体内に存在することを初めて実証しました。H3-H4 オクタソームは、ヌクレオソームと大きさでは区別がつかないため、これまでのクロマチン研究では、その存在が見逃されていた可能性があります。本研究成果は、ヒストンの変異や修飾だけでなく、ヒストンの含有率もヌクレオソームにアイデンティティを与えることを提唱し、今後、エピジェネティクス制御の異常がもたらす、がん化や生活習慣病、精神疾患の理解においても、H3-H4 オクタソームが新しい概念を加えると考えられます。



染色体の中で折りたたまれた DNA から遺伝情報を読み取る仕組みを解明！ーリンカーヒストン H1 による転写伸長制御機構を解明ー

Structural basis of RNA polymerase II transcription on the chromosome containing linker histone H1

平野 里奈（東京大学定量生命科学研究soクロマチン構造機能研究分野・特任研究員）

胡桃坂 仁志（東京大学定量生命科学研究soクロマチン構造機能研究分野・教授）

Jp



En



雑誌名：Nature Communications

論文タイトル：Structural basis of RNA polymerase II transcription on the chromosome containing linker histone H1

著者：Rina Hirano, Haruhiko Ehara, Tomoya Kujirai, Tamami Uejima, Yoshimasa Takizawa, Shun-ichi Sekine, Hitoshi Kurumizaka

DOI 番号：10.1038/s41467-022-35003-z

発表のポイント：

◆染色体の中で DNA の折りたたみを担うリンカーヒストン（H1）が、遺伝子の読み取り装置である RNA ポリメラーゼ II にどのような作用を及ぼすのかについては、ほとんど明らかにされていませんでした。

◆RNA ポリメラーゼ II が、H1 により折りたたまれた DNA を読み取る様子（立体構造）を、クライオ電子顕微鏡を用いて解析しました。その結果、H1 が RNA ポリメラーゼ II の反応を一時停止させることを明らかにしました。

◆H1 の存在量の異常や H1 のアミノ酸配列の変異は、細胞のがん化に関与していると考えられています。そのため本研究は、H1 の関わるがん化のメカニズムの解明につながることで期待されます。

発表の概要：

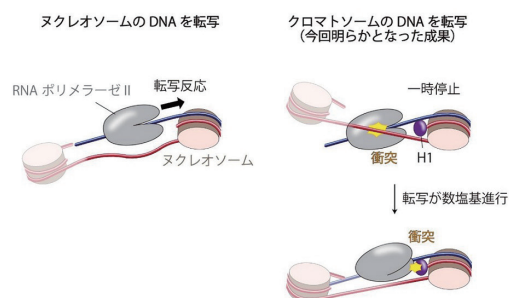
東京大学定量生命科学研究soの平野里奈 特任研究員、胡桃坂仁志 教授らの研究チームは、理化学研究所生命機能科学研究センターの江原晴彦 研究員、関根俊一 チームリーダーとの共同研究で、RNA ポリメラーゼ II が、リンカーヒストン（H1）により折りたたまれた DNA の遺伝情報を読み取る仕組みを解明しました。

ヒトを含む高等真核生物の DNA は、コアヒストンに巻き付

いたヌクレオソームを形成しています。ヌクレオソームは H1 が結合することによって、DNA がさらに折りたたまれた構造体であるクロマトソームを形成します。DNA の遺伝情報が機能するには、H1 によるクロマトソーム形成によって折りたたまれた DNA を、その読み取り装置である RNA ポリメラーゼ II によりメッセンジャー RNA へと写し取る（転写する）必要があります。しかし、クロマトソームに折りたたまれた DNA の転写の際に、H1 が RNA ポリメラーゼ II にどのような作用を及ぼすのかについては、未だに明らかにされていませんでした。

そこで本研究チームは、RNA ポリメラーゼ II がクロマトソームの DNA を転写する反応を試験管内で再現し、その転写反応過程の様子を、クライオ電子顕微鏡を用いた立体構造解析により解明しました。今回明らかになった立体構造から、RNA ポリメラーゼ II がクロマトソームを転写する際に、H1 が RNA ポリメラーゼ II の進行を一時停止させる様子が明らかとなりました。

H1 存在量の異常や H1 のアミノ酸配列の変異は、がん化と密接に関連していることが知られています。H1 は転写量を制御する因子であるため、これらの H1 の異常による転写制御の不具合は、がん化に関わると考えられます。そのため、本成果は、H1 の異常によって引き起こされるタイプの細胞がん化のメカニズムの理解につながる事が期待されます。



細胞老化を促進し寿命を制限するメカニズムを解明

Spt4 promotes cellular senescence by activating non-coding RNA transcription in ribosomal RNA gene clusters

横山 正明（東京大学定量生命科学研究所 ゲノム再生研究分野・特任研究員）

佐々木 真理子（東京大学定量生命科学研究所 ゲノム再生研究分野・講師）

小林 武彦（東京大学定量生命科学研究所 ゲノム再生研究分野・教授）

Jp



En



雑誌名：Cell Reports

論文タイトル：Spt4 promotes cellular senescence by activating non-coding RNA transcription in ribosomal RNA gene clusters

著者：Masaaki Yokoyama, Mariko Sasaki, Takehiko Kobayashi

DOI 番号：10.1016/j.celrep.2022.111944

発表のポイント：

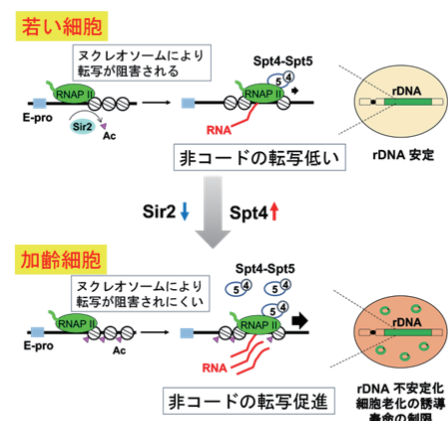
- ◆リボソーム遺伝子 (rDNA) の不安定化に関与している老化遺伝子を同定しました。
- ◆転写伸長因子 Spt4 は、加齢に伴いリボソーム遺伝子上の非コード RNA の転写を促進し、rDNA の不安定化および細胞老化を促進することを発見しました。
- ◆本研究成果は、老化に関連する疾患の原因解明および治療への足掛かりになることが期待されます。

発表の概要：

個体が老化する原因の1つとして、細胞老化が考えられています。出芽酵母は、これまで細胞老化のメカニズムを明らかにする上で重要なモデル生物として、広く利用されてきました。この出芽酵母の寿命に影響を及ぼす原因の1つとして、ゲノム中で最大の脆弱部位(壊れやすい部位)であるリボソーム RNA 遺伝子 (rDNA) の不安定化に起因することが知られていますが、その詳細なメカニズムは未だ解明されていません。

東京大学定量生命科学研究所の横山正明特任研究員、佐々木真理子講師、小林武彦教授らの研究グループは、rDNA の不安定化を介して老化を誘導する遺伝子を特定するために、長寿欠損株の rDNA の安定性を網羅的に解析しました。その結果、転写伸長因子 Spt4 の遺伝子 (SPT4) を欠損した株では、

大幅な rDNA の安定性の増加によって、寿命が延長していることを発見しました。また、その表現型を示す原因として、rDNA 上の非コードプロモーター (E-pro) の転写活性が低下していることを発見しました。加えて、加齢と共に Spt4 の発現量が増加することで、E-pro の転写活性がより増強され、細胞老化を加速し寿命を制限させることが観察されました。以上の発見から、Spt4 は、rDNA を不安定化させることで細胞老化を促進させる老化因子として機能していることが判明しました。本成果は、ヒト細胞の老化のメカニズム解明および老化に関連した疾患への治療に応用されることが期待されます。



非コード RNA の転写を介した新たな遺伝子発現制御機構を発見

Unveiling the roles of non-coding enhancer transcription in living *Drosophila* embryos

浜本 航多（東京大学大学院総合文化研究科 広域科学専攻・博士課程）

梅村 悠介（東京大学大学院総合文化研究科 広域科学専攻・修士課程）

牧野 支保（東京大学定量生命科学研究所 遺伝子発現ダイナミクス研究分野・助教）

深谷 雄志（東京大学定量生命科学研究所 遺伝子発現ダイナミクス研究分野・准教授）

Jp



En



雑誌名： *Nature Communications*

論文タイトル： Dynamic interplay between non-coding enhancer transcription and gene activity indevelopment

著者： Kota Hamamoto, Yusuke Umemura, Shiho Makino, Takashi Fukaya

DOI 番号： 10.1038/s41467-023-36485-1

発表のポイント：

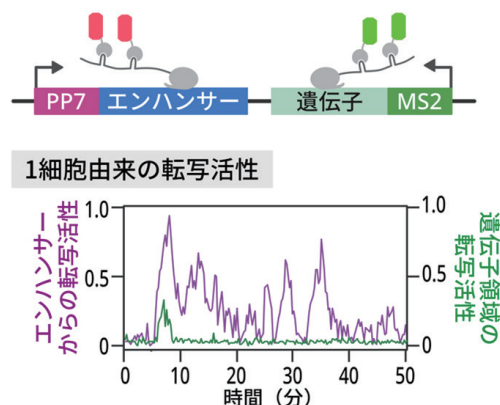
- ◆エンハンサーと呼ばれるゲノム中の調節領域における非コード RNA の転写と、遺伝子からの転写を 1 細胞解像度でリアルタイムに検出する新規実験系を開発しました。
- ◆エンハンサー上で非コード RNA の転写が起こることで、遺伝子の発現が抑制されるという新たな仕組みを世界に先駆けて発見しました。
- ◆遺伝子発現や細胞運命を制御する新たなゲノム技術の開発や、疾患の発症メカニズムの解明に貢献することが期待されます。

発表の概要：

遺伝子発現の第一段階は、DNA を鋳型としてタンパク質の設計図となる mRNA を合成する転写反応です。この転写反応の活性を制御する上で中心的な役割を担っているのは、エンハンサーと呼ばれるゲノム上の調節領域です。近年、エンハンサーはタンパク質の設計図としての情報を持たないに関わらず、自身から非コード RNA を転写するという興味深い特徴を持つことが明らかになってきました。しかし、エンハンサー上における非コード RNA の転写がどのように遺伝子の発現制御に寄与するのかについては、これまで十分に理解されていませんでした。

今回、東京大学大学院総合文化研究科の浜本 航多 大学院生、東京大学定量生命科学研究所の深谷 雄志 准教授らの研究

チームは、ショウジョウバエ生体内において、エンハンサーからの非コード RNA の転写と遺伝子からの mRNA の転写の両者を同時かつ 1 細胞解像度で可視化するライブイメージング手法を新たに確立しました。詳細な解析の結果、エンハンサー上で非コード RNA の転写が起こることにより遺伝子領域からの転写量が抑制される、という新たな仕組みを発見しました。さらに、エンハンサー上における非コード RNA の転写は、エンハンサーの機能発揮に必要な転写因子の呼び込みを物理的に妨害することを解明しました。以上の成果は、生物がもつ精緻な遺伝子発現制御システムの一端を解き明かす画期的な成果です。



Publications

発表論文・書籍等



Papers

[2022.4 | Nucleic Acids Res.](#)

Functional specialization of monocot DCL3 and DCL5 proteins through the evolution of the PAZ domain.

Chen S, Liu W, Naganuma M, Tomari Y, Iwakawa HO.

[2022.4 | Curr Issues Mol Biol.](#)

CRISPR/Cas9 Screening for Identification of Genes Required for the Growth of Ovarian Clear Cell Carcinoma Cells.

Kawabata A, Hayashi T, Akasu-Nagayoshi Y, Yamada A, Shimizu N, Yokota N, Nakato R, Shirahige K, Okamoto A, Akiyama T.

[2022.4 | Cancer Sci.](#)

PHOSPHATE exporter XPR1/SLC53A1 is required for the tumorigenicity of epithelial ovarian cancer.

Akasu-Nagayoshi Y, Hayashi T, Kawabata A, Shimizu N, Yamada A, Yokota N, Nakato R, Shirahige K, Okamoto A, Akiyama T.

[2022.4 | Curr Opin Cell Biol.](#)

Sperm chromatin structure: Insights from in vitro to in situ experiments.

Okada Y.

[2022.4 | Immunity.](#)

Binding of LAG-3 to stable peptide-MHC class II limits T cell function and suppresses autoimmunity and anti-cancer immunity.

Maruhashi T, Sugiura D, Okazaki IM, Shimizu K, Maeda TK, Ikubo J, Yoshikawa H, Maenaka K, Ishimaru N, Kosako H, Takemoto T, Okazaki T.

[2022.4 | Proc Natl Acad Sci USA.](#)

Cryoelectron microscopy of Na⁺,K⁺-ATPase in the two E2P states with and without cardiotonic steroids.

Kanai R, Cornelius F, Vilsen B, Toyoshima, C.

[2022.4 | Int Immunol.](#)

Integrin CD11b provides a new marker

of pre-germinal center IgA + B cells in murine Peyer's patches.

Gao P, Adachi T, Okai S, Morita N, Kitamura D, Shinkura R.

[2022.5 | bioRxiv.](#)

Context-dependent 3D genome regulation by cohesin and related factors.

Nakato R, Sakata T, Wang J, Nagai LAE, Oba GM, Bando M, Shirahige K.

[2022.5 | Exp Anim.](#)

The C-type lectin receptor Clec1A plays an important role in the development of experimental autoimmune encephalomyelitis by enhancing antigen presenting ability of dendritic cells and inducing inflammatory cytokine IL-17.

Makusheva Y, Chung SH, Akitsu A, Maeda N, Maruhashi T, Ye XQ, Kaifu T, Saijo S, Sun H, Han W, Tang C, Iwakura Y.

[2022.6 | Digestion.](#)

Oral Corticosteroids Impair Mucin Production and Alter the Posttransplantation Microbiota in the Gut.

Okafuji H, Iida N, Kitamura K, Seishima J, Wang Z, Yutani M, Yoshio T, Yamashita T, Sakai Y, Honda M, Yamashita T, Fujinaga Y, Shinkura R, Hamaguchi Y, Mizukoshi E, Kaneko S.

[2022.6 | PLoS One.](#)

Fusion with heat-resistant obscure (Hero) proteins have the potential to improve the molecular property of recombinant proteins.

Morimoto E, Tsuboyama K, Tomari Y.

[2022.6 | Nature.](#)

Structure of the Dicer-2-R2D2 heterodimer bound to a small RNA duplex.

Yamaguchi S, Naganuma M, Nishizawa T, Kusakizako T, Tomari Y, Nishimasu H, Nureki O.

[2022.6 | Nature.](#)

GTSF1 accelerates target RNA cleavage by PIWI-clade Argonaute proteins.

Arif A, Bailey S, Izumi N, Anzelon TA, Ozata DM, Andersson C, Gainetdinov I, MacRae IJ, Tomari Y, Zamore PD.

[2022.6 | Sci Adv.](#)

Cohesin-dependent chromosome loop extrusion is limited by transcription and stalled replication forks.

Jeppsson K, Sakata T, Nakato R, Milanova S, Shirahige K, Björkegren C.

[2022.6 | Nat Commun.](#)

Large-scale multi-omics analysis suggests specific roles for intragenic cohesin in transcriptional regulation.

Wang J, Bando M, Shirahige K, Nakato R.

[2022.6 | Genes Genet Syst.](#)

Sperm chromatin condensation: epigenetic mechanisms to compact the genome and spatiotemporal regulation from inside and outside the nucleus.

Okada Y.

[2022.6 | J Am Chem Soc.](#)

Structural Determination, Total Synthesis, and Biological Activity of Iezoside, a Highly Potent Ca²⁺-ATPase Inhibitor from the Marine Cyanobacterium Leptochromothrix valpauliae.

Kurisawa N, Iwasaki A, Teranuma K, Dan S, Toyoshima C, Hashimoto M, Suenaga K.

[2022.6 | FEBS Lett.](#)

Cryo-electron microscopy of Na⁺,K⁺-ATPase reveals how the extracellular gate locks in the E2·2K⁺ state.

Kanai R, Cornelius F, Vilsen B, Toyoshima C.

[2022.6 | iScience.](#)

Structural basis for binding diversity of acetyltransferase p300 to the nucleosome.

Hatazawa S, Liu J, Takizawa Y, Zandian M,

Negishi L, Kutateladze GT, Kurumizaka H.

2022.7 | Methods Mol Biol.

Revisiting the Glass Treatment for Single-Molecule Analysis of ncRNA Function.

Shen S, Naganuma M, Tomari Y, Tadakuma H.

2022.7 | Methods Mol Biol.

Method for Evaluating Effects of Non-coding RNAs on Nucleosome Stability.

Dacher M, Fujita R, Kujirai T, Kurumizaka H.

2022.7 | Nat Commun.

HSF1 phosphorylation establishes an active chromatin state via the TRRAP-TIP60 complex and promotes tumorigenesis.

Fujimoto M, Takii R, Matsumoto M, Okada M, Nakayama KI, Nakato R, Fujiki K, Shirahige K, Nakai A.

2022.7 | Int Immunol.

Pyruvate enhances oral tolerance via GPR31.

Liu Q, Umemoto E, Morita N, Kayama H, Baba Y, Kurosaki T, Okumura R, Takeda K.

2022.7 | Mol Biol Evol.

Evolution of Epidermal Growth Factor (EGF)-like and Zona Pellucida Domains Containing Shell Matrix Proteins in Mollusks.

Shimizu K, Takeuchi T, Negishi L, Kurumizaka H, Kuriyama I, Endo K, Suzuki M.

2022.8 | Genes Genet Syst.

Regulatory processes that maintain or alter ribosomal DNA stability during the repair of programmed DNA double-strand breaks.

Sasaki M, Kobayashi T.

2022.8 | Exp Mol Med.

Epigenetic regulator Cfp1 safeguards male meiotic progression by regulating

meiotic gene expression.

Ki BS, Shim SH, Park C, Yoo H, La H, Lee OH, Kwon Y, Skalnik DG, Okada Y, Yoon HG, Kim JH, Hong K, Choi Y.

2022.8 | Epigenomes.

R-Loop Formation in Meiosis: Roles in Meiotic Transcription-Associated DNA Damage.

Fujiwara Y, Handel MA, Okada Y.

2022.8 | Epigenomes.

Nucleosome Structures Built from Highly Divergent Histones: Parasites and Giant DNA Viruses.

Sato S, Dacher M, Kurumizaka H.

2022.8 | Biochim Biophys Acta-Genet Regul Mech.

Chromatin structure meets cryo-EM: Dynamic building blocks of the functional architecture.

Takizawa Y, Kurumizaka H.

2022.8 | Science.

Structural basis of nucleosome disassembly and reassembly by RNAPII elongation complex with FACT.

Ehara H, Kujirai T, Shirouzu M, Kurumizaka H, Sekine SI.

2022.8 | J Biochem.

Structural and biochemical analyses of the nucleosome containing Komagataella pastoris histones.

Fukushima Y, Hatazawa S, Hirai S, Kujirai T, Ehara H, Sekine SI, Takizawa Y, Kurumizaka H.

2022.8 | mBio.

Metalloproteinase-Dependent and TMPRSS2-Independent Cell Surface Entry Pathway of SARS-CoV-2 Requires the Furin Cleavage Site and the S2 Domain of Spike Protein.

Yamamoto M, Gohda J, Kobayashi A, Tomita K, Hirayama Y, Koshikawa N, Seiki M, Semba K, Akiyama T, Kawaguchi Y, Inoue

JL.

2022.8 | Comp Biochem Physiol Part D Genomics Proteomics.

Evolution of nacre- and prisms-related shell matrix proteins in the pen shell, Atrina pectinata.

Shimizu K, Negishi L, Ito T, Touma S, Matsumoto T, Awaji M, Kurumizaka H, Yoshitake K, Kinoshita S, Asakawa S, Suzuki M.

2022.9 | Nucleic Acids Res.

CohesinDB: a comprehensive database for decoding cohesin-related epigenomes, 3D genomes and transcriptomes in human cells.

Wang J, Nakato R.

2022.9 | Methods Mol Biol.

Co-culture model for hepatitis B virus infection using iPSC-derived liver progenitor cells and liver sinusoidal endothelial cells.

Himeno M, Chen SW, Kido T.

2022.9 | Methods Mol Biol.

Solubilization of Mouse Sperm Chromatin for Sequencing Analyses Using a Chaperon Protein.

Fukuda Y, Shintomi K, Yamaguchi K, Fujiwara Y, Okada Y.

2022.9 | PNAS Nexus.

Structural basis for p53 binding to its nucleosomal target DNA sequence.

Nishimura M, Takizawa Y, Nozawa K, Kurumizaka H.

2022.10 | Blood Adv.

EV11 exerts distinct roles in AML via ERG and cyclin D1 promoting a chemoresistant and immune-suppressive environment.

Masamoto Y, Chiba A, Mizuno H, Hino T, Hayashida H, Sato T, Bando M, Shirahige K, Kurokawa M.

2022.11 | RNA.

The two Gtsf paralogs in silkworms orthogonally activate their partner PIWI proteins for target cleavage.

Izumi N, Shoji K, Kiuchi T, Katsuma S, Tomari Y.

2022.11 | Front Genet.

Suppression of endogenous retroviral enhancers in mouse embryos derived from somatic cell nuclear transfer.

Shikata D, Matoba S, Hada M, Sakashita S, Inoue K, Ogura A.

2022.11 | Proc Natl Acad Sci USA.

Cryo-electron microscopy structure of the H3-H4 octasome: A nucleosome-like particle without histones H2A and H2B.

Nozawa K, Takizawa Y, Pierrakeas L, Sogawa-Fujiwara C, Saikusa K, Akashi S, Luk E, Kurumizaka H.

2022.11 | Nucleic Acids Res.

Mod(mdg4) variants repress telomeric retrotransposon HeT-A by blocking subtelomeric enhancers.

Takeuchi C, Yokoshi M, Kondo S, Shibuya A, Saito K, Fukaya T, Siomi H, Iwasaki YW.

2022.11 | Drug Delivery System.

腸内細菌制御に向けた経口投与型抗体医薬の開発

新藏礼子

2022.11 | Nat Commun.

Structural basis of RNA polymerase II transcription on the chromatosome containing linker histone H1.

Hirano R, Ehara H, Kujirai T, Uejima T, Takizawa Y, Sekine SI, Kurumizaka H.

2022.12 | Nucleic Acids Res.

The mechanisms of siRNA selection by plant Argonaute proteins triggering DNA methylation.

Liu W, Shoji K, Naganuma M, Tomari Y, Iwakawa HO.

2022.12 | FASEB J.

UTX deficiency in neural stem/progenitor cells results in impaired neural development, fetal ventriculomegaly, and postnatal death.

Koizumi M, Eto H, Saeki M, Seki M, Fukushima T, Mukai S, Ide H, Sera Y, Iwasaki M, Suzuki Y, Tohei A, Kishi Y, Honda H.

2022.12 | bioRxiv.

Age-associated reduction of nuclear shape dynamics in excitatory neurons of the visual cortex.

Frey T, Murakami T, Maki K, Kawaue T, Sugai A, Nakazawa N, Adachi T, Kengaku M, Ohki K, Gotoh Y, Kishi Y.

2022.12 | Proc Natl Acad Sci USA.

Robotic data acquisition with deep learning enables cell image-based prediction of transcriptomic phenotypes.

Jin J, Ogawa T, Hojo N, Kryukov K, Shimizu K, Ikawa T, Imanishi T, Okazaki T, Shiroguchi K

2023.1 | Cell Rep.

Spt4 promotes cellular senescence by activating non-coding RNA transcription in ribosomal RNA gene clusters.

Yokoyama M, Sasaki M, Kobayashi T.

2023.1 | 腸内細菌学会誌

腸管免疫細胞による腸内共生細菌・病原性細菌制御機構

森田直樹、新藏礼子

2023.1 | FEBS Open Bio.

The cryo-EM structure of full-length RAD52 protein contains an undecameric ring.

Kinoshita C, Takizawa Y, Saotome M, Ogino S, Kurumizaka H, Kagawa W.

2023.2 | J Gene Med.

Evaluation of CRISPR/Cas9 exon-skipping vector for choroideremia using human induced pluripotent stem cell-

derived RPE.

Iwagawa T, Masumoto H, Tabuchi H, Tani K, Conklin BR, Watanabe S.

2023.2 | PLoS Genet.

The piRNA cluster torimochi is an expanding transposon in cultured silkworm cells.

Shoji K, Umemura Y, Katsuma S, Tomari Y.

2023.2 | Nat Rev Mol Cell Biol.

Regulation of ribosomal RNA gene copy number, transcription and nucleolus organization in eukaryotes.

Hori Y, Engel C, Kobayashi T.

2023.2 | bioRxiv.

Stable sound decoding despite modulated sound representation in the auditory cortex.

Funamizu A, Marbach F, Zador AM.

2023.2 | Nano Lett.

High-Speed Atomic Force Microscopy Reveals Spontaneous Nucleosome Sliding of H2A.Z at the Subsecond Time Scale.

Morioka S, Sato S, Horikoshi N, Kujirai T, Tomita T, Baba Y, Kakuta T, Ogoshi T, Puppulin L, Sumino A, Umeda K, Kodera N, Kurumizaka H, Shibata M.

2023.2 | Nat Commun.

Dynamic interplay between non-coding enhancer transcription and gene activity in development.

Hamamoto K, Umemura Y, Makino S, Fukaya T.

2023.3 | Genes Genet Syst.

Changed life course upon defective replication of ribosomal RNA genes.

Hattori M, Horigome C, Aspert T, Charvin G, Kobayashi T.

2023.3 | Stem Cells.

Transient Methionine Deprivation Triggers Histone Modification and

Potentiates Differentiation of Induced Pluripotent Stem Cells.

Ozawa H, Kambe A, Hibi K, Murakami S, Oikawa A, Handa T, Fujiki K, Nakato R, Shirahige K, Kimura H, Shiraki N, Kume S.

2023.3 | Hepatol Res.

Transcriptomic and proteomic studies suggest the establishment of advanced zonation-like profiles in human-induced pluripotent stem cell-derived liver sinusoidal endothelial cells and carboxypeptidase M-positive liver progenitor cells cocultured in a fluid

Danoy M, Poulain S, Jellali R, Scheidecker B, Tauran Y, Leduc M, Bruce J, Kim SH, Kido T, Miyajima A, Sakai Y, Leclerc E.

2023.3 | bioRxiv.

A simple method for gene expression in endo- and ectodermal cells in mouse embryos before neural tube closure.

Kishi Y, Maeda Y, Kuwayama N, Gotoh Y.

Others

magazines, newspapers, etc.

2022.4 | 実験医学

長鎖シーケンサーで判明したヒト rDNA の真の姿

堀優太郎、嶋本顕、小林武彦

2022.5 | 臨床免疫・アレルギー科

PD-1 は抗原親和性の低い T 細胞の活性化を選択的に抑制する

清水謙次、岡崎拓

2022.7 | 実験医学

PD-1 の機能制限解除による自己免疫疾患の治療

杉浦大祐、岡崎拓

2022.8 | 実験医学

クロマチンにおける転写機構の新たな知見

鯨井智也、胡桃坂仁志

2022.9 | 実験医学

免疫チェックポイント分子と自己免疫

岡崎一美、岡崎拓

2022.12 | 実験医学

免疫チェックポイント阻害剤の作用メカニズム

丸橋拓海、杉浦大祐、岡崎拓

2022.12 | Wedge

天才たちの雑談 健康の鍵握る体内の「ゴミ掃除」

新藏礼子を含む東大教員の座談会（合田圭介 × 富田泰輔 × 新藏礼子 × 加藤真平 × 瀧口友里奈）

2023.1 | Wedge

天才たちの雑談（アンコール）さらば昭和モデル

新藏礼子を含む東大教員の座談会（加藤真平 × 新藏礼子 × 瀧口友里奈 × 合田圭介 × 江崎浩）

2023.1 | クライオ電子顕微鏡ハンドブック

クロマチン転写伸長超複合体の構造解析

鯨井智也、胡桃坂仁志

Awards and Honours

受賞

2022.4 | 文部科学省令和4年度科学技術分野の文部科学大臣表彰 若手科学者賞

「クロマチンによる生体内反応制御に関する構造生物学研究」

鯨井 智也

(クロマチン構造機能研究分野・助教)

2022.6 | WINGS-LST 全体会議 2022 Outstanding Poster Award of the 2022 WINGS-LST/SPRING-GX general meeting

福島 友太郎

(クロマチン構造機能研究分野・大学院生)

2022.6 | 東京大学 生命科学ネットワーク第21回東京大学生命科学 シンポジウム 優秀ポスター賞

「クロマチン転写におけるヒストンバリエーションの影響についての生化学的解析」

赤津 綜隆

(クロマチン構造機能研究分野・大学院生)

2022.6 | 日本神経科学学会 国内 Travel Award

黄 子彦

(行動神経科学研究分野・大学院生)

2022.7 | 第23回日本RNA学会年会 ベストプレゼンテーション 賞

浜本 航多

(遺伝子発現ダイナミクス研究分野・大学院生)

2022.7 | 日本神経科学学会ジュニア研究者ポスター賞

「死を認識する神経メカニズム」

伊藤 広朗

(行動神経科学研究分野・大学院生)

2022.9 | 日本遺伝学会日本遺伝学会誌優秀論文賞

「Establishment of an “in saccharo” experimental system」

飯田 哲史

(ゲノム再生研究分野・助教)

小林 武彦

(ゲノム再生研究分野・教授)

2022.9 | 日本行動神経内分泌研究会最優秀発表賞

「特定の相手を嫌いになる神経メカニズムの解析」

須藤 成俊

(行動神経科学研究分野・大学院生)

2022.9 | Keystone Symposia on Neurocircuitry of Social Behavior Keystone Symposia Scholarship

黄 子彦

(行動神経科学研究分野・大学院生)

2022.9 | FASEB Science Research Conference, The Transcription, Chromatin, and Epigenetics in Aging Conference BEST POSTER CERTIFICATE

「Alterations in transcriptome and chromatin accessibility of neuronal subtypes in aged hippocampus」

Merve Bilgic

(分子神経生物学研究分野・特任研究員)

2022.9 | 日本生物物理学会日本生物物理学会若手奨励賞

「microRNAの機能発現を1細胞1分子レベルで可視化する新規技術の開発」

小林 穂高

(RNA機能研究分野・特任講師 / さきがけ専任研究員)

2022.9 | 日本生物物理学会国際純粋応用生物物理学連合 IUPAB award

「microRNAの機能発現を1細胞1分子レベルで可視化する新規技術の開発」

小林 穂高

(RNA機能研究分野・特任講師 / さきがけ専任研究員)

2022.11 | 令和4年度新学術・学術変革領域A合同「若手の会 2022」優秀発表賞

「転写反応場の形成を介した遺伝子発現の時空間制御」

川崎 洸司

(遺伝子発現ダイナミクス研究分野・日本学術振興会 特別研究員 (PD))

2022.11 | 令和4年度新学術・学術変革領域A合同「若手の会 2022」優秀発表賞

「ショウジョウバエ初期胚におけるライブイメージングを用いた内在遺伝子の転写伸長動態の可視化」

梅村 悠介

(遺伝子発現ダイナミクス研究分野・大学院生)

2022.11 | 令和4年度新学術・学術変革領域A合同「若手の会2022」優秀発表賞

「ヒストンアセチル化酵素 p300 のヌクレオソーム結合様式」
畠澤 卓
(クロマチン構造機能研究分野・特任研究員)

2022.11 | 令和4年度新学術・学術変革領域A合同「若手の会2022」優秀発表賞

「ヒストンバリエーションによるクロマチン転写の制御機構」
赤津 綜隆
(クロマチン構造機能研究分野・大学院生)

2022.11 | 令和4年度新学術・学術変革領域A合同「若手の会2022」優秀発表賞

「ヌクレオソームにおけるヒストンN末端テールの機能」
大石 匠美
(クロマチン構造機能研究分野・大学院生)

2022.11 | 令和4年度新学術・学術変革領域A合同「若手の会2022」優秀発表賞

「老化脳におけるエピジェネティック・遺伝子発現の単一細胞プロファイルで明らかにするミクログリアの不均一性」
菅井 彩香
(分子神経生物学研究分野・大学院生)

2022.12 | 第29回日本時間生物学会学術大会優秀ポスター賞

「ショウジョウバエ初期胚における転写バーストに見られる周期性の解析」
川崎 洸司
(遺伝子発現ダイナミクス研究分野・特別研究員)

2022.12 | 日本免疫学会ベストポスター賞

「Stable pMHCII serves as the ligand of LAG-3 to trigger its inhibitory function」
丸橋 拓海
(分子免疫学研究分野・助教)

2022.12 | 第45回日本分子生物学会年会 MBSJ2022 Science Pitch Award

「ショウジョウバエ初期胚におけるライブイメージングを用いた内在遺伝子の転写伸長動態の可視化」
梅村 悠介
(遺伝子発現ダイナミクス研究分野・大学院生)

2022.12 | 第45回日本分子生物学会年会事務局 MBSJ2022 Science Pitch Award ピッチセミナー賞

「クロマチン結合因子 DEK の構造とクロマチン制御機構」
鯨井 智也

(クロマチン構造機能研究分野・助教)

2022.12 | 第45回日本分子生物学会年会事務局 MBSJ2022 Science Pitch Award ピッチセミナー賞

「転写共役修復における RNA ポリメラーゼ II -ヌクレオソーム複合体の構造ダイナミクス」
大角 健
(クロマチン構造機能研究分野・大学院生)

2023.3 | 公益財団法人上原記念生命科学財団上原賞

「ゲノム機能発現におけるクロマチンの構造基盤の解明」
胡桃坂 仁志
(クロマチン構造機能研究分野・教授)

2023.3 | 第16回神経発生討論会優秀発表賞

「Analysis of complex brain development by single-cell transcriptome profiling of ferret neural progenitors」
Merve Bilgic
(分子神経生物学研究分野・特任研究員)

Seminars and Symposiums

セミナー・シンポジウム

IQB Seminar

2022.5.26 | 定量研セミナー

"A redefined vision of the architecture of chromatin in the genomes of eukaryote"

Frederic Berger (Gregor Mendel Institute of Molecular Plant Biology • Senior Group Leader)

2022.7.7 | 定量研セミナー

"Anomalous visual processing in the early visual system of autism model mice"

浅利 宏紀 (Epigenetics and Neurobiology Unit, EMBL Rome • Group leader)

2022.7.19 | 定量研セミナー

"Structural basis of genome folding and its functions in gene regulation and epigenetic inheritance"

Guohong Li (Chinese Academy of Sciences • Principal Investigator)

2022.8.19 | 定量研セミナー

"A distributed and efficient population code of mixed selectivity neurons for flexible navigation decisions (ナビゲーション中の柔軟な意思決定を支える神経基盤)"

吉良 信一郎 (Harvard Medical School • Postdoctoral Fellow)

2022.9.7 | 定量研セミナー

"Step into the dance of histone variants on chromatin"

Geneviève Almouzni (Research center of Institut Curie • CNRS Director/ Team Leader)

2022.9.13 | 定量研セミナー

" 生体における MED1/Mediator の構造と機能の関係 "

伊藤 慶一 (The Rockefeller University • Research Associate)

2022.9.15 | 定量研セミナー

"RNA を基盤とする生命システムの制御と創成 "

齊藤 博英 (京都大学 • 教授)

2022.10.20 | 定量研セミナー

"TLoop-extruding Smc5/6 organizes transcription-induced

positive DNA supercoils"

Camilla Björkegren (Karolinska Institutet • Professor)

2022.11.25 | 定量研セミナー

"Toward sub-nanometer-resolution analysis of chromatin structure and function"

Hironori Funabiki (The Rockefeller University • Tri-Institutional Professor, Head of Laboratory)

2022.12.8 | 定量研セミナー

"Large-scale mapping of genetic networks in yeast and human cells"

Charles Boone (University of Toronto • Professor / Principal Investigator)

2023.1.5 | 定量研セミナー

"Tales of TopoII α tail in mitosis : Molecular functions of C-terminal domain of TopoII on chromosome segregation"

Yoshiaki Azuma (Department of Molecular Biosciences, University of Kansas • Professor)

2023.1.13 | 定量研セミナー

"Structural insights into how pioneer factors recognize the nucleosomes of their in vivo targets"

Yawen Bai (Laboratory of Biochemistry and Molecular Biology, Center for Cancer Research, National Cancer Institute, National Institutes of Health • Senior Investigator)

2023.3.5 | 定量研セミナー

" 遺伝性自己免疫疾患の原因遺伝子 Aire の機能解析 "

松本 満 (徳島大学先端酵素学研究所 • 教授)

2023.3.28 | 定量研セミナー

"Genetic control of the pluripotency epigenome determines differentiation bias in mouse embryonic stem cells"

Christopher Baker (The Jackson Laboratory • Assistant professor / PI)

Outreach

アウトリーチ活動

UTokyo Open Campus

2022.8.3 | 東京大学オープンキャンパス 2022

「精子の DNA 収納術」

岡田 由紀（病態発生制御研究分野・教授）

2023.3.27 | 東大の研究室をのぞいてみよう！～多様な学生を東大に～プログラム

「エピジェネティクスに関する講義・議論」

胡桃坂 仁志（クロマチン構造機能研究分野・教授）

Official Events

2022.7.13 | 第 3 回 IQB Public Lecture

「老化研究最前線」

小林 武彦（ゲノム再生研究分野・教授）

ヒトは年齢を重ねると例外なく老化していきます。

ヒトだけでなく全ての生きものは、程度の差こそあれ、同じように老化を経験し最終的に死んでいきます。

ではこの「老化」というのはなぜ起こるのでしょうか？

そして生き物はなぜ死ななければならないのでしょうか？

老化研究の最前線を紹介します。

アーカイブ動画（定量研 YouTube チャンネル）



Jp

Laboratory Tour

2022.6.20 | 静岡県立韮山高校

ゲノム再生研究分野

2022.7.12 | 岡山朝日高校

ゲノム情報解析研究分野

2022.11.9 | 立命館守山中学校・高等学校

病態発生制御研究分野

2022.12.2 | 興譲館高等学校

ゲノム情報解析研究分野

2022.12.17 | 埼玉県立所沢北高校

分子神経生物学研究分野

Internal Events

所内行事

Research Ethics Seminar

2022.10 | 第1回 研究倫理セミナー

「研究不正について」

須谷 尚史（ゲノム情報解析研究分野・准教授）

「安全と衛生を確保した快適な研究環境を目指して」

谷内出 友美（環境安全衛生部門・准教授）

2023.3 | 第2回 研究倫理セミナー

「情報セキュリティについて」

「研究倫理について」

須谷 尚史（ゲノム情報解析研究分野・准教授）

Students Support Office

2022.7.28 | 第1回 学生交流会（ポスター発表）

クロマチン構造機能研究分野

免疫・感染制御研究分野

RNA 機能研究分野

遺伝子発現ダイナミクス研究分野

ゲノム再生研究分野

大規模生命情報解析研究分野

分子免疫学研究分野

幹細胞制御研究分野

神経計算研究分野

行動神経科学研究分野

ゲノム情報解析研究分野

病態発生制御研究分野

分子神経生物学研究分野

2022.9.29 | 第2回 学生交流会（研究・キャリアセミナー）

Alexis Vandenbon（京都大学准教授）

2022.10.27 | 第3回 学生交流会（研究・キャリアセミナー）

Camilla Björkegren（Karolinska Institutet・Professor）

2022.11.10 | 第4回 学生交流会（研究・キャリアセミナー）

Simon Thomas Kelly（株式会社 H.U. グループ・Ph.D./
Bioinformatician）

2022.12.8 | 第5回 学生交流会（研究・キャリアセミナー）

苅郷 友美（Kennedy Krieger Institute・Assistant professor）

2022.12.15 | 第6回 学生交流会（研究・キャリアセミナー）

相田 知海（McGovern Institute・Research Scientist）

2023.1.26 | 第7回 学生交流会（ポスター発表）

クロマチン構造機能研究分野

免疫・感染制御研究分野

RNA 機能研究分野

遺伝子発現ダイナミクス研究分野

ゲノム再生研究分野

大規模生命情報解析研究分野

分子免疫学研究分野

神経計算研究分野

行動神経科学研究分野

ゲノム情報解析研究分野

病態発生制御研究分野

分子神経生物学研究分野

2023.2.6 | IQB Career Seminar

"What happens if...? - Perspectives on a career in science."

Rodney Rothstein（Columbia University Medical Center・
Professor）

2023.2.7 | IQB Career Seminar

"From Quarks to Chromosomes"

Frank Uhlmann（The Francis Crick Institute・Professor）

2023.2.7 | IQB Career Seminar

"A life in science: Fail, fail and try again. Try harder and
succeed."

Susan Gasser（Fondation ISREC/University of Lausanne・
Professor/Director）

Advisory Council

外部評価

外部委員会として著名な外国人研究者、日本人研究者からなる「IQB Advisory Council」を設置し、2023年2月6日―8日に委員会を開催した。研究所の組織運営や人材育成のあり方について、意見交換やアドバイスを受けた。具体的には、研究所全体として、①テニユアトラックのシステム、②ジェンダーバランス、③研究室単位での孤立を防ぐ内部交流、④本館改修、⑤国際交流、⑥事務部と研究室の連携、⑦リーダーシップ、の各項目における評価をいただき、PIには、研究やラボ運営に係る評価をいただいた。

2022 年度委員

荒木 弘之（情報・システム研究機構データサイエンス共同利用基盤施設・特任教授）

仲野 徹（大阪大学大学院・教授）

平野 達也（理化学研究所・主任研究員）

Frank Uhlman（フランス・クリック研究所・グループリーダー）

Joshua Patrick Johansen（理化学研究所・チームリーダー）

Nicholas M. Luscombe（沖縄科学技術大学院大学・教授）

Rodney Rothstein（コロンビア大学・教授）

Susan M. Gasser（University of Lausanne、ISREC 財団研究所・所長）

2022 年度評価

The Scientific Advisory Council (SAC) of the Institute for Quantitative Biosciences (IQB) at the University of Tokyo met from 6th to 8th of February 2023. The SAC interviewed seven PIs, five of which were carefully reviewed for their achievement and proposed future directions, the other two introduced themselves and their research to us as newcomers. The review for each PI is attached separately. We also discussed the following points for further development of the IQB.

Overall, the SAC was impressed with the innovations introduced into the institute's organization and the efforts made to develop international collaborations.

Tenure track system at IQB

The IQB has a tenure track system, into which many talented young researchers have been recruited. Although the tenure track system operates quite well, the SAC has two recommendations. Firstly, regarding tenure decisions on existing researchers, we recommend that reference letters from the peers of tenure candidates are solicited, and taken into account

during the decision making process. Reference letters are very helpful because a researcher's international reputation is one of the important points that reflects the candidate's potential to achieve original studies and to lead his/her field. Secondly, when it comes to new recruitments into the tenure track system, we note that IQB has made some scientifically excellent choices, but also some that appear unduly influenced by local university pressures. To fulfill IQB's internationally competitive aspirations, scientific must be the dominant recruitment criterion.

Gender balance

The SAC recommends that IQB continues to survey and act to improve gender balance at the institute. Although it is commendable that the gender balance among researchers and students at IQB is better than the average across the University of Tokyo, the percentage of female researchers and students is still approximately only 30% (and is even lower when considering principle investigators).

Increase interactions

The SAC met young and senior scientists as well as graduate students and post-docs. Formerly, the IQB organized events for the young people to promote interactions. However, mainly because of COVID-19 measures, such meetings have not been held recently. Now as Japan recovers from the pandemic, the SAC highly recommends reinstating both scientific exchange and social interactions amongst junior researchers. Our conversations with junior researchers revealed that they are keen to know what other labs study and how they approach their problems. To promote these interactions, it would be useful to have institute-wide regular talks by the PI's and permanent senior researchers from each lab. In addition, the SAC suggests that IQB organize a scientific retreat to create additional opportunities for interactions, as well as a time for general discussions on the future directions of the IQB.

Refurbishment of the 'Old Building'

The SAC is pleased to learn that a refurbishment of the historic 'Old Building' will start this year. As stated last time, we hope that the renovation and subsequent lab reorganization will foster interactions as well as promote mentoring and the exchange

of best practice in laboratory techniques and management. We encourage the IQB to try to recover the promised lab space from the Department of Agriculture. Furthermore, the SAC recommends a reorganization of IQB labs amongst the three buildings to foster interactions and mentoring.

Collaborations with foreign institutions

The IQB has now established labs in the Karolinska Institute in collaboration with members of both Institutes. The IQB plans to expand this system to other foreign institutes. This strategy is promising for the further development of IQB internationally as well as within the University of Tokyo. The SAC strongly supports these collaborations and encourages this development. To achieve success in these ventures, strong IQB leadership will be required.

Collaboration with administrative staff

The administrative team presented the current situation and their ideas for future directions to the SAC in English. The SAC admires their efforts to improve their relationship with the researchers within IQB. We also understand some of the problems; for example, the University policy of compulsory rotation of the staff sometimes prohibits the IQB from keeping some well-trained and specialized administrative persons.

Strong leadership

Since its founding, the IQB has changed and developed quickly as a result of the strong leadership of the current director. Considering that expansion of the institute is still on-going, the SAC recommends that the current director continue and serve a third three-year term. In the future, the SAC suggests a change in the Institutional bylaws to allow appointment to the directorship for up to two consecutive terms of 4 or 5 years, as opposed to the three-year term limits currently in place.

The Annual Report 2022
IQB
Institute for
Quantitative Biosciences
The University of Tokyo

Supervisor:
Katsuhiko Shirahige (Ph.D.), IQB
Supervisor /
Conceptual Designer:
Yuri Nakagawa (Ph.D.), IQB
Editorial Assistant:
Ami Iizuka
Yukari Iikura

Design:
Chikayuki Ogino,
Most™/ Mostdesign inc.

Photography:
Ryuzo Tanabe
Kunitoshi Takizawa

Published by:
General Affairs Team
IQB, Institute for
Quantitative Biosciences
The University of Tokyo

1-1-1, Yayoi, Bunkyo-ku,
Tokyo, Japan

Contact:
soumu@iqb.u-tokyo.ac.jp

©2025 IQB, Institute for
Quantitative Bioscience

