

IQB

THE ANNUAL REPORT 2019



INSTITUTE FOR
QUANTITATIVE BIOSCIENCES
THE UNIVERSITY OF TOKYO

Table of Contents

I	目次
4	2019年度 IQBハイライト
6	組織図
8	構成員内訳
9	財務状況
10	プレスリリース
18	受賞
19	発表論文
24	セミナー・シンポジウム
27	アウトリーチ活動
28	その他の活動
29	外部評価
30	ギャラリー

Transforming quantitative experimentation



into biological insight.



IQB Highlights 2019

External Fund

(B: Billion)

Acquired Amount

¥ **1.36** [↑] B

Diversity

Female Researchers

27 %

International Members
(Countries & Regions)

13 [↑] % (10)

Collaborative Research

Country of the research group
conducting collaborative research
with IQB

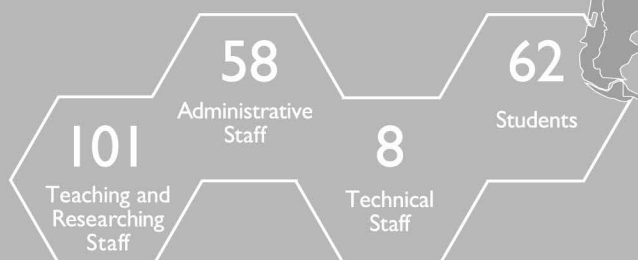
CANADA
CHINA
FRANCE
KOREA
NETHERLANDS
SPAIN
SWEDEN
UK
USA



Members

Laboratories

26



3 Laboratories
Joined in FY2019

- Computational Genomics
- Molecular Immunology
- Neural Computation

Achievement

Publications

67[↑] (7.5)
Impact Factor avg.

Awards

17

Press releases

13[↑]



Research Groups

114[↑]

International 26
Domestic 88

Official Event * Hosted by IQB

Seminars & Symposiums

29

Open Campus & Laboratory Tour

12

Science Cafe & Science School

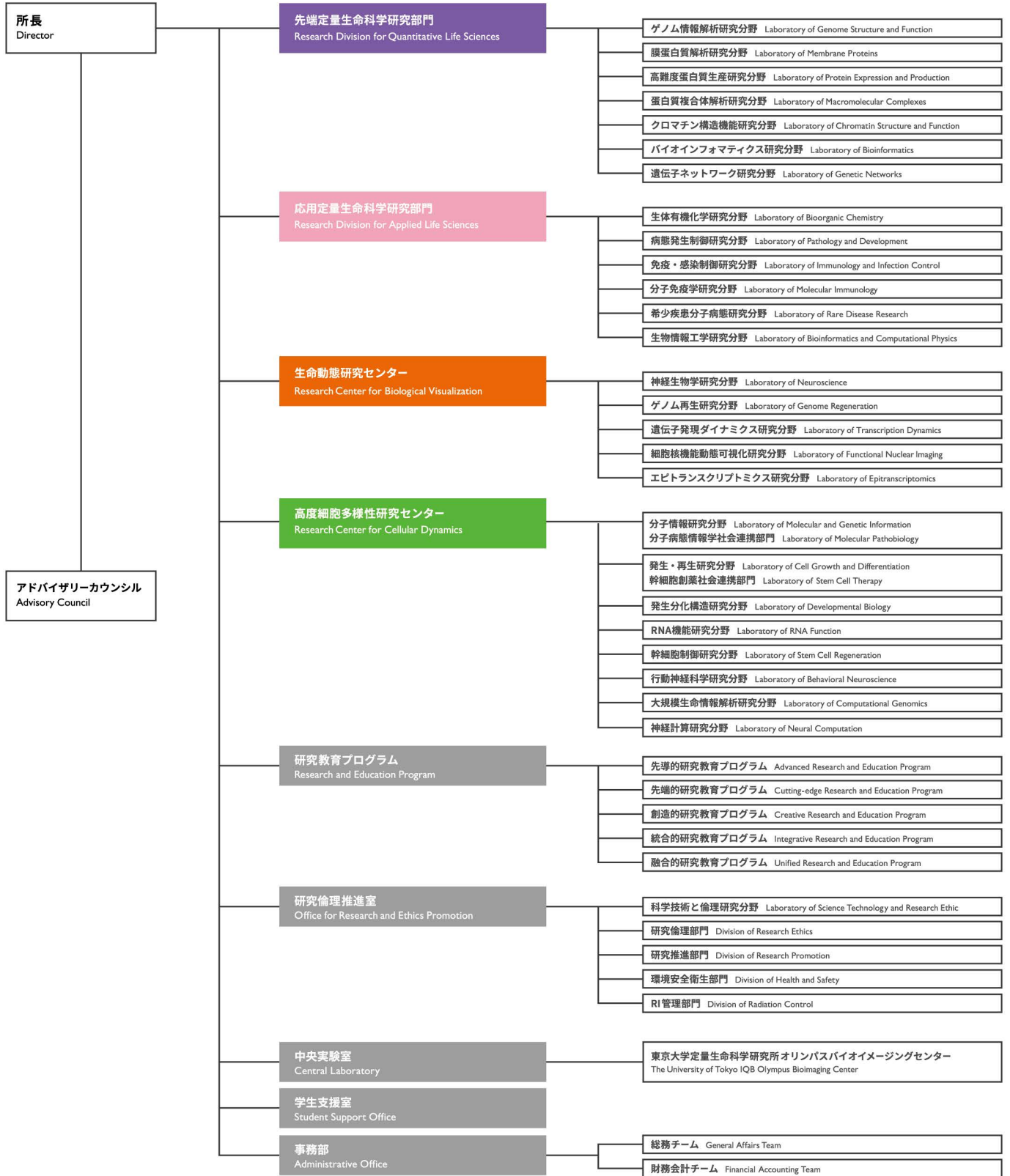
3

Organization Chart

組織図



Institute for Quantitative Biosciences



Number of Staff Members

構成員内訳

職員

Academic and Administrative Staff

	男(外) Men	女(外) Women	計 Total
教授 Professors	8	2	10
准教授 Associate Professors	3	2	5
講師 Lecturers	5	0	5
助教 Research Associates	19	5	24
技術職員 Technical Support Staff	0	8	8
事務職員 Administrative Staff	7	7	14
小計 Total	42	24	66

特定有期雇用教職員

Fixed-term Academic and Administrative Staff

	男(外) Men	女(外) Women	計 Total
特任准教授 Project Associate Professors	1	0	1
特任助教 Project Research Associate/ Project Assistant Professors	6	2	8
特任研究員 Project Academic Support Specialists	7	6 (1)	13 (1)
学術支援専門職員 Research Associates	0	1	1
学術支援職員 Project Academic Support Staff	0	9	9
小計 Total	14	18 (1)	32 (1)

研究員 Research Fellows

	男(外) Men	女(外) Women	計 Total
日本学術振興会特別研究員 (DC) JSPS Research Fellowship for Young Scientists	3	1	4
日本学術振興会特別研究員 (PD) JSPS Research Fellowship for Young Scientists	2	1 (1)	3 (1)
共同研究員 Collaborative Researchers	5	3	8
協力研究員 Researchers for Collaborate Research	4 (1)	4	8 (1)
博士研究員 Post Doctoral Fellows	1	1	2
外国人研究員 Foreign Researchers	2 (1)	1 (1)	3 (2)
小計 Total	17 (2)	11 (2)	28 (4)

その他教員 Others

(兼務教員・委嘱教員・客員教員・非常勤講師)

	男(外) Men	女(外) Women	計 Total
教授 (兼務) Professors	2	0	2
准教授 (兼務) Associate Professors	1	0	1
教授 (委嘱) Professors	2	0	2
准教授 (委嘱) Associate Professors	1	0	1
客員教授 Visiting Professors	2 (1)	0	2 (1)
客員准教授 Visiting Associate Professors	3	0	3
非常勤講師 Part-time Lecturers	0	0	0
小計 Total	11 (1)	0	11 (1)

(特定) 短時間勤務有期雇用教職員

Fixed-term Part-time Staff

	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	12 (1)	22	34 (1)

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

	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 Science	4 (1)	3 (1)	11 (2)	2 (1)	0	0	20 (5)
新領域創成科学 Frontier Sciences	7 (4)	2	7 (4)	7 (3)	0	1 (1)	24 (12)
薬学系 Pharmaceutical Sciences	1	0	2	0	0	0	3
農学生命科学 Agricultural and Life Sciences	0	0	0	1	0	0	1
総合文化 Arts & Sciences	1	2 (1)	1	4 (2)	0	0	8 (3)
医学系 Medicine	2 (1)	1	1 (1)	1	0	0	5 (2)
その他 Others	0	0	0	0	1	0	1
小計 Total	15 (6)	8 (2)	22 (7)	15 (6)	1	1 (1)	62 (22)

※括弧内は外国籍の方の人数 (内数)

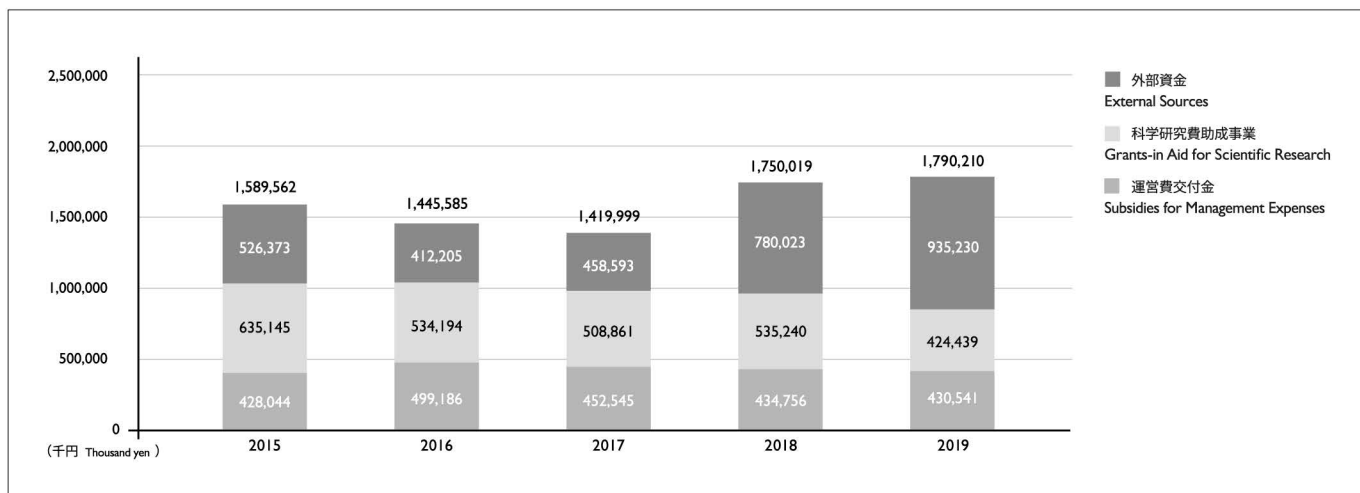
Budgets

財務状況

施設の状況 Facility Area

建物延面積 Building Extension Area	12,800 m ²
定量生命科学研究本館 Main Building	
総合研究棟 General Research Building	
生命科学総合研究棟 Life Sciences Research Building	
生命科学総合研究棟B Life Sciences Research Building, B	

収入 Income



科学研究費助成事業 (2019年度) Income from Grants-in-Aid for Scientific Research in Fiscal Year 2019

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	8	165,360
基盤研究 (S) Scientific Research (S)	1	51,350
基盤研究 (A) Scientific Research (A)	6	78,767
基盤研究 (B) Scientific Research (B)	7	34,517
基盤研究 (C) Scientific Research (C)	13	19,240
挑戦的研究 (開拓) Challenging Research (Pioneering)	1	8,580
挑戦的研究 (萌芽) Challenging Research (Exploratory)	4	9,937
若手研究 Early-Career Scientists	11	20,257
若手研究 (B) Young Scientists (B)	3	3,770
研究活動スタート支援 Research Activity start-up	4	5,720
特別研究員奨励費 JSPS Fellows	7	10,560
国際共同研究加速基金 Fund for the Promotion of Joint International Research	1	16,380
合計 Total	66	424,439

外部資金 (2019年度) Income from External Sources in Fiscal Year 2019

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	21	130,275
受託研究 Contract Research	20	546,748
機関補助金 Grant-in-Aid	7	184,080
寄附金 Donations	26	74,127
合計 Total	74	935,230

Press releases

プレスリリース

クロマチン構造機能研究分野

紫外線により染色体DNAに発生した損傷を検出するメカニズムを解明

胡桃坂 仁志（クロマチン構造機能研究分野・教授）

Nature

論文タイトル：DNA damage detection in nucleosomes involves DNA register shifting

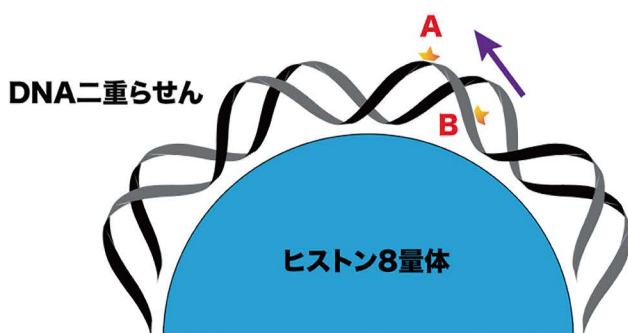
著者：Syota Matsumoto, Simone Cavadini, Richard D. Bunker, Ralph S. Grand, Alessandro Potenza, Julius Rabl, Junpei Yamamoto, Andreas D. Schenk, Dirk Schübeler, Shigenori Iwai, Kaoru Sugasawa, Hitoshi Kurumizaka, Nicolas H. Thomä

DOI番号：10.1038/s41586-019-1259-3

掲載：http://www.iam.u-tokyo.ac.jp/pressrelease/190530/

神戸大学バイオシグナル総合研究センターの菅澤 薫 教授、東京大学定量生命科学研究科クロマチン構造機能研究分野の胡桃坂 仁志 教授、大阪大学大学院基礎工学研究科の岩井 成憲 教授らは、スイスのフリードリッヒ・ミーシャー生物医学研究所等との共同研究で、細胞内で染色体構造を取ったゲノムDNAが紫外線によって損傷を受けたとき、この損傷を効率良く検出して修復を開始するしくみを分子レベルで解明しました。

今後、DNA損傷の速やかな修復を可能にする染色体構造の動的な変化とその制御機構に関する理解が進み、紫外線に対する防護や皮膚がんの抑制などへの応用につながるものが期待されます。



ゲノム再生研究分野



「老化と若返りの鍵を握る遺伝子」は、自ら病院を訪れ、治療を受ける～リボソームRNA遺伝子の核膜孔への移動を発見～

堀籠 智洋（ゲノム再生研究分野・助教）

大木 孝将（ゲノム再生研究分野・大学院生）

小林 武彦（ゲノム再生研究分野・教授）

PLOS Genetics

論文タイトル：Ribosomal RNA gene repeats associate with the nuclear pore complex for maintenance after DNA damage

著者：*Chihiro Horigome, *Eri Unozawa, Takamasa Ooki, Takehiko Kobayashi (* equal contribution)

DOI番号：10.1371/journal.pgen.1008103

掲載：http://www.iam.u-tokyo.ac.jp/news/20190524/

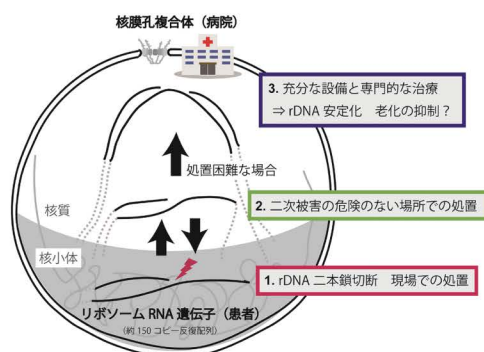
発表のポイント：

□ DNA二本鎖切断を受けたリボソームRNA遺伝子（rDNA）が、核内を移動して核膜孔と結合することにより安定に維持されていることを明らかにしました。□ 損傷を受けたrDNAが修復される場所まで自らダイナミックに移動することを示した、考え方を大きく転換させる発見です（動的rDNAモデル）。□ rDNAの安定化は細胞の老化を抑制することが知られており、本研究結果が細胞老化と若返りの機構解明に寄与することが期待されます。

地球上のすべての生物が持つリボソームRNA遺伝子（rDNA）は巨大な反復配列を形成しており、DNA二本鎖切断を受けると容易にコピー数が増減してしまう不安定な性質を持っています。このrDNA不安定化は細胞老化の原因の一つであることが知られており、rDNAの安定維持機構の理解はとても重要です。

今回、ゲノム再生研究分野の堀籠智洋助教、小林武彦教授らの研究チームはDNA二本鎖切断を受けたrDNAが核辺縁まで移動して、核膜孔複合体に結合することを発見しました。この移動と結合が失われるとrDNAが不安定になったことから、核膜孔結合がrDNA不安定化の抑制に重要な役割を果たしていると考えられます。

このような核膜への移動は、負傷した人が病院を訪れる様子とよく似ています。現場で処置できないような傷を負ったrDNAは、自ら動いて病院を訪れます。『核膜孔病院』ではrDNAを修復して安定化させる治療が行われていますが、これはすなわち老化を抑制するアンチエイジング治療でもあります。本研究で明らかとなった核膜孔への移動によるrDNA安定化の理解が、細胞の老化と若返りの機構の解明に寄与することが期待されます。





RNAサイレンシングの実行因子であるアルゴノートタンパク質の分解機構を解明 特定の遺伝性疾患の病態理解にも可能性

小林 穂高 (RNA機能研究分野・助教：研究当時)
泊 幸秀 (RNA機能研究分野・教授)

Cell Reports

論文タイトル：VCP machinery mediates autophagic degradation of empty Argonaute

著者：Hotaka Kobayashi †, Keisuke Shoji, Kaori Kiyokawa, Lumi Negishi and Yukihide Tomari † († 責任著者)

DOI番号：10.1016/j.celrep.2019.07.003

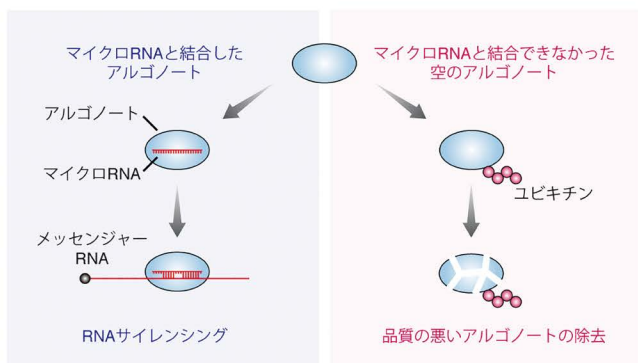
掲載：http://www.iam.u-tokyo.ac.jp/pressrelease/190731/

発表のポイント：

□ 遺伝子の発現調節に重要なアルゴノートは、「VCP」と呼ばれる因子を介してオートファジーによって分解されることを発見しました。□ 細胞内からVCPが無くなると、正常なRNAサイレンシングが起こらなくなることを見出しました。□ VCPは遺伝性疾患の原因遺伝子としても知られることから、本研究成果はVCP関連疾患の病態理解にも貢献する可能性があります。

アルゴノートと呼ばれるタンパク質は、マイクロRNAと呼ばれる小さなRNAと結合することで、きわめて多様な遺伝子の発現を抑制します。この現象はRNAサイレンシングと呼ばれており、発生・免疫・神経機能といった様々な生命現象において重要な役割を果たしています。不思議なことに、アルゴノートはマイクロRNAと結合した状態では安定である一方、マイクロRNAと結合していない「空の」状態ではすぐに分解されてしまいます。しかしながら、一体どのような仕組みで空のアルゴノートを分解しているのかについては、十分に理解されていませんでした。

今回、RNA機能研究分野の小林穂高助教（研究当時）、泊幸秀教授らの研究チームは、空のアルゴノートがオートファジーによって分解されることを見出し、その分解にはVCPと呼ばれる因子が必須であることを見出しました。さらに、VCPを細胞内から無くすると、正常なRNAサイレンシングが起こらなくなることを見出しました。重要な点として、VCPは様々な遺伝性疾患の原因遺伝子として知られています。従って、本研究成果はアルゴノートの分解機構を明らかにしただけでなく、偶然にもVCPの知られざる機能を発見したという点において、将来的にVCPの関連疾患（IBMPFD、ALS、パーキンソン病など）の病態理解にも貢献する可能性があると考えられます。



染色体を守りつつ核内を浄化する仕組みの解明

細山田 舜 (ゲノム再生研究分野・大学院生)
小林 武彦 (ゲノム再生研究分野・教授)

Cell Reports

論文タイトル：rDNA condensation promotes rDNA separation from nucleolar proteins degraded for nucleophagy after TORC1 inactivation

著者：Md. Golam Mostofa, Shamsul Morshed, Ritsu Shibata, Yuri Takeichi, Muhammad Arifur Rahman, Shun Hosoyamada, Takehiko Kobayashi, and Takashi Ushimaru.

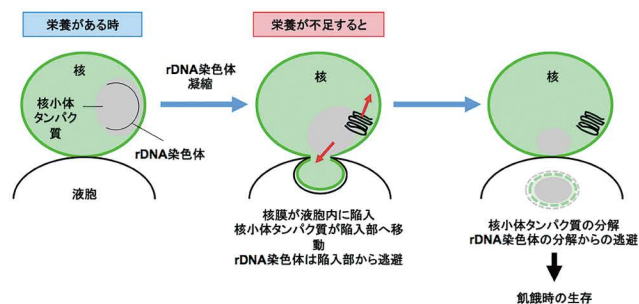
DOI番号：10.1016/j.celrep.2019.08.059

掲載：http://www.iam.u-tokyo.ac.jp/pressrelease/190925/

静岡大学大学院総合科学技術研究科理学専攻の丑丸敬史研究グループと、ゲノム再生研究分野の小林武彦研究グループは、細胞の核内成分を分別浄化する仕組みの一端を解明しました。

核は膜で囲まれているため、その中に溜まった不要物（ゴミ）を処理するために特殊な仕組み、ヌクレオファジー（核内物質を分解するオートファジー）があります。オートファジーは、2016年にノーベル生理学・医学賞を受賞された大隅良典先生が解明された細胞内浄化装置です。核内には生命の根源であるDNAが染色体として格納されているため、ヌクレオファジーは、染色体DNAを傷つけずに核内の核小体を選別して分解します。しかし、その巧妙な分別分解の仕組みはまだ不明です。

今回の研究は、モデル生物である酵母を用いて、染色体自身が縮むこと（凝縮）により、染色体が効率よく核小体から分離し、ヌクレオファジーによる分解から逃避することを見出しました。染色体が凝縮できない場合には、染色体が核小体から分離できなくなり、ヌクレオファジーによる核小体タンパク質の分解も抑制されました。しかし、その場合でも染色体の分解は起こらなかったことから、染色体を分解から守る安全装置の存在も示唆されました。この核小体タンパク質の分解が飢餓時の細胞の生存に重要でした。神経細胞内に蓄積する毒性タンパク質の蓄積と認知症の関係が指摘されています。本研究は、ヒトの神経細胞におけるアンチエイジングへの応用研究が期待されます。



RNA スプライシング関連分子 NKAP
変異を原因とする新規希少疾患の同定

泉 幸佑（希少疾患分子病態研究分野・客員准教授）

白髭 克彦（ゲノム情報解析研究分野・教授）

The American Journal of Human Genetics

論文タイトル：Missense Mutations in NKAP cause a Disorder of Transcriptional Regulation Characterized by Marfanoid Habitus and Cognitive Impairment

著者：Sarah K. Fiordaliso, Aiko Iwata-Otsubo, Alyssa L. Ritter, Mathieu Quesnel-Vallieres, Katsunori Fujiki, Eriko Nishi, Miroslava Hancarova, Noriko Miyake, Jenny EV. Morton, Sangmoon Lee, Karl Hackmann, Masashige Bando, Koji Masuda, Ryuichiro Nakato, Michiko Arakawa, Elizabeth Bhoj, Dong Li, Hakon Hakonarson, Ryojun Takeda, Margaret Harr, Beth Keena, Elaine H. Zackai, Nobuhiko Okamoto, Seiji Mizuno, Jung Min Ko, Alica Valachova, Darina Prchalova, Marketa Vlckova, Tommaso Pippucci, Christoph Seiler, Murim Choi, Naomichi Matsumoto, Nataliya DiDonato, Yoseph Barash, Zdenek Sedlacek, Katsuhiko Shirahige, Kosuke Izumi*

DOI番号：10.1016/j.ajhg.2019.09.009

掲載：http://www.iam.u-tokyo.ac.jp/pressrelease/191004/

発表のポイント：

□ RNAスプライシング関連因子として知られる NKAP 遺伝子変異により知的障害、Marfan症候群に類似した身体的特徴を有する新規希少疾患を発症することが明らかになりました。□ ヒトを含む脊椎動物において NKAP が初期発生に重要な役割を果たすことが明らかになりました。□ RNAスプライシングは遺伝性疾患以外の病態への関与も知られており、標的薬剤も開発されています。希少疾患との関連が明らかになったことで治療への応用が期待されます。

NKAP は遺伝子の発現に関与する RNA スプライシングを担うとされる分子です。NKAP の機能には不明な点が多く、生殖細胞系列での変異がどのような疾患をおこすかは不明でした。

希少疾患分子病態研究分野の泉客員准教授、ゲノム情報解析研究分野の白髭教授らは NKAP 遺伝子に変異をもった 8家系10人の男性を発見しました。患者は知的障害、Marfan 症候群に類似した細長い手指や胸郭変形などの骨格異常をもち、新規の希少疾患であることを見出しました。患者の細胞の遺伝子発現を解析したところ、NKAP変異により多数の遺伝子発現に変動をきたしていました。NKAP遺伝子に患者と同様の変異をもつゼブラフィッシュは早期に死亡しており、NKAP は脊椎動物の個体発生に必須な遺伝子と考えられます。今回の研究から、RNA スプライシング関連分子の機能異常が神経発達遅滞・骨系統異常を引き起こすことが明らかになりました。

RNA スプライシング異常はがんにおいても高頻度で認められ、創薬が近年進んでおり、本病態への治療に応用することも今後期待されます。

不要なタンパク質が分解を受ける前に
解きほぐされる仕組み

深井 周也（蛋白質複合体解析研究分野・准教授）

Nature Communications

論文タイトル：Structural insights into ubiquitin recognition and Ufd1 interaction of Npl4

著者：Yusuke Sato, Hikaru Tsuchiya, Atsushi Yamagata, Kei Okatsu, Keiji Tanaka, Yasushi Saeki*, and Shuya Fukai*

DOI番号：10.1038/s41467-019-13697-y

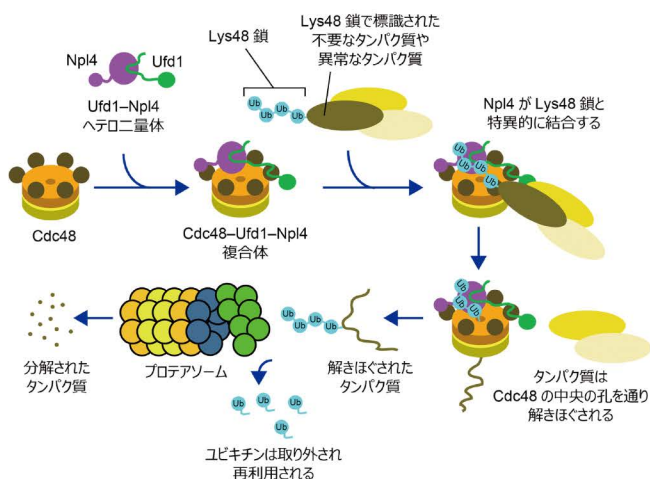
掲載：http://www.iam.u-tokyo.ac.jp/pressrelease/191213/

発表のポイント：

□ Cdc48の2つの補因子、Ufd1とNpl4が結合する分子機構を明らかにしました。□ Npl4が³Lys48でつながったユビキチン鎖を認識する分子機構を明らかにしました。□ 本成果は、Cdc48-Ufd1-Npl4複合体が形成される分子機構、および標的タンパク質を認識する分子機構を明らかにしたもので、細胞のがん化や神経変性疾患を抑えるための基盤となる知見になると期待されます。

蛋白質複合体解析研究分野の深井周也准教授と東京都医学総合研究所（田中啓二理事長）の佐伯泰副参事研究員の共同研究グループは、不要なタンパク質や異常タンパク質を解きほぐす酵素であるCdc48の、2つの補因子Ufd1とNpl4が結合する仕組みと、Npl4がユビキチン鎖を認識する方法を明らかにしました。

これまでの研究により、Cdc48の補因子Npl4がユビキチン鎖を認識する事でCdc48はユビキチン鎖で標識されたタンパク質を解きほぐすことが知られていましたが、Npl4がどの部分を使ってどのようにユビキチン鎖を認識しているのかは不明でした。また、Cdc48が機能を果たすためにはCdc48、Ufd1、Npl4がそれぞれ相互作用して安定な複合体を形成する必要がありますが、Ufd1とNpl4がどのように結合しているのかも不明でした。共同研究グループは、ユビキチン鎖およびUfd1がNpl4と結合した状態の立体構造を決定し、さらに分子・細胞レベルでの変異体解析を行うことで、Cdc48-Ufd1-Npl4複合体の形成機構や、Npl4によるユビキチン鎖認識の分子機構を明らかにしました。Cdc48は細胞のがん化や神経変性疾患に係るため、本成果はこれらの疾病の原因の解明や、創薬につながる知見になると期待されます。





PD-1がT細胞の質を制御する メカニズムの解明

清水 謙次 (分子免疫学研究分野・特任助教)

岡崎 拓 (分子免疫学研究分野・教授)

Molecular Cell (2020年1月8日オンライン版)

論文タイトル: PD-1 imposes qualitative control of cellular transcriptomes in response to T cell activation

著者: Kenji Shimizu, Daisuke Sugiura, Il-mi Okazaki, Takumi Maruhashi, Yujiro Takegami, Chaoyang Cheng, Soichi Ozaki, and Taku Okazaki*

DOI番号: 10.1016/j.molcel.2019.12.012

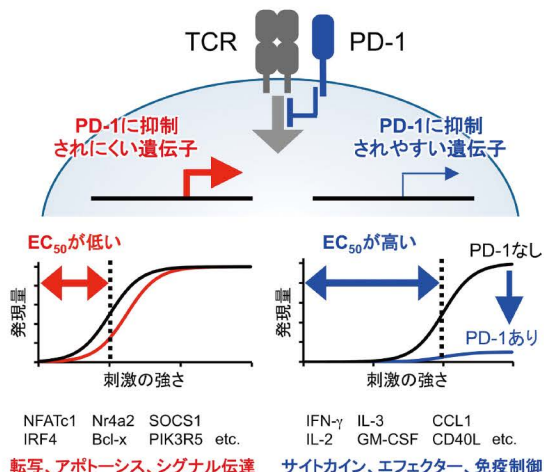
掲載: <http://www.iam.u-tokyo.ac.jp/pressrelease/200109/>

発表のポイント:

□ 抑制性免疫補助受容体PD-1が、T細胞の活性化を単に弱めているだけでなく、T細胞の機能を質的に変化させていることを明らかにしました。□ T細胞の活性化により発現が上昇する遺伝子には、PD-1によって抑制される遺伝子とされない遺伝子があることを発見しました。また、それらの遺伝子の特徴を解明しました。□ T細胞の機能を制御するメカニズムの理解が進むとともに、PD-1阻害抗体によるがん免疫療法の改良および新しい免疫制御療法の開発に役立つと期待されます。

病原体やがん細胞から我々の体を護る免疫システムにおいて司令塔と実行役の両方の役割を担うT細胞は、抗原を認識することによって活性化します。T細胞が活性化するとさまざまな遺伝子の発現が変化し、生存・増殖・分化・サイトカイン産生などの応答を示します。これまでに抑制性免疫補助受容体PD-1がT細胞の活性化を抑制することは知られていましたが、遺伝子レベルでT細胞をどのように変化させているかは不明でした。

今回、分子免疫学研究分野の清水謙次特任助教と岡崎拓教授らの研究グループは、T細胞の遺伝子発現にPD-1が及ぼす影響を詳細に調べました。その結果、PD-1によって発現上昇が抑制される遺伝子とされない遺伝子があることを発見しました。また、それらの遺伝子の特徴を解明しました。現在、がん治療薬としてPD-1阻害抗体が多くの患者さんに使われていますが、その効き目はがんの種類や個人によって大きく異なります。本研究成果は、PD-1阻害抗体によるがん免疫療法の改良や新しい免疫制御療法の開発に役立つと期待されます。



piRNAはどのようにつくられるのか? ～「Zucchini (ズッキーニ)」による RNA切断ルールの解明に成功～

泉 奈津子 (RNA機能研究分野・助教)

庄司 佳祐 (RNA機能研究分野・特任助教)

泊 幸秀 (RNA機能研究分野・教授)

Nature

論文タイトル: Zucchini consensus motifs determine the mechanism of pre-piRNA production

著者: Natsuko Izumi*, Keisuke Shoji*, Yutaka Suzuki, Susumu Katsuma and Yukihide Tomari. (*同等貢献)

DOI番号: 10.1038/s41586-020-1966-9

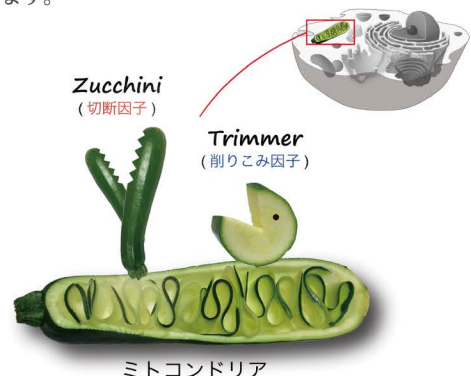
掲載: <http://www.iam.u-tokyo.ac.jp/pressrelease/200130/>

発表のポイント:

□ Zucchiniと呼ばれるRNA切断因子によるpiRNA前駆体の産生を、試験管内で、正確に再現することに初めて成功しました。□ Zucchiniによる切断に、これまで知られていなかった塩基配列上の好みが存在し、それがpiRNA産生に重要であることを発見しました。□ これまで研究者を混乱させてきた謎が解かれたことで、piRNA研究がさらに加速することが期待されます。

piRNA (PIWI-interacting RNA) はわずか30塩基程度の小さなRNAです。しかしこの小さなRNAは、生殖細胞のゲノムを守るといふ大きな役割を果たしており、人間を含めた動物が存続するためには必須の因子です。また近年では、piRNAが、ガンを含めたさまざまな生命現象に関わっていることも分かってきています。このようにpiRNAの重要性は明らかである一方、どのようにpiRNAがつくられ機能するのかといった基本的な部分については、関与する個別の因子は分かりつつあるものの、それらの関係性や全体像の理解には未だ程遠い状況にあります。特にpiRNA産生の中核因子と目される切断因子「Zucchini (ズッキーニ)」は、生体内と試験管内でのふるまいが一見矛盾しており、そのことがpiRNA研究者を混乱させ、理解を妨げていました。

今回、RNA機能研究分野の泉 奈津子助教、庄司 佳祐特任助教、泊 幸秀教授らの研究チームは、ZucchiniによるpiRNA前駆体の産生を試験管内で正確に再現することに成功しました。さらにZucchiniがはたらく際に必要な新しいルールを発見しました。本研究成果は、piRNA研究の分野でボトルネックになっていた問題を解消し、piRNA産生メカニズムの統一的な説明を可能にするものであり、これによりpiRNA経路の理解が大きく前進することが期待できます。





神経細胞間の信号伝達を担う 接着構造を形成する仕組みの解明

深井 周也（蛋白質複合体解析研究分野・准教授）

Nature Communications（オンライン版：1月31日）

論文タイトル：Structural insights into selective interaction between type IIa receptor protein tyrosine phosphatases and Liprin-α

著者：Maiko Wakita, Atsushi Yamagata, Tomoko Shiroshima, Hironori Izumi, Asami Maeda, Mizuki Sendo, Ayako Imai, Keiko Kubota, Sakurako Goto-Ito, Yusuke Sato, Hisashi Mori, Tomoyuki Yoshida, and Shuya Fukai

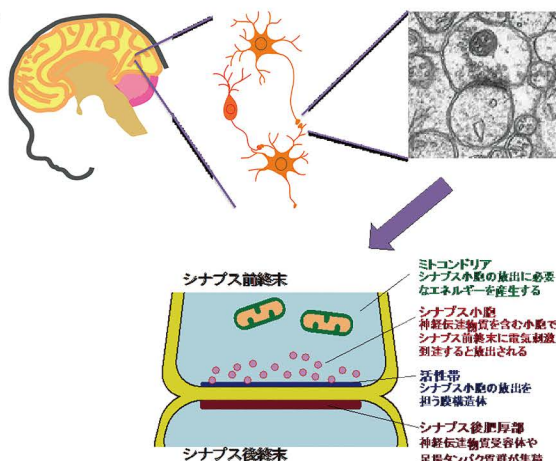
DOI番号：10.1038/s41467-020-14516-5

掲載：http://www.iam.u-tokyo.ac.jp/pressrelease/200131/

発表のポイント：

- 神経細胞間の信号伝達を担う接着構造であるシナプスの形成を誘導する膜受容体チロシン脱リン酸化酵素PTPδ（デルタ）が、細胞内のシナプスタンパク質Liprin-αを介してシナプス形成を誘導する仕組みを明らかにしました。□ PTPδとLiprin-αが結合した状態の立体構造を決定し、相互作用する様子の詳細を明らかにしました。
- 本成果は、神経回路形成のメカニズムの解明や自閉症などの神経発達障害に関わる今後の研究に役立つ知見になると期待されます。

蛋白質複合体解析研究分野の深井周也准教授らのグループは、神経細胞間の信号伝達を担う接着構造であるシナプスの形成を誘導する膜受容体チロシン脱リン酸化酵素PTPδと細胞内のアダプタータンパク質Liprin-αが結合した状態の立体構造を決定し、シナプス形成を誘導する仕組みの一端を明らかにしました。シナプスの形成と再編は、脳発達期の神経回路の形成や記憶学習の際に起きる重要なステップであり、その調節機構の破綻は自閉症などの神経発達障害の発症と密接に関連することが示唆されています。神経発達障害の発症に関連する細胞接着分子であるPTPδは軸索終末に発現し、樹状突起に発現する別の細胞接着分子と相互作用することでシナプス形成を誘導します。深井准教授らの研究グループは、PTPδとLiprin-αが結合した状態の立体構造をX線結晶構造解析の手法で決定することによって、これらの分子が選択的に相互作用するメカニズムの詳細を明らかにしました。さらに、PTPδとLiprin-αの相互作用が失われることで、シナプス形成が大幅に減少することを見出しました。本成果は、神経回路形成のメカニズムの解明や自閉症などの神経発達障害の発症機構に関わる、今後の研究に役立つ知見になると期待されます。



高次ゲノム構造が遺伝子発現を 制御する仕組みを解明

余越 萌（遺伝子発現ダイナミクス研究分野・助教）

深谷 雄志（遺伝子発現ダイナミクス研究分野・講師）

Molecular Cell

論文タイトル：Visualizing the role of boundary elements in enhancer-promoter communication

著者：Moe Yokoshi, Kazuma Segawa, *Takashi Fukaya

DOI番号：10.1016/j.molcel.2020.02.007

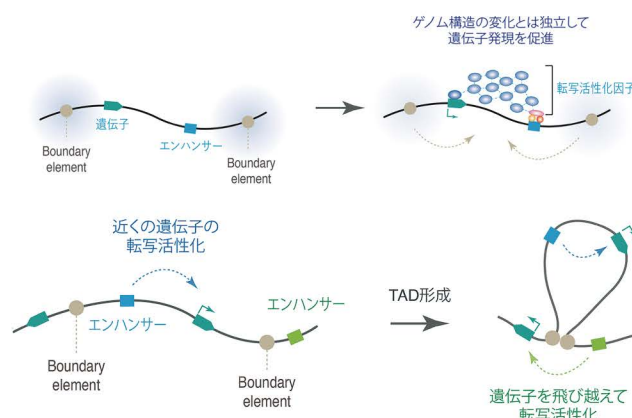
掲載：http://www.iam.u-tokyo.ac.jp/pressrelease/200228/

発表のポイント：

- TADと呼ばれる高次ゲノム構造が遺伝子発現制御に果たす機能を、ショウジョウバエ初期胚において直接可視化するライブイメージング技術の構築に成功しました。□ TADに依存した転写活性化と、非依存な転写活性化という2つの異なる遺伝子発現経路が存在することを発見しました。□ 染色体の基本的な構造単位であるTADの機能が解明されたことで、「ゲノム情報がどのように読み出されるのか」という根本的な謎の解明が期待されます。

転写制御において中心的役割を担うのはエンハンサーと呼ばれる調節配列です。エンハンサーは転写活性のON/OFFを切り替えるスイッチとして働くことで、個体発生における遺伝子発現を緻密に制御しています。重要なことに近年、ゲノムはTopologically Associating Domain (TAD) と呼ばれるループ構造を基本単位として緻密に折り畳まれていることが理解されてきました。つまりエンハンサーは、こうしたゲノムの三次元的な折り畳み構造の中において標的遺伝子に作用し、転写活性を制御していると考えられています。しかし、そもそもTADがエンハンサーによる転写制御においてどのような機能を果たすかについては未解明のままでした。

今回、遺伝子発現ダイナミクス研究分野の余越萌助教、深谷雄志講師らの研究チームは、TAD形成が転写活性に与える影響をショウジョウバエ生体内において直接可視化するライブイメージング技術を構築することに成功しました。その結果、エンハンサーにはTAD形成に依存して初めて機能を発揮するものと、依存せずに働くものの二種類が存在することを発見しました。さらに、こうした依存性の違いは「遺伝子とエンハンサーの相対的な位置関係」によって生み出されていることを解明されました。以上の成果は、生物の持つゲノム情報がどのように発生段階や環境変化に応じて正確に読み出されているのかという基本原理の解明につながるものと期待されます。





コレステロール合成経路の新たな制御ポイント： スクアレンモノオキシゲナーゼが基質により安定化されるメカニズムを解明

吉岡 広大（生体有機化学研究分野・大学院生）

橋本 祐一（生体有機化学研究分野・教授）

大金 賢司（生体有機化学研究分野・助教）

Proceedings of National Academy of Sciences, U.S.A.

論文タイトル：A key mammalian cholesterol synthesis enzyme, Squalene Monooxygenase, is allosterically stabilized by its substrate

著者：Hiromasa Yoshioka, Hudson W. Coates, Ngee Kiat Chua, Yuichi Hashimoto, Andrew J. Brown*, Kenji Ohgane*
DOI番号：0.1073/pnas.1915923117

掲載：http://www.iam.u-tokyo.ac.jp/pressrelease/200310-2/

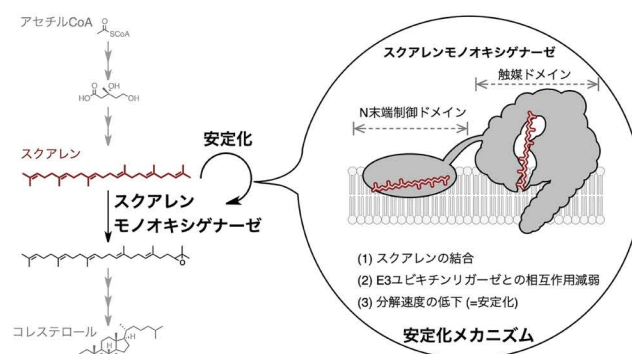
発表のポイント：

□コレステロール合成経路上のスクアレンモノオキシゲナーゼ (SM)が、自身が基質とするスクアレンの量を検知してそれに応じて自身の安定性を増すという、コレステロール合成経路の恒常性維持に寄与する新しい機構を発見しました。□スクアレンがSMの非触媒ドメインにも結合して、その安定性を正に制御していることを見出しました。このような基質が自身を代謝する酵素をアロステリックに安定化する例は、ほとんど報告がありません。□SMはコレステロール合成に必須であることから、その活性・存在量の制御は、動脈硬化などコレステロールが憎悪因子となる疾患の治療薬開発に貢献できる可能性があります。また近年、SMとがんの関連が示唆されていることから、がん研究の進展にも貢献する可能性があります。

コレステロールは高等生物にとって必須の脂質です。しかしながら、コレステロールの生合成には多量のエネルギーが必要であり、また過剰のコレステロールは動脈硬化等の疾患の憎悪因子であるため、その生合成量は厳密に制御されています。よく知られた例としては、コレステロールが自身の合成等に必要タンパク質群の転写を抑制することが知られています。このような、必要なタンパク質群を「作る速さ」を調節する仕組みは、分子レベルで機序が明らかとなっています。一方、「壊す速さ」を調節する仕組みがあることも近年わかってきていますが、その機序には謎が多く残っています。

今回、生体有機化学研究分野の吉岡広大大大学院生、大金賢司助教、橋本祐一教授ら、および、オーストラリアのニューサウスウェールズ大学のAndrew J. Brown教授らの研究チームは、コレステロール合成経路の律速酵素の一つであるスクアレンモノオキシゲナーゼ (SM) がその基質であるスクアレンを検知してSM自身を安定化するという、分解速度の調節を介したコレステロール恒常性維持機構を新たに見出しました。詳細な解析の結果、スクアレンはSMのN末端制御領域に結合することで感知され、タンパク質の分解を担うE3ユビキチンリガーゼとの相互作用が減少し、分解が遅くなることを明らかにしました。このSMの安定化には、基質の蓄積を検知して、それを素早く代謝する意義があると考えられます。

また本研究成果は、酵素活性の阻害とは全く異なる、新しい機序のコレステロール恒常性調節薬の開発に役立つことが期待されます。





Heroタンパク質の発見とその驚くべき機能 ～「へろへろ」したタンパク質は「ヒーロー」のように働く～

坪山 幸太郎 (RNA機能研究分野・大学院生)

泊 幸秀 (RNA機能研究分野・教授)

PLOS Biology

論文タイトル: A widespread family of heat-resistant obscure (Hero) proteins protect against protein instability and aggregation

著者: Kotaro Tsuboyama†, Tatsuya Osaki, Eriko Suzuki-Matsuura, Hiroko Kozuka-

Hata, Yuki Okada, Masaaki Oyama, Yoshiho Ikeuchi, Shintaro Iwasaki, and

Yukihide Tomari† († 責任著者)

DOI 番号: 10.1371/journal.pbio.3000632

掲載: <http://www.iam.u-tokyo.ac.jp/pressrelease/200313/>

発表のポイント:

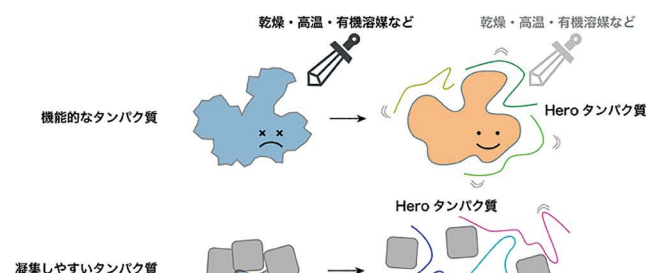
□ タンパク質は一般に熱をかけると固まる性質を持ちますが、加熱しても固まらないという奇妙な性質を持つタンパク質が、ハエやヒトなどにも数多く存在することを発見しました。□ これらのタンパク質は、決まった構造を持たず「へろへろ」した性質を持ち、耐熱性で機能がよく分かっていないことから、Heroタンパク質と名付けられました。□ Heroタンパク質は、疾患の原因となりうるタンパク質の凝集を防ぎ、ハエの寿命を延長させるなど、他のタンパク質を守る「ヒーロー」のように働くことが明らかとなりました。

タンパク質は一般に熱によって変性し、お互いに集まって凝集するという性質を持ちます。一方で、熱によって変性せず凝集しない熱耐性タンパク質は、これまで例外的であるとみなされ、そのようなタンパク質がどの程度存在するのか、またどのような機能をもつのかについては、不明なままでした。

今回、RNA機能研究分野の坪山幸太郎日本学術振興会特別研究員、泊幸秀教授らの研究チームは、熱耐性タンパク質がヒトやハエにも豊富に存在することを発見しました。これらのタンパク質は、決まった構造を持たず「へろへろ」した性質を持つこと、また熱耐性 (Heat-resistant) であり、機能があまりわかっていない (Obscure) ことから、Heroタンパク質と名付けられました。

驚くべきことに、Heroタンパク質には、他の一般的なタンパク質を安定化し、変性や凝集から守る「ヒーロー」としての役割を果たしていることが明らかになりました。例えば、タンパク質の異常な凝集は神経変性疾患の原因となりうるということが知られていますが、ヒトのiPS細胞からつくった運動神経やショウジョウバエ個体を用いた実験において、Heroタンパク質がこのような異常な凝集を強く抑制する効果を持つことが確認されました。また、タンパク質の不安定性は老化にも関連することが分かっていますが、Heroタンパク質を増やすと、ハエの寿命が3割程度延長することも示されました。

本研究成果は、今までほとんど着目されてこなかった、奇妙なHeroタンパク質の予想外の機能を示した画期的なものであると言えます。将来的には、Heroタンパク質を利用した医薬品開発など、様々な応用研究に発展することも期待されます。





コヒーシン遺伝子変異による白血病発症の機序を解明 — 染色体の3次元構造の異常が発がん —

白髭 克彦（ゲノム情報解析研究分野・教授）

Cancer Discovery

論文タイトル：Combined Cohesin-Runx1 Deficiency Synergistically Perturbs Chromatin Looping and Causes Myelodysplastic Syndromes

著者：Yotaro Ochi, Ayana Kon, Toyonori Sakata, Masahiro M Nakagawa, Naotaka Nakazawa, Masanori Kakuta, Keisuke Kataoka, Haruhiko Koseki, Manabu Nakayama, Daisuke Morishita, Tatsuki Tsuruyama, Ryunosuke Saiki, Akinori Yoda, Rurika Okuda, Tetsuichi Yoshizato, Kenichi Yoshida, Yusuke Shiozawa, Yasuhito Nannya, Shinichi Kotani, Yasunori Kogure, Nobuyuki Kakiuchi, Tomomi Nishimura, Hideki Makishima, Luca Malcovati, Akihiko Yokoyama, Kengo Takeuchi, Eiji Sugihara, Taka-aki Sato, Masashi Sanada, Akifumi Takaori-Kondo, Mario Cazzola, Mineko Kengaku, Satoru Miyano, Katsuhiko Shirahige, Hiroshi I Suzuki*, and Seishi Ogawa*

DOI番号：10.1158/2159-8290.CD-19-0982

掲載：http://www.iam.u-tokyo.ac.jp/pressrelease/200406/

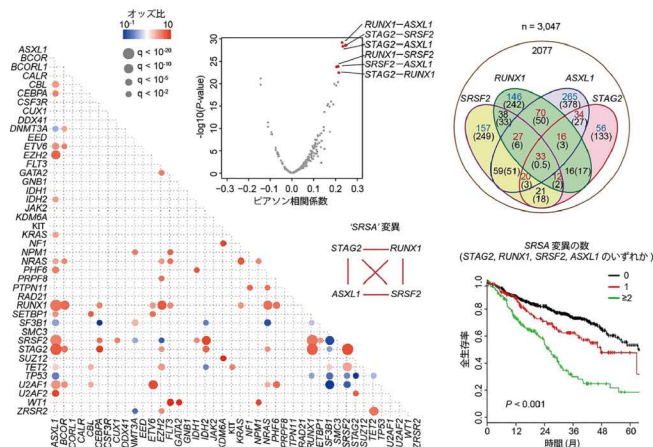
急性骨髄性白血病や骨髄異形成症候群は血液のがんで、現在でも根治の難しい難治性の病気です。正常な血液細胞が遺伝子変異を獲得することで白血病を発症しますが、近年、本研究グループより新規コヒーシン遺伝子変異が10-20%の白血病に認められることを報告しました。しかし、コヒーシン変異がどのように白血病を引き起こすかは、十分に分かっていません。さらに、がん細胞にしばしば複数の遺伝子変異が蓄積していることも分かってきましたが、複数の変異が発がんに関わる機序についても、不明な点が多く残されています。

今回、京都大学大学院医学研究科・腫瘍生物学講座 小川誠司教授、越智陽太郎同特定助教、マサチューセッツ工科大学・コーク癌総合研究所 鈴木洋客員研究員、東京大学定量生命科学研究所ゲノム情報解析研究分野白髭克彦教授、東京大学医科学研究所附属ヒトゲノム解析センター 宮野悟教授らを中心とする研究チームは、3,000症例以上の白血病の大規模なゲノム解析、ノックアウトマウスの解析、更に次世代シーケンサーを活用した統合的エピジェネティック解析を実施しました。その結果、

- (1)コヒーシンの一つであるSTAG2遺伝子変異が、RUNX1遺伝子変異と高頻度に共存すること、
- (2)これらの遺伝子の両方に異常が生じることで、骨髄異形成症候群を発症すること、
- (3)コヒーシン変異が染色体の3次元構造の変化などのエピジェネティックな異常を引き起こし、更にRUNX1変異が加わることでその異常が加速し、発がんに至ること、

などを解明しました。

今回の研究結果は、コヒーシン変異や新規エピジェネティック異常を標的とした治療・予防法の開発に重要な手がかりを与える知見で、今後これらを標的とした新規治療薬の開発が期待されます。



Awards and Honours

受賞

2019.4 | 文部科学大臣表彰 若手科学者賞

奥山 輝大
(行動神経科学研究分野・准教授)

社会性記憶とその行動発現を司る神経メカニズムの研究

深谷 雄志
(遺伝子発現ダイナミクス研究分野・講師)

非コードDNAによる転写制御動態の解明

2019.5 | 日本エピジェネティクス研究会奨励賞

鯨井 智也
(クロマチン構造機能研究分野・助教)

転写におけるクロマチンの構造解析

2019.6 | 第1回クロマチン潜在エネルギーワークショップポスター発表賞

滝沢 由政
(クロマチン構造機能研究分野・助教)

藤田 理紗
(クロマチン構造機能研究分野・特任研究員)

クロマチン転写制御における非コードRNAの機能の生化学解析

2019.7 | International Congress of Mucosal Immunology 2019 Poster award

森田 直樹
(免疫・感染制御研究分野・助教)

2019.9 | 酵母遺伝学フォーラム

飯田 哲史
(ゲノム再生研究分野・助教)

S. cerevisiaeのSIR2遺伝子領域における新規遺伝子とその機能

2019.9 | 日本遺伝学会奨励賞

佐々木 真理子
(ゲノム再生研究分野・助教)

DNA複製阻害時のDNA二本鎖切断修復機構に関する研究

2019.9 | 日本生化学会奨励賞

鯨井 智也
(クロマチン構造機能研究分野・助教)

クロマチン構造における転写反応の構造基盤の解明

2019.9 | 第59回生命科学夏の学校優秀賞

西村 正宏
(クロマチン構造機能研究分野・大学院生)

転写因子p53のスクレオソーム結合能に関する生化学的解析

2019.9 | 第92回日本生化学会大会若手優秀発表賞

西村 正宏
(クロマチン構造機能研究分野・大学院生)

転写因子p53によるスクレオソーム中のDNA認識機構

2019.9 | BESETO International Psychiatry Conference Best Poster Award

黄 子彦
(行動神経科学研究分野・大学院生)

Specificity and commonality of stress factors in psychological symptoms among children: A Tokyo Teen Cohort (TTC) study

2019.11 | 日本免疫学会女性免疫研究者賞

新藏 礼子
(免疫・感染制御研究分野・教授)

腸管IgA抗体による腸内細菌制御機構の解明

2019.12 | 日本免疫学会研究奨励賞

杉浦 大祐
(分子免疫学研究分野・助教)

免疫抑制補助受容体によるT細胞活性化制御機構の解明

2020.2 | 井上研究奨励賞

坪山 幸太郎
(RNA機能研究分野・日本学術振興会特別研究員)

RNAサイレンシングの中核を担うArgonauteタンパク質の分子動態

2020.2 | 手島精一記念研究論文賞

胡桃坂 仁志
(クロマチン構造機能研究分野・教授)

A chromatin integration labelling method enables epigenomic profiling with lower input (Nature Cell Biology 21,287-296(2019))

2020.3.25 | 日本薬学会賞

橋本 祐一
(生体有機化学研究分野・教授)

独自の創薬手法・戦略に基づく生物応答調節剤の創製研究

Publications

発表論文

2019.4 | Biochem Biophys Rep.

Biochemical characterization of the placeholder nucleosome for DNA hypomethylation maintenance.

Hirano R, Kujirai T, Negishi L, Kurumizaka H.

2019.4 | Sci Rep.

Single cell RNA-sequencing identified Dec2 as a suppressive factor for spermatogonial differentiation by inhibiting Sohlh1 expression.

Makino Y, Jensen NH, Yokota N, Rossner MJ, Akiyama H, Shirahige K, Okada Y.

2019.4 | PLoS Genet.

Ribosomal RNA gene repeats associate with the nuclear pore complex for maintenance after DNA damage.

Horigome C, Unozawa E, Ooki T, Kobayashi T.

2019.5 | Regen Ther.

Endodermal differentiation of human induced pluripotent stem cells using simple dialysis culture system in suspension culture.

Shinohara M, Choi H, Ibuki M, Yabe SG, Okochi H, Miyajima A, Sakai Y.

2019.5 | Proc Natl Acad Sci U S A.

MZB1 promotes the secretion of J-chain-containing dimeric IgA and is critical for the suppression of gut inflammation.

Xiong E, Li Y, Min Q, Cui C, Liu J, Hong R, Lai N, Wang Y, Sun J, Matsumoto R, Takahashi D, Hase K, Shinkura R, Tsubata T, Wang JY.

2019.5 | Commun Biol.

Structural and biochemical analyses of the nuclear pore complex component ELYS identify residues responsible for nucleosome binding.

Kobayashi W, Takizawa Y, Aihara M, Negishi L, Ishii H, Kurumizaka H.

2019.5 | Bioorganic & Medicinal Chemistry

Structure-activity relationship study of estrogen receptor down-regulators with a diphenyl-methane skeleton.

Nanjo S, Ohgane K, Yoshioka H, Makishima M, Hashimoto Y, Noguchi-Yachide T.

2019.5 | Nat Commun.

CHD3 helicase domain mutations cause a neurodevelopmental syndrome with macrocephaly and impaired speech and language.

Snijders Blok L, Rousseau J, Twist J, Ehresmann S, Takaku M, Venselaar H, Rodan LH, Nowak CB, Douglas J, Swoboda KJ, Steeves MA, Sahai I, Stumpel CTRM, Stegmann APA, Wheeler P, Willing M, Fiala E, Kochhar A, Gibson WT, Cohen ASA, Agbahovbe R, Innes AM, Au PYB, Rankin J, Anderson IJ, Skinner SA, Louie RJ, Warren HE, Afenjar A, Keren B, Nava C, Buratti J, Isapof A, Rodriguez D, Lewandowski R, Propst J, van Essen T, Choi M, Lee S, Chae JH, Price S, Schnur RE, Douglas G, Wentzensen IM, Zweier C, Reis A, Bialer MG, Moore C, Koopmans M, Brilstra EH, Monroe GR, van Gassen KLI, van Binsbergen E, Newbury-Ecob R, Bownass L, Bader I, Mayr JA, Wortmann SB, Jakielski KJ, Strand EA, Kloth K, Bierhals T; DDD study, Roberts JD, Petrovich RM, Machida S, Kurumizaka H, Lelieveld S, Pfundt R, Jansen S, Deriziotis P, Faivre L, Thevenon J, Assoum M, Shriberg L, Kleefstra T, Brunner HG, Wade PA, Fisher SE, Campeau PM.

2019.6 | Cell Death Dis.

Hepatic ferroptosis plays an important role as the trigger for initiating inflammation in nonalcoholic steatohepatitis.

Tsurusaki S, Tsuchiya Y, Koumura T, Nakasone M, Sakamoto T, Matsuoka M, Imai H, Yuet-Yin Kok C, Okochi H, Nakano H, Miyajima A, Tanaka M.

2019.6 | Bioorg. Med. Chem.

Phosphine boranes as less hydrophobic building blocks than alkanes and silanes: structure-property relationship and estrogen-receptor-modulating potency of 4-phosphinophenol derivatives.

Saito H, Matsumoto Y, Hashimoto Y, Fujii S.

2019.6 | Nature.

DNA damage detection in nucleosomes involves DNA register shifting.

Matsumoto S, Cavadini S, Bunker RD, Grand RS, Potenza A, Rabl J, Yamamoto J, Schenk AD, Schübeler D, Iwai S, Sugawara K, Kurumizaka H, Thomä NH.

2019.6 | EMBO Rep.

Budding yeast Rif1 binds to replication origins and protects DNA at blocked replication forks.

Hiraga SI, Monerawela C, Katou Y, Shaw S, Clark KR, Shirahige K, Donaldson AD.

2019.7 | Cell Stem Cell.

Filling a gYap in Hepato-Biliary Tissue Integration in Liver Homeostasis and Regeneration.

Itoh T, Miyajima A.

2019.7 | EMBO Rep.

The novel lncRNA CALIC upregulates AXL to promote colon cancer metastasis.

The novel lncRNA CALIC upregulates AXL to promote colon cancer metastasis.

Kawasaki Y, Miyamoto M, Oda T, Matsumura K, Negishi L, Nakato R, Suda S, Yokota N, Shirahige K, Akiyama T.

2019.7 | Sci Rep.

Intrabody-based FRET probe to visualize endogenous histone acetylation.

Chung CI, Sato Y, Ohmuro-Matsuyama Y, Machida S, Kurumizaka H, Kimura H, Ueda H.

2019.7 | Cell Rep.

VCP Machinery Mediates Autophagic Degradation of Empty Argonaute.

Kobayashi H, Shoji K, Kiyokawa K, Negishi L, Tomari Y.

2019.8 | Curr Genet.

Rejuvenation of ribosomal RNA gene repeats at the nuclear pore.

Horigome C, Kobayashi T.

2019.8 | Genet Med.

The CHD4-related syndrome: a comprehensive investigation of the clinical spectrum, genotype-phenotype correlations, and molecular basis.

Weiss K, Lazar HP, Kurolap A, Martinez AF, Paperna T, Cohen L, Smeland MF, Whalen S, Heide S, Keren B, Terhal P, Irving M, Takaku M, Roberts JD, Petrovich RM, Vergano SAS, Kenney A, Hove H, DeChene E, Quinonez SC, Colin E, Ziegler A, Rumble M, Jain M, Monteil D, Roeder ER, Nugent K, van Haeringen A, Gambello M, Santani A, Medne L, Krock B, Skraban CM, Zackai EH, Dubbs HA, Smol T, Ghomid J, Parker MJ, Wright M, Turnpenny P, Clayton-Smith J, Metcalfe K, Kurumizaka H, Gelb BD, Feldman HB, Campeau PM, Muenke M, Wade PA, Lachlan K.

2019.8 | Curr Opin Struct Biol.

Structural transition of the nucleosome during chromatin remodeling and transcription.

obayashi W, Kurumizaka H.

2019.8 | EMBO Rep.

H3K14 ubiquitylation promotes H3K9 methylation for heterochromatin assembly.

Oya E, Nakagawa R, Yoshimura Y, Tanaka M, Nishibuchi G, Machida S, Shirai A, Ekwall K, Kurumizaka H, Tagami H, Nakayama JI.

2019.8 | Open Biol.

Biochemical analysis of nucleosome targeting by Tn5 transposase.

Sato S, Arimura Y, Kujirai T, Harada A, Maehara K, Nogami J, Ohkawa Y, Kurumizaka H.

2019.8 | Biochem Biophys Res Commun.

Structure-based design of an H2A.Z.1 mutant stabilizing a nucleosome in vitro and in vivo.

Horikoshi N, Kujirai T, Sato K, Kimura H, Kurumizaka H.

2019.8 | Sci Rep.

Comparative analysis demonstrates cell type-specific conservation of SOX9 targets between mouse and chicken.

Yamashita S, Kataoka K, Yamamoto H, Kato T, Hara S, Yamaguchi K, Renard-Guillet C, Katou Y, Shirahige K, Ochi H, Ogino H, Uchida T, Inui M, Takada S, Shigenobu S, Asahara H.

2019.8 | Proc Natl Acad Sci U S A.

Aging of spermatogonial stem cells by Jnk-mediated glycolysis activation.

Kanatsu-Shinohara M, Yamamoto T, Toh H, Kazuki Y, Kazuki K, Imoto J, Ikeo K, Oshima M, Shirahige K, Iwama A, Nabeshima Y, Sasaki H, Shinohara T.

2019.9 | Cell Rep.

rDNA Condensation Promotes rDNA Separation from Nucleolar Proteins Degraded for Nucleophagy after TORC1 Inactivation.

Mostofa MG, Morshed S, Shibata R, Takeichi Y, Rahman MA, Hosoyamada S, Kobayashi T, Ushimaru T.

2019.9 | MethodsX

Multiplexing fluorogenic esterase-based viability assay with luciferase assays.

Kenji Ohgane, Hiromasa Yoshioka, Yuichi Hashimoto.

2019.9 | Biochem Biophys Res Commun.

The RNA-binding protein Mex-3B plays critical roles in the development of steroid-resistant neutrophilic airway inflammation.

Yamazumi Y, Sasaki O, Suyama-Fuchino S, Kohu K, Kamoshida Y, Harada H, Fujio K, Oda T, Akiyama T.

2019.9 | Acta Crystallogr D Struct Biol.

Structure determination of the nucleosome core particle by selenium SAD phasing.

Saotome M, Horikoshi N, Urano K, Kujirai T, Yuzurihara H, Kurumizaka H, Kagawa W.

2019.10 | Bioorganic & Medicinal Chemistry

Application of Protein Knock-down Strategy Targeting β -Sheet Structure to Multiple Disease-associated Polyglutamine Proteins.

Yamashita H, Tomoshige S, Nomura S, Ohgane K, Hashimoto Y, Ishikawa M.

2019.10 | The American Journal of Human Genetics

Missense Mutations in NKAP Cause a Disorder of Transcriptional Regulation Characterized by Marfanoid Habitus and Cognitive Impairment.

Fiordaliso SK, Iwata-Otsubo A, Ritter AL, Quesnel-Vallières M, Fujiki K, Nishi E, Hancarova M, Miyake N, Morton JEV, Lee S, Hackmann K, Bando M, Masuda K, Nakato R, Arakawa M, Bhoj E, Li D, Hakonarson H, Takeda R, Harr M, Keena B, Zackai EH, Okamoto N, Mizuno S, Ko JM, Valachova A, Prchalova D, Vlckova M, Pippucci T, Seiler C, Choi M, Matsumoto N, Di Donato N, Barash Y, Sedlacek Z, Shirahige K, Izumi K.

2019.10 | Oncogene.

UHRF1-KAT7-mediated regulation of TUSC3 expression via histone methylation/acetylation is critical for the proliferation of colon cancer cells.

Taniue K, Hayashi T, Kamoshida Y, Kurimoto A, Takeda Y, Negishi L, Iwasaki K, Kawamura Y, Goshima N, Akiyama T.

2019.10 | Immun Inflamm Dis.

Higher incidence of zinc and nickel hypersensitivity in patients with irritable bowel syndrome.

Kageyama Y, Aida K, Kawauchi K, Morimoto M, Akiyama T, Nakamura T.

2019.11 | Genes Genet Syst.

Defects in the NuA4 acetyltransferase complex increase stability of the ribosomal RNA gene and extend replicative lifespan.

Wakatsuki T, Sasaki M, Kobayashi T.

2019.11 | J Biol Chem.

Glucocorticoids potentiate the inhibitory capacity of programmed cell death 1 by up-regulating its expression on T cells.

Maeda N, Maruhashi T, Sugiura D, Shimizu K, Okazaki IM, Okazaki T.

2019.11 | Adv Exp Med Biol.

Stimulatory and Inhibitory Co-signals in Autoimmunity.

Okazaki T, Okazaki IM.

2019.11 | Curr Opin Struct Biol.

Transcription through the nucleosome.

Kujirai T, Kurumizaka H.

2019.11 | Structure.

Cryo-EM Structures of Centromeric Tri-nucleosomes Containing a Central CENP-A Nucleosome.

Takizawa Y, Ho CH, Tachiwana H, Matsunami H, Kobayashi W, Suzuki M, Arimura Y, Hori T, Fukagawa T, Ohi MD, Wolf M, Kurumizaka H.

2019.12 | Mol Cell Biol.

The CCR4-NOT Complex Maintains Stability and Transcription of rRNA Genes by Repressing Antisense Transcripts.

Hosoyamada S, Sasaki M, Kobayashi T.

2019.12 | Differentiation.

Metabolomic profiling during the differentiation of human induced pluripotent stem cells into hepatocyte-like cells.

Jellali R, Lereau Bernier M, Tauran Y, Gilard F, Danoy M, Kido T, Miyajima A, Sakai Y, Leclerc E.

2019.12 | Mol Omics.

Analysis of the transcription factors and their regulatory roles during a step-by-step differentiation of induced pluripotent stem cells into hepatocyte-like cells.

Tauran Y, Poulain S, Lereau-Bernier M, Danoy M, Shinohara M, Segard BD, Kato S, Kido T, Miyajima A, Sakai Y, Plessy C, Leclerc E.

2019.12 | Epigenetics Chromatin.

Comprehensive epigenome characterization reveals diverse transcriptional regulation across human vascular endothelial cells. Epigenetics Chromatin.

Nakato R, Wada Y, Nakaki R, Nagae G, Katou Y, Tsutsumi S, Nakajima N, Fukuhara H, Iguchi A, Kohro T, Kanki Y, Saito Y, Kobayashi M, Izumi-Taguchi A, Osato N, Tatsuno K, Kamio A, Hayashi-Takanaka Y, Wada H, Ohta S, Aikawa M, Nakajima H, Nakamura M, McGee RC, Heppner KW, Kawakatsu T, Genno M, Yanase H, Kume H, Senbonmatsu T, Homma Y, Nishimura S, Mitsuyama T, Aburatani H, Kimura H, Shirahige K.

2019.12 | Nucleic Acids Res.

Incorporation and influence of Leishmania histone H3 in chromatin.

Dacher M, Tachiwana H, Horikoshi N, Kujirai T, Taguchi H, Kimura H, Kurumizaka H.

2019.12 | J Biochem.

Biochemical and structural analyses of the nucleosome containing human histone H2A.

Tanaka H, Sato S, Koyama M, Kujirai T, Kurumizaka H.

2019.12 | Nucleic Acids Res.

A novel mode of DnaA-DnaA interaction promotes ADP dissociation for reactivation of replication initiation activity.

Sugiyama R, Kasho K, Miyoshi K, Ozaki S, Kagawa W, Kurumizaka H, Katayama T, Akiyama H, Torikai N, Sato T, Fujii T, Kimura H, Ogawa T.

2019.12 | Autophagy.

Identification of an AGO (Argonaute) protein as a prey of TER94/VCP.

Kobayashi H, Tomari Y.

2019.12 | Nat Commun.

Chromosome-associated RNA-protein complexes promote pairing of homologous chromosomes during meiosis in *Schizosaccharomyces pombe*.

Ding DQ, Okamasa K, Katou Y, Oya E, Nakayama JI, Chikashige Y, Shirahige K, Haraguchi T, Hiraoka Y.

2020.1 | Biochem Biophys Res Commun.

Tissue substructure-specific deposition of the β 3-containing laminin-332 in the biliary epithelium of human and mouse livers.

Yamada M, Okada H, Kikkawa Y, Miyajima A, Itoh T.

2020.1 | Mol Omics.

Transcriptome profiling of hiPSC-derived LSECs with nanoCAGE.

Danoy M, Poulain S, Kouy Y, Tauran Y, Scheidecker B, Kido T, Miyajima A, Sakai Y, Plessy C, Leclerc E.

2020.1 | Bioorganic & Medicinal Chemistry

Luciferase-based HMG-CoA reductase degradation assay for activity and selectivity profiling of oxy(lano)sterols.

Sagimori I, Yoshioka H, Hashimoto Y, Ohgane K.

2020.1 | Chem. Pharm. Bull.

Design, synthesis and biological evaluation of novel nonsteroidal progesterone receptor antagonists based on phenylamino-1,3,5-tirazine scaffold.

Kaitoh K, Nakatsu A, Mori S, Kagechika H, Hashimoto Y, Fujii S.

2020.1 | Mol Cell.

PD-1 Imposes Qualitative Control of Cellular Transcriptomes in Response to T Cell Activation.

Shimizu K, Sugiura D, Okazaki IM, Maruhashi T, Takegami Y, Cheng C, Ozaki S, Okazaki T.

2020.1 | Atlas of Science

Preparation of various nucleosomes for biochemical and structural analyses.

Dacher M, Iikura Y, Kujirai T, Kurumizaka H.

2020.1 | Nature.

Zucchini consensus motifs determine the mechanism of pre-piRNA production.

Izumi N, Shoji K, Suzuki Y, Katsuma S, Tomari Y.

2020.1 | Curr Biol.

The Phosphatase PP1 Promotes Mitotic Slippage through Mad3 Dephosphorylation.

Ruggiero A, Katou Y, Shirahige K, Séveno M, Piatti S.

2020.2 | Commun Biol.

Nucleosome destabilization by nuclear non-coding RNAs.

Fujita R, Yamamoto T, Arimura Y, Fujiwara S, Tachiwana H, Ichikawa Y, Sakata Y, Yang L, Maruyama R, Hamada M, Nakao M, Saitoh N, Kurumizaka H.

2020.2 | Neurosci Lett.

The blockade of oxytocin receptors in the paraventricular thalamus reduces maternal crouching behavior over pups in lactating mice.

Watarai A, Tsutaki S, Nishimori K, Okuyama T, Mogi K, Kikusui T.

2020.2 | Invest Ophthalmol Vis Sci.

The Microbiome of the Meibum and Ocular Surface in Healthy Subjects.

Suzuki T, Sutani T, Nakai H, Shirahige K, Kinoshita S.

2020.3 | Genes Cells.

Reversible expansion of pancreatic islet progenitors derived from human induced pluripotent stem cells.

Tanaka A, Watanabe A, Nakano Y, Matsumoto M, Okazaki Y, Miyajima A.

2020.3 | J Biol Eng.

Tubular bile duct structure mimicking bile duct morphogenesis for prospective in vitro liver metabolite recovery.

Rizki-Safitri A, Shinohara M, Tanaka M, Sakai Y.

2020.3 | Proceedings of the National Academy of Sciences

A key mammalian cholesterol synthesis enzyme, squalene monooxygenase, is allosterically stabilized by its substrate.

Yoshioka H, Coates HW, Chua NK, Hashimoto Y, Brown AJ, Ohgane K.

2020.3 | NAR Genomics and Bioinformatics

PHi-C: deciphering Hi-C data into polymer dynamics.

Shinkai S, Nakagawa M, Sugawara T, Togashi Y, Ochiai H, Nakato R, Taniguchi Y, Onami S.

2020.3 | Methods.

Methods for ChIP-seq analysis: A practical workflow and advanced applications.

Nakato R, Sakata T.

2020.3 | Oncogene.

Deubiquitylase USP25 prevents degradation of BCR-ABL protein and ensures proliferation of Ph-positive leukemia cells.

Shibata N, Ohoka N, Tsuji G, Demizu Y, Miyawaza K, Ui-Tei K, Akiyama T, Naito M.

2020.3 | J Am Soc Mass Spectrom.

Native Mass Spectrometry of Protein and DNA Complexes Prepared in Nonvolatile Buffers.

Saikusa K, Kato D, Nagadoi A, Kurumizaka H, Akashi S.

2020.3 | Protein J.

Improved Methods for Preparing the Telomere Tethering Complex Bqt1-Bqt2 for Structural Studies.

Yuzurihara H, Aizawa Y, Saotome M, Ichikawa Y, Yokoyama H, Chikashige Y, Haraguchi T, Hiraoka Y, Kurumizaka H, Kagawa W.

2020.3 | PLOS Biology

A widespread family of heat-resistant obscure (Hero) proteins protect against protein instability and aggregation.

*Tsuboyama K, Osaki T, Matsuu-
ra-Suzuki E, Kozuka-Hata H, Okada
Y, Oyama M, Ikeuchi Y, Iwasaki S,
*Tomari Y.

2020.3 | Proc Natl Acad Sci U S A.

Sexually dimorphic role of oxytocin in medaka mate choice.

Yokoi S, Naruse K, Kamei Y, Ansai S, Kinoshita M, Mito M, Iwasaki S, Inoue S, Okuyama T, Nakagawa S, Young LJ, Takeuchi H.

Seminars and Symposiums

セミナー・シンポジウム

IQB Seminar

2019.4.4 | 第1回 定量研セミナー

加藤 英明
(東京大学大学院新領域創成科学研究科・准教授)

2019.4.22 | 第2回 定量研セミナー

Xingzhi Xu, Ph.D
(Shenzhen University, China)

2019.4.25 | 第3回 定量研セミナー

谷口 雄一
(理化学研究所生命機能科学研究センター・ユニットリーダー)

2019.4.26 | 第4回 定量研セミナー

岡崎 拓
(徳島大学・教授)

2019.5.16 | 第5回 定量研セミナー

谷内出 友美
(生体有機化学研究分野・講師)

2019.5.22 | 第6回 定量研セミナー

岡崎 一美
(徳島大学・准教授)

2019.6.3 | 第7回 定量研セミナー

森田 直樹
(免疫・感染制御研究分野・研究員)

2019.6.4 | 第8回 定量研セミナー

越阪部 晃永
(Gregor Mendel Institute Frederic Berger laboratory・
Postdoctoral Fellow)

2019.6.5 | 第9回 定量研セミナー

村山 正宜
(理化学研究所脳神経科学研究センター・チームリーダー)

2019.6.10 | 第10回 定量研セミナー

石本 志高
(秋田県立大学システム科学技術学部・教授)

2019.7.22 | 第11回 定量研セミナー

船引 宏則
(The Rockefeller University・Head of Laboratory)

2019.7.24 | 第12回 定量研セミナー

麻生 能功
(Janelia Research Campus・Group Leader)

2019.7.29 | 第13回 定量研セミナー

苅郷 友美
(カルフォルニア工科大学・博士研究員)

2019.8.20 | 第14回 定量研セミナー

田川 嵩展
(National Cancer Institute/National Institutes of Health・Ph.D.)

2019.9.26 | 第15回 定量研セミナー

杉浦 大祐
(徳島大学先端酵素学研究所・特任助教)

丸橋 拓海
(徳島大学先端酵素学研究所・特任助教)

2019.10.25 | 第16回 定量研セミナー

Yuzuru Itoh
(Stockholm University/Karolinska Institutet・Ph.D.)

2019.11.11 | 第17回 定量研セミナー

松本 翔太
(Friedrich Miescher Institute for Biomedical Research・
Postdoctoral Fellow)

2019.11.12 | 第18回 定量研セミナー

東 義明
(University of Kansas・Professor)

2019.11.25 | 第19回 定量研セミナー

Heath E Johnson, Ph.D.
(Princeton University・NRSA Postdoctoral Fellow)

2019.12.13 | 第20回 定量研セミナー

Jan S. Tchorz
(Novartis Institutes for BioMedical Research・Ph.D.)

Dietmar Zehn
(Technical University of Munich・Professor)

Pere Santamaria
(University of Calgary・Professor)

2019.12.18 | 第21回 定量研セミナー

滝沢 由政
(クロマチン構造機能研究分野・助教)

岡田 由紀
(病態発生制御研究分野・准教授)

谷 憲三朗
(東京大学医科学研究所・特任教授)

2019.12.19 | 第22回 定量研セミナー

竹俣 直道
(Indiana University・Postdoctoral fellow)

2020.2.7 | 第23回 定量研セミナー

曾田 泰
(東京大学医科学研究所・特任講師)

宮本 将平
(東京大学医科学研究所・特任助教)

藤原 靖浩
(病態発生制御研究分野・特任研究員)

森 智行
(奈良先端科学技術大学院大学・助教)

2020.2.10 | 第24回 定量研セミナー

庄司 佳祐
(RNA機能研究分野・特任助教)

木戸 丈友
(幹細胞創薬社会連携部門・特任助教)

石津 光太郎
(東京大学大学院情報理工学系研究科・学術支援専門職員)

2020.2.17 | 第25回 定量研セミナー (開催中止)

2020.2.21 | 第26回 定量研セミナー

平野 恭敬
(京都大学白眉センター(医学研究科)・特定准教授)

2020.3.31 | 第27回 定量研セミナー (開催中止)

IQB Symposium

2019.6.25 | IQB Mini-Symposium 2019 “Chromatin: From Structure To Physiology”

Genevieve Almouzni
(キューリー研究所・Ph.D.)

堀籠 智洋
(ゲノム再生研究分野・助教)

岸 雄介
(東京大学大学院薬学系研究科・講師)

岡田 由紀
(病態発生制御研究分野・准教授)

坂田 豊典
(ゲノム情報解析研究分野・助教)

立和名 博昭
(がん研究所・研究員)

嶋田 美穂
(横浜市立大学医学部・特任講師)

Daniela Rhodes
(南洋理工大学・Ph.D.)

2019.8.30 | 第3回 定量研シンポジウム 「生命科学の若手フロンティア」

角井 康貢
(Francis Crick Institute・上級研究員)

中島 昭彦
(東京大学大学院総合文化研究科・助教)

丸山 剛
(早稲田大学高等研究所・講師)

近藤 徹
(東北大学理学研究科・助教)

田尻 怜子
(東京大学大学院新領域創成科学研究科・特別研究員)

吉原 栄治
(Salk Institute・主任研究員)

伊藤 拓水
(東京医科大学・准教授)

坪山 幸太郎
(RNA機能研究分野・特別研究員)

乗本 裕明
(Max Planck Institute・博士研究員)

船水 章大
(Cold Spring Harbor Laboratory・ポスドクトラルフェロー)

安原 崇哲
(東京大学大学院医学系研究科・助教)

2019.9.19 | 第4回 定量研シンポジウム

Taekjip Ha
(ジョンズ・ホプキンス大学・Ph.D.)

Christian Haering
(欧州分子生物学研究所・Ph.D.)

深谷 雄志
(遺伝子発現ダイナミクス研究分野・講師)

多田隈 尚史
(大阪大学蛋白質研究所・助教)

中戸 隆一郎
(大規模生命情報解析研究分野・講師)

木村 宏
(東京工業大学細胞制御工学研究センター・教授)

胡桃坂 仁志
(クロマチン構造機能研究分野・教授)

岡田 由紀
(病態発生病制御研究分野・准教授)

2019.11.20 | 第5回 定量研シンポジウム

多羽田 哲也
(神経生物学研究分野・教授)

狩野 方伸
(東京大学大学院医学系研究科・教授)

飯野 雄一
(東京大学大学院理学系研究科・教授)

榎本 和生
(東京大学大学院理学系研究科・教授)

竹内 春樹
(東京大学大学院薬学系研究科・特任准教授)

奥山 輝大
(行動神経科学研究分野・准教授)

東原 和成
(東京大学大学院農学生命科学研究科・教授)

酒井 邦嘉
(東京大学大学院総合文化研究科・教授)

UTokyo Open Campus

2019.8.7 | 東京大学オープンキャンパス2019

(1) 高校生対象の模擬講義

岡田 由紀
(病態発生制御研究分野・准教授)
「超DNA遺伝 ～あなたの設計図はDNAだけじゃない?!～」

胡桃坂 仁志
(クロマチン構造機能研究分野・教授)
「遺伝子制御のあたらしい仕組み『エピジェネティクス』」

(2) 高校生対象の研究所見学

多羽田 哲也
(神経生物学研究分野・教授)
「顕微鏡の世界ー生命活動を観る」

2020.3.27 | 「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 (開催中止)

Laboratory Tour

2019.6.1 | 高校生見学会

ゲノム再生研究分野

2019.6.17 | 静岡県立韮山高校

ゲノム再生研究分野

2019.7.11 | 岡山県立岡山朝日高等学校

ゲノム情報解析研究分野

2019.8.29 | 智辯学園和歌山中学校

RNA機能研究分野

2019.10.11 | 松江北高校

免疫・感染制御研究分野

2019.12.4 | 長崎北陽台高校

分子病態情報学社会連携部門
幹細胞創薬社会連携部門

2019.12.5 | 山形県興譲館高校

ゲノム情報解析研究分野

2020.2.4 | 東京学芸大附属高校

遺伝子発現ダイナミクス研究分野
行動神経科学研究分野
大規模生命情報解析研究分野

IQB Science School

2019.8.7 | 第2回 IQB サイエンススクール

「ねんどを使った子供向けのサイエンススクール」

白髭 克彦
(ゲノム情報解析研究分野・教授)
岡田 ひとみ
(株式会社チーズ)

2019.12.5 | 第3回 IQB サイエンススクール

「ねんどを使った高校生向けのサイエンススクール」

白髭 克彦
(ゲノム情報解析研究分野・教授)
岡田 ひとみ
(株式会社チーズ)

IQB Science Cafe

2019.10.17 | 第3回 IQB サイエンスカフェ

「ライフサイエンスから見たオリムピック」

司会・進行:
池上 彰
(科学技術と倫理研究分野・客員教授)

講演者:
為末 大
(Deportare Partners代表)

境田 正樹
(東京大学 理事)

岡田 由紀
(病態発生制御研究分野・准教授)

Others

その他の活動

Research Ethics Seminar

2019.5.20 | 第1回 研究倫理セミナー

白髭 克彦
(ゲノム情報解析研究分野・教授)

須谷 尚史
(ゲノム情報解析研究分野・講師)

2019.10.28 | 第2回 研究倫理セミナー

新谷 歩 (大阪市立大学医学部・教授)

2020.2.14 | 第3回 研究倫理セミナー (開催中止)

Students Support Office

2019.6.10 | 第1回 活動報告会

<教員発表>
ゲノム情報解析研究分野
高難度蛋白質生産研究分野
クロマチン構造機能研究分野

<学生発表>
ゲノム情報解析研究分野
幹細胞創薬社会連携部門

2019.7.31 | 第2回 活動報告会

<教員発表>
膜蛋白質解析研究分野
蛋白質複合体解析研究分野
生体有機化学研究分野

<学生発表>
クロマチン構造機能研究分野
RNA機能研究分野

2019.10.3 | 第1回 学生支援室 セミナー

Buchi Okereafor (Open Biology The Royal Society・
Publishing Editor)

「Open Biologyの編集者からジャーナルの選び方、High-quality
ジャーナルへの論文発表の方法について」

2019.10.15 | 第2回 学生支援室セミナー

築山 俊夫 (Fred Hutchinson Cancer Research Center
・教授)

「Regulation of cell quiescence (G0) through chroma-
tin」

「海外での研究生活について」

2019.12.9 | 第3回 活動報告会

<教員発表>
ゲノム再生研究分野
遺伝子発現ダイナミクス研究分野
分子情報研究分野

<学生発表>
クロマチン構造機能研究分野
ゲノム再生研究分野

2020.1.31 | 第4回 活動報告会 (開催中止)

2020.2.3 | 第5回 活動報告会 (開催中止)

2020.3.5 | 第6回 活動報告会 (開催中止)

Advisory Council

外部評価

新型コロナウイルス感染症防止のため、2019年度外部評価委員会（アドバイザーカOUNCIL）は開催延期。

2019年度委員

荒木 弘之
（国立遺伝学研究所・副所長/教授）
（委員長）

井ノ口 馨
（富山大学・教授）

平野 達也
（理化学研究所・主任研究員）

松藤 千弥
（東京慈恵会医科大学・教授）

Camilla Björkegren
（カロリンスカ研究所・教授）

Susan Gasser
（Friedrich Miescher Institute for Biomedical Research・所長/グループリーダー）

Rodney Rothstein
（コロンビア大学・教授）

Frank Uhlmann
（フランシスクリック研究所・グループリーダー）

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

Gallery

ギャラリー

IQB Symposium

2019.6.25 | IQB Mini-Symposium 2019
 “Chromatin: From Structure To Physiology”

IQB Mini-Symposium 2019
Chromatin: From Structure To Physiology
 June 25th (Tuesday), 2019, 13:30-17:50
 Nakajima Memorial Hall, Yayoi Campus, The University of Tokyo

Session 1 (13:35-15:05)
 Genevieve Almouzni (Institut Curie, CNRS UMR3664, France)
 Building chromatin: histone variants and chaperones at work
 Chihiro Horigome (IQB, Univ. Tokyo)
 Ribosomal RNA gene repeats associate with the nuclear pore complex for maintenance after DNA damage
 Yusuke Kishi (Grad. Sch. Pharm. Sci., Univ. Tokyo)
 Chromatin regulation during neural development

Session 2 (15:25-16:15)
 Yuki Okada (IQB, Univ. Tokyo)
 Retention and intergenerational effects of sperm histones
 Takanori Sakata (IQB, Univ. Tokyo)
 Analysis of transcription and 3D genome structure in Down's syndrome (CtSL)

Session 3 (16:15-17:45)
 Hiroaki Tachiwana (Cancer Institute, JCR)
 Chromatin structure-dependent histone incorporation
 Miho Shimada (Yokohama City Univ. Grad. Sch. Med. Sci.)
 Mechanistic analysis of gene-specific transcription through transcription from H1-compacted chromatin
 Daniela Rhodes (NTU Inst. Biol., Nanyang Tech. Univ. Singapore)
 Visualizing Chromatin using CLEM

Sponsored by MEXT Grant-in-Aid for Sci. Res. on Innov. Areas "Chromosome OS"
FREE EVENT, NO REGISTRATION REQUIRED

2019.9.19 | 第4回 定量研シンポジウム

IQB Symposium
 第4回 定量生命科学研究所シンポジウム

Dr. Taekjip Ha
 Dr. Christian Haering
 Dr. Takashi Fukaya
 Dr. Hisashi Tadakuma
 Dr. Ryuichiro Nakato
 Dr. Hiroshi Kimura
 Dr. Hitoshi Kurumizaka
 Dr. Yuki Okada
 (唐不同)

2019年 9月 19日 (木)
 13時00分~18時20分
 於 東京大学弥生キャンパス
 中島董一郎記念ホール
 参加費無料・事前登録不要

主催: 東京大学 定量生命科学研究所
 新学術領域研究「染色体オーケストレーションシステム」
 問合せ: 〒113-0032 東京都文京区弥生1-1-1
 東京大学 定量生命科学研究所 テムシナ新学術領域研究分室
 中川健世 TEL 03-5841-0756 FAX 03-5841-0757

2019.8.30 | 第3回 定量研シンポジウム

第3回 定量生命科学研究所シンポジウム
生命科学の若手フロンティア
 2019年8月30日(金) 東京大学弥生講堂一条ホール
 参加費無料・事前登録不要

10:30-10:35 開会の挨拶

10:35-11:05 角井 康貴 Francis Crick Institute
 11:05-11:35 中島 昭彦 東京大学総合文化研究科
 11:35-12:05 丸山 剛 早稲田大学高等研究所

13:15-13:45 近藤 徹 東京大学理学研究科
 13:45-14:15 田尻 怜子 東京大学新領域創成科学研究科
 14:15-14:45 吉原 栄治 Salk Institute

15:05-15:35 伊藤 拓水 東京医科大学
 15:35-16:05 坪山 幸太郎 東京大学定量生命科学研究所
 16:05-16:35 森本 裕明 Max Planck Institute

16:55-17:25 船水 章大 Cold Spring Harbor Laboratory
 17:25-17:55 安原 崇智 東京大学医学系研究科

17:55-18:00 閉会の挨拶

IQB 東京大学 定量生命科学研究所
 (Institute for Quantitative Biosciences)
 お問い合わせ: 東京大学 定量生命科学研究所 総務チーム (soumu@iam.u-tokyo.ac.jp)

2019.11.20 | 第5回 定量研シンポジウム

第5回 定量生命科学研究所シンポジウム
分子・神経・行動を繋ぐ神経科学
 11/20(水) 13:00-18:30
 東京大学弥生講堂 一条ホール
 参加費無料・事前登録不要

13:00 開会挨拶
 13:05 多羽田 哲也「脳機能の源流を探る」
 13:35 狩野 方伸「シナプス可塑性の分子メカニズム」
 14:25 飯野 雄一「感覚と行動を結びつける神経回路機構」
 15:00 榎本 和生「後生免疫細胞の構築と機能制御」
 15:35 酒井 邦喜「人間の脳の機能-意識と創造」
 16:25 竹内 春樹「自発活動パターンに依存した感覚神経回路の精緻化」
 17:00 奥山 輝大「適応的な社会行動を出力する神経メカニズム」
 17:35 東原 和成「動物の行動を支配する化学シグナルの分子神経基盤」
 18:30 パンケット

IQB 東京大学 定量生命科学研究所
 (Institute for Quantitative Biosciences)
 主催: 東京大学 定量生命科学研究所
 後援: 公財応用微生物学・分子細胞生物学研究奨励会
 お問い合わせ: soumu@iam.u-tokyo.ac.jp

IQB Science School

2019.8.7 | 第2回 IQB サイエンススクール

第2回 東京大学定量研
サイエンスねんど教室
～“かえる”がおしえてくれる、いでんしのなぞ～

命のふしぎ、研究のなぞ、ねんどを使って親子で楽しく学び、発想力を養いましょう
東京大学の白堀克彦教授（定量的生命科学研究所所長）と
ねんど岡田ひとみのコラボレーションをお楽しみに!!

【日時】
2019年 10月 13日（日）
◎ 午前の部
開場 午前10時40分
開演 午前11時
◎ 午後の部
開場 午後1時40分
開演 午後2時
(約90分後、午前と午後は同じ内容です)

【対象】
3歳以上のお子様と保護者

【場所】
東京大学定量生命科学研究所
生命科学総合研究棟3階会議室

【受講料】
お子様1名、保護者1名のペア参加
4,000円（材料費込）
※お子様、または保護者の方が
1名増えるごとに2,000円（材料費込）

【お申し込み・お問い合わせ】
専用アドレスからお申し込み下さい
<https://forms.gle/5uG2rva3D55ka29a2>
必ず参加費全員の氏名、フリガナ、年齢、住所、
電話番号、希望部（午前または午後）を記入ください。
申込数が多い場合は抽選です。

（予約受付期間）
9月25日（木）午前11時
～9月30日（日）午前11時
お問い合わせは qand@iqb.u-tokyo.ac.jp までお願いします。

教室の詳細確認・申込は
こちらから!

ねんど岡田ひとみ
（はとみデザインアートワークス）

2015年、ねんど職人「アサのやちや」から「ねんど」の授業を
子どもたちに伝達したり、創造力を育むために数回の授業や
ワークショップを行い、受講約100名、12000人以上に
直接ねんどを指導している。
海外でねんどを指導する機会も増え、世界へ向けねんどの魅力を発信する
活動中。

現在、3時～5時で放課中のイベントが（要予約）
放送中！「に」ねんどお楽しみ会として開催中！

写真：出田昌樹（写真）YOKO KESSE

IQB Science Cafe

2019.10.17 | 第3回 IQB サイエンスカフェ

第3回 東京大学定量研サイエンスカフェ

ライフサイエンスから見た
オリムピック

出演
為末大 (Deportare Partners 代表)
境田 正樹 (東京大学定量研准教授)
岡田 由紀 (東京大学定量研准教授)
司会 池上 彰 (東京大学定量研准教授)

日時：令和元年 10月 17日（木）
18:15 受付開始 19:00 開演
場所：Nagatacho GRID
申込：本公演は事前登録が必要です
主催：東京大学定量生命科学研究所
共催：文部科学省 新学術領域「染色体OS」

QRコード

The Annual Report 2019
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, IQB

Design:
Chikayuki Ogino,
Most™ / Mostdesign inc.

Photography:
Ryuzo Tanabe
Kunitoshi Takizawa

Published by :
General Affairs Team
IQB, Institute for
Quantitative Biosciences

1-1-1, Yayoi, Bunkyo-ku,
Tokyo, Japan 113-0032

Contact
soumu@iqb.u-tokyo.ac.jp
© 2021 IQB, Institute for
Quantitative Biosciences

