

領域略称名：染色体適応  
領域番号：3216

平成24年度科学研究費補助金「新学術領域研究  
(研究領域提案型)」に係る研究経過等の報告書

「ゲノムアダプテーションのシステムの理解」

(領域設定期間)  
平成22年～平成26年

平成24年6月

領域代表者 大阪大学・蛋白質研究所・教授・篠原 彰

## 2. 目次

1. 表紙	1 ページ
2. 目次	2 ページ
3. 研究領域の目的と概要	3 ページ
4. 研究の進捗状況-	4 ページ
5. 研究を推進する上での問題点と今後の対応-	5 ページ
6. 主な研究成果（発明および特許を含む） -	6 ページ
7. 研究成果の公表の状況 -	8 ページ
(1) 主な論文一覧について	8 ページ
(2) ホームページについて	14 ページ
(3) 公開発表について	14 ページ
(4) 国民と科学・技術対話について	20 ページ
8. 研究組織と各研究項目の連係状況	22 ページ
9. 研究費の使用状況	24 ページ
10. 今後の研究領域の推進方法	25 ページ
11. 総括班評価者による評価	26 ページ
その他（補足資料） 授業のアンケート結果	27 ページ

### 3. 研究領域の目的と概要

研究課題名：ゲノムアダプテーションのシステムの理解

研究期間：平成22年度から平成26年度

領域代表者 大阪大学・蛋白質研究所・教授・篠原 彰

補助金額 年度別

22年度 246,000,000円

23年度 245,400,000円 (年度末追加配分、7,000,000円)

24年度 246,900,000円

#### 【本領域の目的】

同じ生物種内ではほぼ均一のゲノムを有しているのにも関わらず、ある程度の変化を許容する現象、すなわち、同一種であることを確保しながら生物機能発現に多様的な変化を与える現象を“ゲノムアダプテーション”と定義する。ゲノムアダプテーションを統合的に理解するため、本領域研究は1) 染色体構造が形成・維持され、ゲノム変動(組換えや変異)により変化し、次世代へ継承されるメカニズム、2) 外的、内的ストレスにより変化を受けた染色体構造が中長期的に伝播され、維持されるメカニズムを明らかにする。さらには、3) 細胞周期上で離散的に収集された観測データに基づく染色体動態の数理モデル化、種間比較という大きな時間軸での進化解析を行うことで、染色体動態およびゲノム構造変化の時間軸に沿った因果関係を明らかにし、染色体情報を統合的に理解するためのシステムの構築を図る。

#### 【本領域の概要】

3つの研究領域を設定して、ゲノムアダプテーションを統合的に理解する。領域1では、配偶子形成に必要であり、染色体全体の構造変換や染色体運動と密接に関連している減数分裂期での組換えとゲノムアダプテーションとの関連を解明する(阪大, 篠原)。また、ヘテロクロマチン構造とインプリンティングが関与し、体細胞分裂期におけるゲノムアダプテーションの良いモデルとなる分裂酵母の接合型変換の分子レベルでの解明を目指す(東工大, 岩崎)。さらに、動原体の欠落などのゲノム欠損リスクに適応する、染色体構造の大胆かつ柔軟な再編成能力の解明を目指す(阪大, 石井)。領域2では、環境変化による熱ショックストレスなどによって、誘発されるゲノムアダプテーションを見付け、分子の仕組みを解明する。ショウジョウバエやマウスを用い、熱ストレスによって誘導される中、長期の染色体構造変化のメカニズムと生物学的意義を解明する(理研, 石井)。また、約一万年前に始まったと考えられるイネの栽培化過程におけるゲノムアダプテーションの解明を目指す(農生資研, 井澤)。加えて、遺伝情報のリプログラミングである受精卵や雌雄配偶子でのアダプテーション機構を明らかにする(東大, 岡田)。領域3では、モデル生物として酵母を用いて、有糸分裂期と減数分裂期における染色体結合タンパク質の動態、修飾状態、転写産物の体系的解析を実施し、個々のタンパク質の染色体上の分布から、染色体動態の総合的、体系的な理解を目指す。また、はるかに巨大で、複雑な構造を持つハエ、マウス、ヒトなどの高等真核生物染色体を対象にした基盤技術(ChIP-seq等)を確立する(東工大, 伊藤; 東大, 白髭)。ゲノムアダプテーションの基盤となるDNA変動を、急速に増大するゲノム情報を活用してデータマイニング法やその伝承形式のモデル化するプログラムを開発する(北大, 渡邊)。

## 4. 研究の進捗状況

同じ生物種内ではほぼ均一のゲノムを有しているのにも関わらず、ある程度の変化を許容する現象、すなわち、同一種であることを確保しながら生物機能発現に多様的な変化を与える現象は、生命の可塑性を象徴しており、これを“ゲノムアダプテーション”と定義する。本研究領域ではゲノムアダプテーションを統合的に理解するため、A01では、染色体構造が形成・維持され、ゲノム変動（組換えや変異）により変化し、次世代へ継承されるメカニズム、A02では、外的、内的ストレスにより変化を受けた染色体構造が中長期的に伝播され、維持されるメカニズムの解明を目指している。さらに、A03においては、染色体情報を統合的に理解するためのシステムの構築を図っている。

研究は平成22年度から順調に進捗している。以下に本領域の主な成果をまとめる。

### A01 ゲノム変動の仕組みの解明

篠原ら（阪大）はゲノム変動が活発に起きる減数分裂期の染色体運動が核膜のリモデリングにより制御されていること、その核膜リモデリングには染色体構成要素のコヒーシオンが関わることを明らかにした。核膜の新規の機能、染色体との連携を明らかにした点で新規性が高いと言える。石井（浩）ら（阪大）は新規の動原体構造の形成過程を追跡している。新規動原体形成は多段階からなる反応であり、特に可逆性の高い、不安定な中間体形成が安定な新規動原体形成に先行することを明らかにした。染色体構造のアダプテーションを考える上で中間体を見出したことは大きな進展と言える。岩崎ら（東工大）は酵母のゲノム変動の1つ接合型変換に関わる新規組換え因子の構造解析を行い、この複合体の作用機序を明らかにした。

### A02 ストレスとゲノムアダプテーション

石井ら（理研）は、熱や高浸透圧などの環境ストレスが、ATF-2 ファミリー転写因子を介して、エピジェネティック変化を誘導し、それが次世代に遺伝することを明らかにした（Cell, 2011）。このような遺伝のメカニズムを明らかにするためには、受精卵でのクロマチンダイナミクスを理解する必要がある。岡田ら（東大）は、質量分析法を用いて成熟精子中のヒストンを解析し、多数のヒストンバリエーションとその修飾を同定した。さらにChIP-seqでヒストンバリエーションと共局在する遺伝子群を明らかにした。これは受精における雄性因子の遺伝の詳細を検討する上で有用な知見である。また、井澤ら（農生資研）はイネの栽培化過程におけるゲノムアダプテーションを解析した。野生稲は果皮にタンニンを蓄積し、赤米となる。一方、我々が主に食しているのはタンニン合成系酵素の発現制御因子の変異が品種内に広がったものである。一方、品種の一部にみられる黒米では、アントシアニン合成系酵素の発現制御因子のDNAメチル化を介した異所発現が、交配遺伝で広がったことを明らかにした。

### A03 染色体情報解析法の開発

本研究項目では、新学術研究領域全般の基盤となる次世代シーケンサーを用いた新規ゲノム配列決定、RNA-seq解析、ChIP-seq解析法を実験的／情報科学的に確立することをまずは目指し、現在までにプロトタイプ的にほぼ全ての系が稼働し始めている。これらの成果は現在論文等にまとめている最中であり、またその技術は一部の研究者との共同研究という形で供与され始めている。一方、本研究項目内でこれらの技術を活かした成果は出始めており、渡邊ら（北大）は、まずウィルスをモデルとして次世代シーケンサーデータからのゲノム配列決定を行い、その手法を応用することでヒトアデノウイルス8型株(HAdV-8p)が、HAdV-8とHAdV-10の混合株であることを発見した。さらに、HAdV-8とHAdV-10の間の組換え体が同株内に存在することを明らかにした上で、組換え点のゲノム配列レベルでの特定に成功した。また、伊藤-白髭ら（東工大、東大）は染色体動態解析の一つとして、ChIP-seqの系を立ち上げ酵母を中心として種々のクロマチンタンパクの局在解析を行った。特筆すべき業績としては、コヒーシオンローダーであるScp2の局在がセントロメアおよび転写活性の高い遺伝子に普遍的に見られ、このセントロメアに置ける局在がキネトコア構成タンパクに依存していることを示したこと、Camilla Sjögren（カロリンスカ研究所）のグループとの共同研究で、染色体の長さが、複製時の立体的ストレスに影響することが示された。

上記のように、国際的にも評価される研究が進展している。発表した論文数は116報、学会発表数は207件であり、そのうち招待講演が86件と、科学者コミュニティーからも高く評価を受けていると言える。

また、社会貢献の一環として、小中高校への出前講義、研究室への中高生の受け入れを本領域では強く推奨している。平成22年から17件の高校への出前講義、受け入れを実施した。高校側からの評価も高く、大きな情報発信の場となっている(27ページのアンケート結果参照)。

## 5. 研究を推進する上での問題点と今後の対応

個々の研究は計画、公募班とも順調に進んでいると言える。本新学術領域の基盤は、項目03を中心にしたChIP-CHIP, ChIP-Seqを用いたゲノムワイド解析にある。このため、次世代シークセンサーを2台、東大に導入し、その解析は東工大においた計算機を用いて解析している。日進月歩の機械の進展に対応するためレンタルという形をとっていたが、様々な諸事情により、機器の導入が遅れ、2台を用いたフル稼働という状態にするのに半年を有してしまっただけ、当初の計画より、次世代シークセンサーが遅れている。今後はフル稼働になったので、遅れを取り戻しつつ、優先研究課題を総括班を中心に選別することで、より質の高い、インパクトのある情報を蓄積していく予定である。内容に関しては転写因子や染色体結合タンパク質の分布や、エピ情報の解析は進んでいる一方、ゲノムの変化に関しての解析が遅れているので、今後、シークセンサーの解析方法を効率化することで、この問題に取り組んでいきたい。公募班でもこのような分野に該当する研究者を積極的選抜することで対応する予定である。

採択の際にいくつかのコメントを審査委員会から頂いた。具体的には、1. 個々の研究は優れているが、新学術として分子生物学の枠を超えて、どのように新しい領域融合型の分野を生み出すのか、2. ChIP-CHIP, ChIP-Seqを中心とした連携以外の連携の必要性、3. DNAレベルのことに偏りがちであり、タンパク質の分子機能という点からの研究の必要性、4. イネの提案が方向性が異なるのでは？が上げられる。

上記のような問題点は新学術領域発足の時点から班員が意識して取り組んでいる。1. の新しい領域融合の分野の創出に関しては、いくつかその萌芽研究成果が得られている。特に、石井（理研）らのストレスの記憶が世代を超えて伝達する現象は、DNA塩基配列を介さない長期の細胞記憶という新規の概念を打ち出す可能性が高く、この分野により大きなブレークスルーが期待できる。

2. 新しい連携としては岡田が京大から白髭の属する東大分生研に異動し（平成24年2月）、これまで以上の共同研究の発展が期待できる。また、公募班の山本（静岡）は計画班の篠原（阪大）が新学術の予算で整備している蛍光顕微鏡のシステムを使うことで共同研究に発展している。3. に関しては、個々の研究者が意識することで徐々にタンパク質の機能、構造という視点でゲノムアダプテーションを捉える成果も上がりつつある。岩崎（東工大）は組換えに関与する新規のタンパク質複合体のX線結晶解析に成功している（下記）。篠原（阪大）も所属している機関（蛋白研）という環境を生かし、2つのタンパク質の結晶化構造解析に成功している。今後もタンパク質という視点も含めた上でのゲノムアダプテーションの理解を目指す。4. に関しては発足当初の計画班に植物の研究者が1名であるというのが弱点であると考えられている。植物のゲノムアダプテーションの研究は倍数化と言った植物に特徴的な染色体のアダプテーションが存在するので、イネという日本特有のリソースを利用するという点でも大切であると言える。実際に、公募によって2名の植物の研究者を加えることにより、植物の染色体の研究をより強化していく予定である。

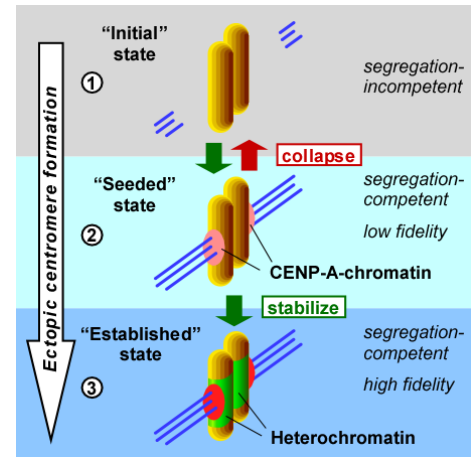
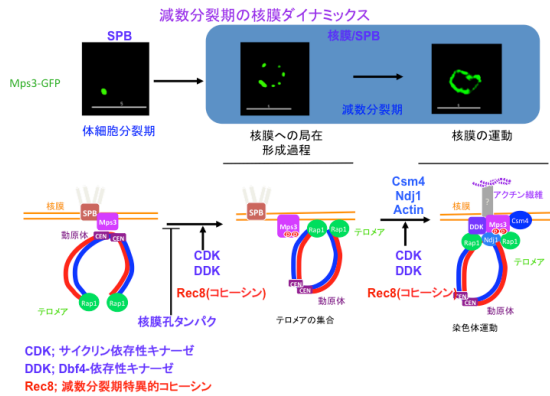
研究は順調に進んでいるとはいえ、インパクトのある論文の数は多いとは言えない。今後は残りの期間で、着実な成果を生み出しつつ、インパクトのある論文の本数を増やすことを目指したい。公募班のバランスの偏りがあり、25年度公募ではその偏りを解消しつつ、よりバイオインフォマテックスなどの駆使する研究などをとり入れることで、より新規の展開を目指したい。

社会貢献、情報発信という点で、本新学術領域では中高校への出前講義、研究室への中高生の受け入れを本領域では強く推奨している。実施件数は十分にあると言えるが、まだまだ足りないと言えるので、今後より多くの班員がこれらの企画に参加することを促したい。一方、小中高生や教師からのフィードバックを受けるのが十分でなく、アンケートフォームなどを用意することで、客観化した視点で、社会貢献事業を判断したい。

## 6. 主な研究成果（発明および特許を含む）

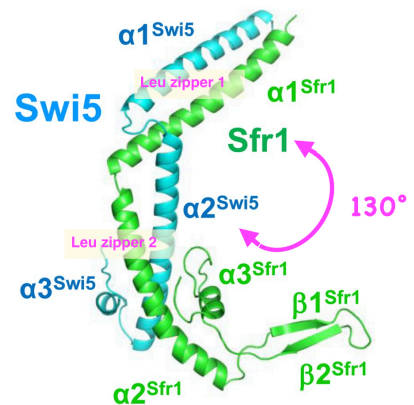
### A01 ゲノム変動の仕組みの解明

篠原らは減数分裂期の染色体ダイナミックには核膜のリモデリングが重要であり、核膜リモデリングが細胞周期によるリン酸化と染色体構成要素であるコヒーシンによって制御されることを明らかにした（左下図）。



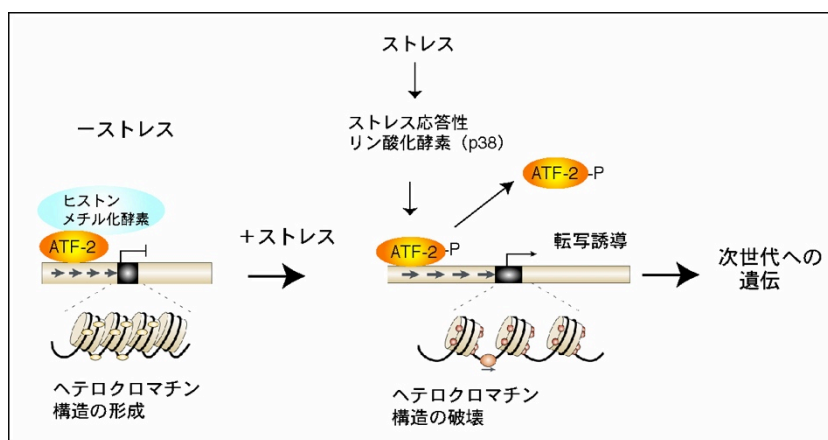
石井らは新しい動原体の形成はシード過程と言った不安定な状態から、安定なネオセントロメアに移行するといったゲノムのアダプテーションの中間体を同定した(右上図)。岩崎らは、酵母の接合型変換に関わるタンパク質複合体の構造解析を行い、その分子メカニズムを明らかにした(右図)。

公募の中では作野らが動原体の方向性を獲得するメカニズムを明らかにし、寺井らはシクリッドを用い、形成途中にある染色体のゲノム配列の研究から新規の遺伝子形成に関わる情報を得た。



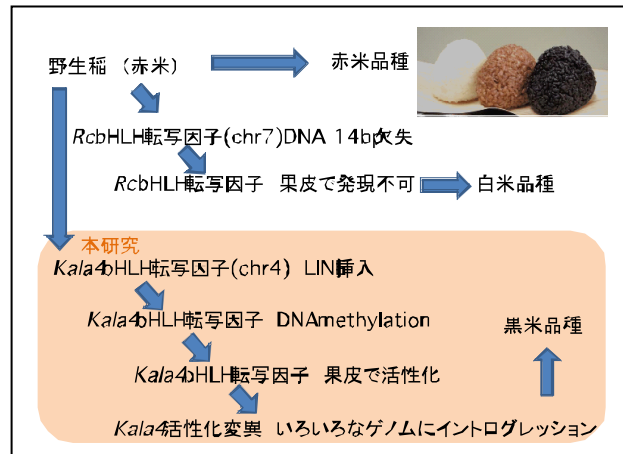
### A02 ストレスとゲノムアダプテーション

石井らは、熱や高浸透圧などの環境ストレスが、ATF-2ファミリー転写因子を介して、固いヘテロクロマチン構造を壊し、そのエピジェネティック変化が次世代に遺伝することを明らかにした（下図）（Cell, 2011）。これはストレスの影響がDNA配列の変化なしに遺伝するメカニズムを初めて明らかにしたものである。



このような遺伝のメカニズムを明らかにするためには、受精卵でのクロマチンダイナミクスを理解する必要がある。岡田ら（東大）は、質量分析法を用いてマウス成熟精子中のヒストンを解析し、多数のヒストンバリエーションとその修飾を同定した。さらにChIP-seqでヒストンバリエーションと共局在する遺伝子群を明らかにした。これは受精における雄性因子の遺伝の詳細を検討する上で有用な知見である。

また、井澤ら（農生資研）は、イネの栽培化過程におけるゲノムアダプテーションを解析した。野生稲は果皮にタンニン蓄積し、赤米となる。一方、我々が主に食しているのはタンニン合成系酵素の発現を制御する転写因子のDNA欠失変異が品種内に広がったものである。一方、品種の一部にみられる黒米（果皮にアントシアニン蓄積する）では、アントシアニン合成系酵素を制御する転写因子のDNAメチル化を介した異所発現が、交配遺伝で広範に広がったことを明らかにした（右図）。

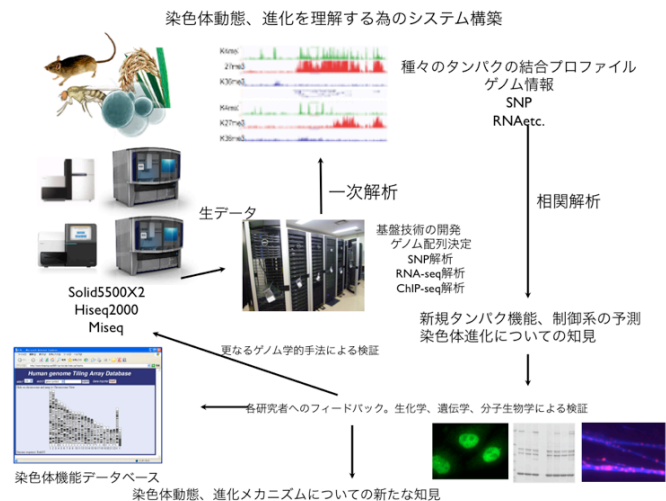


### A03 染色体情報解析法の開発

渡邊ら（北大）は、まずウイルスを遺伝的組換えモデルとして、ハンガリー、スウェーデン、ドイツ、米国、シンガポールとの共同研究体制のもとで次世代シーケンサーデータからのゲノム配列決定を行い、その手法を応用することでヒトアデノウイルス8型標準株(HAdV-8p)が、HAdV-8とHAdV-10の混合株であることを発見した。さらに、HAdV-8とHAdV-10の間の組換え体が同株内に存在することを初めて明らかにした上で、組換え点のゲノム配列レベルでの特定に成功した。その組換え点は、ハンガリーやスウェーデンで採集された欧州では低頻度でしか発生しない流行性角結膜炎原因HAdVのゲノム解析で渡邊らが同定した欧州固有系統とHAdV-8の推定組換え点と一致したことから、世界的なHAdV-8の流行にこの組換え点における組換えが重要な役割を担っていることが示唆された。また、伊藤-白髭ら（東工大、東大）は染色体動態解析の一つとして、ChIP-seqの系を立ち上げ酵母を中心として種々のクロマチンタンパクの局在解析を行った（右下図）。この系を用いた解析により、コヒーシンローダーであるSc22の局在がセントロメアおよび転写活性の高い遺伝子に普遍的に見られ、このセントロメアに置ける局在がキネトコア構成タンパクに依存していることを示したこと、Camilla Sjおよび転写（カロリンスカ研究所）のグループとの共同研究で、染色体の長さが、複製時の立体的ストレスに影響すること、Karim Labib（マンチェスター大）のグループとの共同研究で、複製停止フォークでの複製酵素複合体の安定性は、S期チェックポイントリン酸化酵素とは無関係であることが示された。

また、フィラデルフィア子供病院のグループと共同でCdLS(コルネリアデラング症候群)の新たな原因遺伝子としてHdac8を同定した(Nature in press)。タンパク脱アセチル化酵素が疾患原因遺伝子として特定されたのは初めてのことである。

Hdac8欠損型のCdLS患者の細胞内ではseparaseによる切断により染色体から解離したコヒーシン複合体が安定に存在し続け、さらに染色体に結合するコヒーシンの数が減少した。このことは、1)コヒーシンのアセチル化が複合体全体の安定化に脱アセチル化が複合体のrefreshに寄与していること、2)コヒーシンのアセチル化自身が新たなエピジェネティックマーカーとして機能しうること、を示唆しており興味深い。



## 7. 研究成果の公表の状況

### (1) 主な論文等一覧について

研究領域全体の発表論文数：116 報

主な論文（研究代表者、研究分担者、\*Corresponding author）

1. Nishant KT, Chen C, Shinohara M, Shinohara A & \*Alani E: Genetic analysis of baker's yeast Msh4-Msh5 reveals a threshold crossover level for meiotic viability. *PLoS Genetics* 6, e1001083, (2010).
2. Zhu Z, Mori D, Oshiumi H, Matsuzaki K, Shinohara M & \*Shinohara A: Cyclin-dependent kinase (CDK) promotes formation of the synaptonemal complex in yeast meiosis. *Genes Cells* 15, 1036-1050, (2010).
3. \*Hishida T, Hirade Y, Haruta N, Kubota Y & Iwasaki H: Srs2 plays a critical role in reversible G2 arrest upon chronic and low doses of UV irradiation via two distinct homologous recombination-dependent mechanisms in post-replication repair deficient cells. *Mol Cell Biol* 30, 4840-4850 (2010).
4. Kuwabara N, Hashimoto H, Yamada N, Unzai S, Ikeguchi M, Sato M, Murayama Y, Iwasaki H & \*Shimizu T: Purification and crystallization of Swi5 and Swi5-Sfr1 complex from fission yeast. *Acta Crystallogr Sect F Struct Biol Cryst Commun* F66, 1124-1126 (2010).
5. Ogiyama Y, Soejima S, Masuda F, Takahashi K & \*Ishii K: Telomere-engaged chromosome reorganization after centromere deletion in fission yeast. *Adv Chromosome Sci* 3, 76-78 (2010).
6. Maekawa T, Kim S, Nakai D, Makino C, Takagi T, Ogura H, Yamada K, Chatton B & \*Ishii S: Social isolation stress induces ATF-7 phosphorylation and impairs silencing of the 5-HT 5B receptor gene. *EMBO J* 29, 196-208 (2010).
7. Maekawa T, Jin W & \*Ishii S: The role of ATF-2 family transcription factors in adipocyte differentiation: anti-obesity effects of p38 inhibitors. *Mol Cell Biol* 30, 613-625 (2010).
8. Jones DC, Schweitzer MN, Wein M, Sigrist K, Takagi T, Ishii S & \*Glimcher LH: Uncoupling of growth plate maturation and bone formation in mice lacking both Schnurri-2 and Schnurri-3. *Proc Natl Acad Sci USA* 107, 8254-8258 (2010).
9. Egoh A, Kanesashi S, Kanei-Ishii C, Nomura T & \*Ishii S: Ribosomal protein L4 positively regulates activity of a *c-myc* proto-oncogene product. *Genes Cells* 15, 829-841 (2010).
10. Seong KH, Akimaru H, Dai P, Nomura T, Okada M & \*Ishii S: Inhibition of the nuclear import of cubitus interruptus by roadkill in the presence of strong hedgehog signal. *PLoS One* 5, e15365, 1-12 (2010).
11. Okada Y, Yamagata K, Hong K, Wakayama T & \*Zhang Y: A role for the elongator complex in zygotic paternal genome demethylation. *Nature* 463, 554-558 (2010).
12. Suzuki T, Orba Y, Okada Y, Sunden Y, Kimura T, Tanaka S, Nagashima K, Hall WW & \*Sawa H: The human polyoma JC virus agnoprotein acts as a viroporin. *PLoS Pathog* 6, e1000801 (2010).
13. Itoh H, Nonoue Y, Yano M & \*Izawa T: A pair of floral regulators sets critical day length for *Hd3a* florigen expression in rice *Nat Genetics* 42, 635-638 (2010).
14. Tanaka N, Itoh H, Sentoku N, Kojima M, Sakakibara H, Izawa T, Itoh J & \*Nagato Y: The *COP1* ortholog *PPS* regulates the juvenile-adult and vegetative-reproductive phase changes in rice *The Plant Cell* 23, 2143-2154 (2010).
15. Fujino K, Wu J, Sekiguchi H, Ito T, Izawa T & \*Matsumoto T: Multiple introgression events surrounding the *Hdl* flowering-time gene in cultivated rice, *Oryza sativa* L. *Mol Genet Genom* 284, 137-146 (2010).
16. \*Izawa T: Photoperiodic control of flowering in the short day plant *Oryza sativa* *Photoperiodism: The Biological Calendar* 38-58 (2010).
17. Nishiyama T, Ladurner R, Schmitz J, Kreidl E, Schleiffer A, Bhaskara V, Bando M, Shirahige K, Hyman AA, Mechtler K & \*Peters JM: Sororin mediates sister chromatid cohesion by antagonizing Wapl. *Cell*



- 143, 737-749 (2010).
18. Rossio V, Galati E, Ferrari M, Pelliccioli A, Sutani T, Shirahige K, Lucchini G & \*Piatti S: The RSC chromatin-remodeling complex influences mitotic exit and adaptation to the spindle assembly checkpoint by controlling the Cdc14 phosphatase. *J Cell Biol* 191, 981-997 (2010).
  19. Kuroha K, Akamatsu M, Dimitrova L, Ito T, Kato Y, Shirahige K & \*Inada T: Receptor for activated C kinase 1 stimulates nascent polypeptide-dependent translation arrest. *EMBO Rep* 11, 956-961 (2010).
  20. Pauli A, van Bommel JG, Oliveira RA, Itoh T, Shirahige K, van Steensel B & \*Nasmyth K: A direct role for cohesin in gene regulation and ecdysone response in Drosophila salivary glands. *Curr Biol* 20, 1787-1798 (2010).
  21. Beckouët F, Hu B, Roig MB, Sutani T, Komata M, Uluocak P, Katis VL, Shirahige K & \*Nasmyth K: An Smc3 acetylation cycle is essential for establishment of sister chromatid cohesion. *Mol Cell* 39, 689-699 (2010).
  22. Fachinetti D, Bermejo R, Cocito A, Minardi S, Katou Y, Kanoh Y, Shirahige K, Azvolinsky A, Zakian VA & \*Foiani M: Replication termination at eukaryotic chromosomes is mediated by Top2 and occurs at genomic loci containing pausing elements. *Mol Cell* 39, 595-605 (2010).
  23. Liu J, Zhang Z, Bando M, Itoh T, Dearnorff MA, Li JR, Clark D, Kaur M, Tatsuro K, Kline AD, Chang C, Vega H, Jackson LG, Spinner NB, Shirahige K & \*Krantz ID: Genome-wide DNA methylation analysis in cohesin mutant human cell lines. *Nucleic Acids Res* 38, 5657-5671 (2010).
  24. Mishra A, Hu B, Kurze A, Beckouët F, Farcas AM, Dixon SE, Katou Y, Khalid S, Shirahige K & \*Nasmyth K: Both interaction surfaces within cohesin's hinge domain are essential for its stable chromosomal association. *Curr Biol* 20, 279-289 (2010).
  25. Kaneko H, Aoki K, Ohno S, Ishiko H, Fujimoto T, Kikuchi M, Harada S, Gonzalez G, Koyanagi OK, Watanabe H & \*Suzutani T: Complete genome analysis of a novel intertypic recombinant human adenovirus causing epidemic keratoconjunctivitis in Japan. *J Clin Microbiol* 49, 484-490 (2010).
  26. Rao HB, Shinohara M & \*Shinohara A: The Mps3 SUN domain is important for chromosome motion and juxtaposition of homologous chromosomes during meiosis. *Genes Cells* 16, 1081-1096 (2011).
  27. Murayama Y, Tsutui Y & \*Iwasaki H: The fission yeast meiosis-specific Dmc1 recombinase mediates formation and branch migration of Holliday junctions by preferentially promoting strand-exchange in a direction opposite to that of Rad51. *Genes Dev* 25, 516-527 (2011).
  28. Murayama Y & \*Iwasaki H: An *in vitro* assay for monitoring the formation and branch migration of Holliday junctions mediated by a eukaryotic recombinase. *Methods Mol Biol* 745, 385-405 (2011).
  29. Kokabu Y, Murayama Y, Kuwabara N, Oroguchi T, Hashimoto H, Tsutsui Y, Nozaki N, Akashi S, Unzai S, Shimizu T, Iwasaki H, Sato M & \*Ikeguchi M: The fission yeast Swi5-Sfr1 complex, an activator of Rad51 recombinase, forms an extremely elongated Dogleg-shaped structure. *J Biol Chem* 286, 43569-43576 (2011).
  30. Kato Y, Kawasaki H\*, Ohyama Y, Morishita T, Iwasaki H, Kokubo T & \*Hirano H: Cells polarity in *Saccharomyces cerevisiae* depends on proper localization of the Bud9 landmark protein by the EKC/KEOPS complex. *Genetics* 188, 871-882 (2011).
  31. Akai Y, Kurokawa Y, Nakazawa N, Tonami-Murakami Y, Yoshimura S H, Iwasaki H, Shiroiwa Y, Nakamura T, Shibata E & \*Yanagida M: Opposing role of condensin hinge against replication protein A in mitosis and interphase through promoting DNA annealing. *Open Biol* 1, e110023 (2011)
  32. \*Tsutui Y, Kawasaki A & Iwasaki H: Human CtIP and its homologs: Team players in DSB resection games. in *DNA Repair - On the pathways to Fixing DNA Damage and Errors*. Ed Storici. InTech 169-184 (2011).
  33. Seong KH, Li D, Shimizu H, Nakamura R & \*Ishii S: Inheritance of stress-induced, ATF-2-dependent epigenetic change. *Cell* 145, 1049-1061 (2011).
  34. Staton TL, Lazarevic V, Jones DC, Lanser AJ, Takagi T, Ishii S & \*Glimcher LH: Dampening of death pathways by Schnurri-2 is essential for T cell development. *Nature* 472, 105-109 (2011).
  35. Nagao M, Saita Y, Hanyu R, Hemmi H, Notomi T, Hayata T, Nakamoto T, Kaneko K, Kurosawa H, Ishii

- S, Ezura Y & \*Noda M: Schnurri-2 deficiency counteracts against bone loss induced by ovariectomy. *J Cell Physiol* 226, 573-578 (2011).
36. Hou X, Omi M, Harada H, Ishii S, Takahashi Y & \*Nakamura H: Conditional knockdown of target gene expression by tetracycline regulated transcription of double strand RNA. *Dev Growth Differ* 53, 69-75 (2011).
  37. Yamagata K & \*Okada Y: (2011). Understanding paternal genome demethylation through live-cell imaging and siRNA. *Cell Mol Life Sci* 68, 1669-1679 (2011).
  38. \*Izawa T, Mihara M, Suzuki Y, Gupta M, Itoh H, Nagano AJ, Motoyama R, Sawada Y, Yano M, Hirai M, Makino A & Nagamura Y: Os-*GIGANTEA* confers robust diurnal rhythms on the global transcriptome of rice in the field. *The Plant Cell* 23, 1741-1755 (2011).
  39. Endo-Higashi N & \*Izawa T: Flowering-time genes *Heading date 1* and *Early heading date 1* together control panicle development in rice. *Plant Cell Physiol* 52, 1083-1094 (2011).
  40. Akasaka M, Konishi S & Izawa T & \*Ushiki J: Histological and genetic characteristics associated with the seed-shattering habit of weedy rice (*Oryza sativa* L.) from Okayama, Japan. *Breeding Science* 61, 168-173 (2011).
  41. Osugi A, Itoh H, Ikeda-Kawakatsu K, Takano M & \*Izawa T: Molecular dissection of the roles of phytochrome in photoperiodic flowering in rice. *Plant Physiol* 157, 1128-1137 (2011).
  42. Itoh H & \*Izawa T: A study of phytohormone biosynthetic gene expression using a circadian clock-related mutant in rice. *Plant Signaling & Behavior* 6, 1932-1936 (2011).
  43. Masumoto H, Nakato R, Kanemaki M, Shirahige K & \*Hachinohe M: The inheritance of histone modifications depends upon the location in the chromosome in *Saccharomyces cerevisiae*. *PLoS One* 6, e28980 (2011).
  44. Tanaka S, Nakato R, Katou Y, Shirahige K & \*Araki H: Origin association of Sld3, Sld7, and Cdc45 proteins is a key step for determination of origin-firing timing. *Curr Biol* 21, 2055-2063 (2011).
  45. Panizza S, Mendoza MA, Berlinger M, Huang L, Nicolas A, Shirahige K & \*Klein F: Spo11-accessory proteins link double-strand break sites to the chromosome axis in early meiotic recombination. *Cell* 146, 372-383. (2011).
  46. Bermejo R, Capra T, Jossen R, Colosio A, Frattini C, Carotenuto W, Cocito A, Doksani Y, Klein H, Gómez-González B, Aguilera A, Katou Y, Shirahige K & \*Foiani M: The replication checkpoint protects fork stability by releasing transcribed genes from nuclear pores. *Cell* 146, 233-246 (2011).
  47. Gómez-González B, García-Rubio M, Bermejo R, Gaillard H, Shirahige K, Marín A, Foiani M & \*Aguilera A: Genome-wide function of THO/TREX in active genes prevents R-loop-dependent replication obstacles. *EMBO J* 30, 3106-3119 (2011).
  48. Leung GP, Lee L, Schmidt TI, Shirahige K & \*Kobor MS: Rtt107 is required for recruitment of the SMC5/6 complex to DNA double strand breaks. *J Biol Chem* 286, 26250-26257 (2011).
  49. Kegel A, Betts-Lindroos H, Kanno T, Jeppsson K, Ström L, Katou Y, Itoh T, Shirahige K & \*Sjögren C: Chromosome length influences replication-induced topological stress. *Nature* 471, 392-396 (2011).
  50. Mainil JG, Bardiau M, Ooka T, Ogura Y, Murase K, Etoh Y, Ichihara S, Horikawa K, Buvens G, Piérard D, Itoh T & \*Hayashi T: IS621-based multiplex PCR printing method of O26 enterohaemorrhagic and enteropathogenic *Escherichia coli* isolated from humans and cattle. *J Appl Microbiol* 111, 773-786 (2011).
  51. Hu B, Itoh T, Mishra A, Katoh Y, Chan KL, Upcher W, Godlee C, Roig MB, \*Shirahige K & \*Nasmyth K: ATP hydrolysis is required for relocating cohesin from sites occupied by its Scc2/4 loading complex. *Curr Biol* 21, 12-24 (2011).
  52. Maruyama H, Shin M, Oda T, Matsumi R, Ohniwa RL, Itoh T, Shirahige K, Imanaka T, Atomi H, Yoshimura SH & \*Takeyasu K: Histone and TK0471/TrmBL2 form a novel heterogeneous genome architecture in the hyperthermophilic archaeon *Thermococcus kodakarensis*. *Mol Biol Cell* 22, 386-398 (2011).
  53. Kurze A, Michie KA, Dixon SE, Mishra A, Itoh T, Khalid S, Strmecki L, Shirahige K, Haering CH,

- Löwe J & \*Nasmyth K: A positively charged channel within the Smc1/Smc3 hinge required for sister chromatid cohesion. *EMBO J* 30, 364-378 (2011).
54. Kuwahara T, Ogura Y, Oshima K, Kurokawa K, Ooka T, Hirakawa H, Itoh T, Nakayama-Imaohji H, Ichimura M, Itoh K, Ishifune C, Maekawa Y, Yasutomo K, Hattori M & \*Hayashi T: The lifestyle of the segmented filamentous bacterium: a nonculturable gut-associated immunostimulating microbe inferred by whole-genome sequencing. *DNA Res* 18, 291-303 (2011).
55. Sato A, Oshima K, Noguchi H, Ogawa M, Takahashi T, Oguma T, Koyama Y, Itoh T, Hattori M & \*Hanya Y.: Draft Genome Sequencing and Comparative Analysis of *Aspergillus sojae* NBRC4239. *DNA Res* 18, 165-176 (2011).
56. Kaneko H, Aoki K, Ishida S, Ohno S, Kitaichi N, Ishiko H, Fujimoto T, Ikeda Y, Nakamura M, Gonzalez G, Koyanagi OK, Watanabe H & \*Suzutani T: Recombination analysis of intermediate human adenovirus type 53 in Japan by complete genome sequence. *J Gen Virol* 9, 1251-1259 (2011).
57. \*Aoki K, Benkö M, Davison AJ, Echavarría M, Erdman DD, Harrach B, Kajon AE, Schnurr D, Wadell G & Members of the Adenovirus Research Community: Toward an Integrated Human Adenovirus Designation System That Utilizes Molecular and Serological Data and Serves both Clinical and Fundamental Virology. *J Virol* 85, 5703-5704 (2011).
58. Kagami A, Sakuno T, Yamagishi Y, Ishiguro T, Tsukahara T, Shirahige K, Tanaka K & \*Watanabe Y: Acetylation regulates monopolar attachment at multiple levels during meiosis I in fission yeast. *EMBO Rep* 12, 1189-95 (2011).
59. Sakuno T, Tanaka K, Hauf S & \*Watanabe Y: Repositioning of aurora B promoted by chiasmata ensures sister chromatid mono-orientation in meiosis I. *Dev Cell* 21, 534-545 (2011).
60. Tada K, Susumu H, Sakuno T & \*Watanabe Y: Condensin association with histone H2A shapes mitotic chromosomes. *Nature* 474, 477-483 (2011).
61. Yoshida K, Terai Y, Mizoiri S, Aibara M, Nishihara H, Watanabe M, Kuroiwa A, Hirai H, Hirai Y, Matsuda Y & \*Okada N: B chromosomes have a functional effect on female sex determination in lake Victoria cichlid fishes. *PLoS Genet* 7, e1002203 (2011).
62. Pozo FM, Oda T, Sekimoto T, Murakumo Y, Masutani C, Hanaoka F & \*Yamashita T: Molecular Chaperone Hsp90 Regulates REV1-Mediated Mutagenesis. *Mol Cell Biol* 31, 3396-3409 (2011).
63. Yanagihara H, Kobayashi J, Tateishi S, Kato A, Matsuura S, Tauchi H, Yamada K, Takwzawa J, Sugawara K, Masutani C, Hanaoka F, Weemaes CM, Mori T, Zou L, \*Komatsu K: NBS1 recruits RAD18 via a RAD6-like domain and regulates Pol $\eta$ -dependent translesion DNA synthesis. *Mol Cell* 43, 788-797 (2011).
64. Yamamoto YY, Yoshioka Y, Hyakumachi M & \*Obokata J: Characteristics of corepromoter types with respect to gene structure and expression in *Arabidopsis thaliana*. *DNA Res* 18, 333-342 (2011).
65. Kusumoto M, Ooka T, Nishiya Y, Ogura Y, Saito T, Sekine Y, Iwata T, Akiba M & \*Hayashi T: IS-excision enhancer removes transposable elements from bacterial genomes and induces various genomic deletions. *Nat Commun* 2,152 (2011).
66. Urbanczyk H, Ogura Y, Hendry TA, Gould AL, Kiwaki N, Atkinson JT, Hayashi T & \*Dunlap PV: Genome Sequence of Photobacterium mandapamensis Strain svers.1.1, the Bioluminescent Symbiont of the Cardinal Fish *Siphamia versicolor*. *J Bacteriol* 193, 3144-3145 (2011).
67. Ogawa Y, Ooka T, Shi F, Ogura Y, Nakayama K, Hayashi T & \*Shimoji Y: The genome of *Erysipelothrix rhusiopathiae*, the causative agent of swine erysipelas, reveals new insights into the evolution of *Firmicutes* and the organism's intracellular adaptations. *J Bacteriol* 193, 2959-2971 (2011).
68. Kuwahara T, Ogura Y, Oshima K, Kurokawa K, Ooka T, Hirakawa H, Itoh T, Nakayama-Imaohji H, Ichimura M, Itoh K, Ishifune C, Maekawa Y, Yasutomo K, Hattori M & \*Hayashi T: The lifestyle of the segmented filamentous bacterium: a nonculturable gut-associated immunostimulating microbe inferred by whole-genome sequencing. *DNA Res* 18, 291-303 (2011).
69. Iguchi A, Shirai H, Seto K, Ooka T, Ogura Y, Hayashi T, Osawa K & \*Osawa R: Wide distribution of O157-antigen biosynthesis gene clusters 1 in *Escherichia coli*. *PLoS ONE* 6, e23250 (2011).

70. Islam KB, Fukiya S, Hagio M, Fujii N, Ishizuka S, Ooka T, Ogura Y, Hayashi T & \*Yokota A: Bile acid is a host factor that regulates the composition of the cecal microbiota in rats. *Gastroenterology* 141, 1773-1781 (2011).
71. \*Ueno M: Roles of DNA repair proteins in telomere maintenance. in *DNA Repair - On the pathways to Fixing DNA Damage and Errors*. Ed Inna Kruman. InTech 597-612 (2011)
72. Kuwabara N, Murayama Y, Hashimoto H, Kokabu Y, Ikeguchi M, Sato M, Mayanagi K, Tsutsui Y, \*Iwasaki H & \*Shimizu T: Mechanistic insights into the activation of Rad51-mediated strand exchange from the structure of a recombination activator, the Swi5-Sfr1 complex. *Structure* 20, 440-449 (2012).
73. Ogiyama Y & \*Ishii K: The smooth and stable operation of centromeres. *Genes Genet Syst* 87, 63-73 (2012).
74. Seong KH, Maekawa T & \*Ishii S: Inheritance and memory of stress-induced epigenome change: roles played by the ATF-2 family of transcription factors. *Genes Cells* 17, 249-263 (2012).
75. Ikeda-Kawakatsu K, Maekawa M, Izawa T, Itoh J & \*Nagato Y: *ABERRANT PANICLE ORGANIZATION 2/RFL*, the rice ortholog of *Arabidopsis LEAFY*, suppresses the transition from inflorescence meristem to floral meristem through interaction with APO1. *The Plant J* 69, 168-180 (2012).
76. \*Izawa T: Physiological significance of the plant circadian clock in natural field conditions. *Plant, Cell and Environment* (Published Online) (2012).
77. De Piccoli G, Katou Y, Itoh T, Nakato R, Shirahige K & \*Labib K.: Replisome stability at defective DNA replication forks is independent of S phase checkpoint kinases. *Mol Cell* 45, 696-704 (2012).
78. Hayano M, Kanoh Y, Matsumoto S, Renard-Guillet C, Shirahige K & \*Masai H: Rif1 is a global regulator of timing of replication origin firing in fission yeast. *Genes Dev* 26, 137-150 (2012).
79. Davidson MB, Katou Y, Keszthelyi A, Sing TL, Xia T, Ou J, Vaisica JA, Thevakumaran N, Marjavaara L, Myers CL, Chabes A, Shirahige K & \*Brown GW: Endogenous DNA replication stress results in expansion of dNTP pools and a mutator phenotype. *EMBO J* 31, 895-907 (2012).
80. Higashi TL, Ikeda M, Tanaka H, Nakagawa T, Bando M, Shirahige K, Kubota Y, Takisawa H, Masukata H & \*Takahashi TS: The Prereplication Complex Recruits XEco2 to Chromatin to Promote Cohesin Acetylation in *Xenopus* Egg Extracts. *Curr Biol* 22, 977-988 (2012).
81. Deardorff MA, Bando M, Nakato R, Watrin E, Itoh T, Minamino M, Saitoh K, Komata M, Katou Y, Clark D, Cole KE, Baere ED, Decroos C, Donato ND, Ernst S, Francey LJ, Gyftodimou Y, Hirashima K, Hullings M, Ishikawa Y, Jaulin C, Kaur M, Kiyono T, Lombardi PM, Magnaghi-Jaulin L, Mortier GR, Nozaki N, Petersen MB, Seimiya H, Siu VM, Suzuki Y, Takagaki K, Wilde JJ, Willems PJ, Prigent C, Gillessen-Kaesbach G, Christianson DW, Kaiser FJ, Jackson LG, Hirota T, \*Krantz ID & \*Shirahige K: HDAC8 mutations in Cornelia de Lange Syndrome affect the cohesin acetylation cycle. *Nature* in press (2012).
82. Bustard DE, Menolfi D, Jeppsson K, Ball LG, Dewey SC, Shirahige K, Sjogren C, Branzei D & \*Cobb JA: During replication stress Non-Smc-Element 5 is required for Smc5/6 complex functionality at stalled forks. *J Biol Chem* in press (2012).
83. Yamada A, Koyanagi OK, \*Watanabe H: *In silico* and *in vivo* identification of the intermediate filament vimentin that is downregulated downstream of Brachyury during *Xenopus* embryogenesis. *Gene* 491, 232-236 (2012).
84. Takada T & \*Shiroishi T: Complex quantitative traits cracked by the mouse inter-subspecific consomic strains. *Exp Anim* in press (2012).
85. Oka A & \*Shiroishi T: The role of the X chromosome in house mouse speciation. In *Evolution of The House Mouse*. Cambridge Series in Morphology and Molecule, *Cambridge University Press* in press (2012).
86. \*Masutani C: Human DNA polymerase  $\eta$  and its regulatory mechanisms. *Genes Environ* 34, 63-69 (2012).
87. Ukimori S, Kawabata N, Shimada H, Imano R, Takahashi K, Yukawa M, Tsuchiya E & \*Ueno M: A

- double mutant between fission yeast telomerase and RecQ helicase is sensitive to thiabendazole, anti-microtubule drug. *Biosci Biotechnol Biochem* 76, 264-269 (2012).
88. Maruyama EO, Hori T, \*Tanabe H, Kitamura H, Matsuda R, Tone S, Hozak P, Habermann FA, von Hase J, Cremer C, Fukagawa T & \*Harata M: The actin family member Arp6 and the histone variant H2A.Z are required for spatial positioning of chromatin in chicken cell nuclei. *J Cell Science* in press (2012).
89. Mimura I, Nangaku M, Kanki Y, Tsutsumi S, Inoue T, Kohro T, Yamamoto S, Fujita T, Shimamura T, Suehiro JI, Taguchi A, Kobayashi M, Tanimura K, Inagaki T, Tanaka T, Hamakubo T, Sakai J, Aburatani H, Kodama T & \*Wada Y: Dynamic change of the chromatin conformation in response to hypoxia enhances the expression of GLUT3 (SLC2A3) by cooperative interaction of HIF1 and KDM3A. *Mol Cell Biol* in press (2012).

日本語雑誌レビュー等 (研究代表者、研究分担者)

1. 石井俊輔: ストレスによるエピジェネティック変化は遺伝するか、医学のあゆみ、235 (10)、1075-1080 (2010)
2. 須谷尚史、白髭克彦: コヒーシオンによる姉妹染色体分体間接着の形成メカニズム、細胞工学、29 (9)、901-906 (2010)
3. Seong Ki-Hyeon、石井俊輔: ストレスによるエピゲノム変化とその遺伝、実験医学、29 (18)、2987-2989 (2011)
4. 伊藤博紀、井澤毅 光応答と開花制御: 日の長さの変化を認識して花を咲かせるメカニズム、細胞工学、30 (2)、161-166 (2011)
5. 井澤毅: 農業生産と体内時計の切っても切れない深い関係、体内時計の科学と産業応用、5(16)、125-133 (2011)
6. 上野勝: テロメアを標的としたがん治療研究の展開、バイオサイエンスとインダストリー、69、365-370 (2011)
7. 木村透: 始原生殖細胞から多能性幹細胞への初期化機構、医学のあゆみ、239 (14)、1283-1288 (2011)
8. 小椋義俊: 腸管出血性大腸菌と腸管病原性大腸菌のゲノム解読と病原性進化メカニズムの解明、日本細菌学雑誌、66(2)、175-186 (2011)
9. 中戸隆一郎、伊藤武彦、白髭克彦: 次世代シーケンサーによる染色体構造解析—その実情と今後、実験医、30 (6)、976-982 (2012)
10. 渡邊日出海: 進化学事典「ゲノム時代の進化学」、日本進化学会編、共立出版社 (2012)
11. 木村透: 哺乳類の生殖細胞における分化多能性の誘導、実験医学、30 (10)、1579-1583 (2012)
12. 小椋義俊、大岡唯祐、林哲也: 腸管出血性大腸菌 O111 の進化と病原性、神経内科、76 (2)、155-163 (2012)
13. 河野宏光、城石俊彦: 相同染色体間組換えのホットスポット - 研究の歴史と最近の急展開、生物の科学・遺伝、エヌ・ティー・エス社、(印刷中) (2012)

## (2) ホームページについて

ホームページアドレス：<http://genome-adaptation.bio.titech.ac.jp/>

以下のような研究成果を掲載している。

1. 岩崎博史（東工大）らにより、分裂酵母の組換え酵素 Dmc1 の作用メカニズムが明らかにされました。
2. 石井俊輔（理研）らにより、ストレスによるエピゲノム変化が遺伝することが示されました。
3. 伊藤武彦（東工大）、白髭克彦（東大）らにより、Camilla Sjögren（カロリンスカ研究所）のグループとの共同研究で、染色体の長さが、複製時の立体的ストレスに影響することが示されました。
4. 伊藤武彦（東工大）、白髭克彦（東大）らにより、Karim Labib（マンチェスター大）のグループとの共同研究で、複製停止フォークでの複製酵素複合体の安定性は、S 期チェックポイントリン酸化酵素とは無関係であることが示されました。

アクセス数：月平均 500 件程度

ホームページの情報を見て、共同研究の申込みもあり、有効に活用されている。

## (3) 公開発表について

本新学術研究領域が開催（共催）したシンポジウム  
国際会議

1. The 7th 3R Symposium (International Symposium on DNA Replication, Recombination and Repair)  
（主催）  
場所：Toyama Conference Center  
日時：2010年10月26日-30日  
参加者：約 150 名  
主催者：篠原 彰
2. International Symposium on “Physicochemical Field for Genetic Activities”（共催）  
場所：淡路夢舞台国際会議  
日時：2011年1月24日-26日  
参加者：約 200 名  
主催者：平岡 泰（阪大）

国内会議

1. 第28回染色体ワークショップ（主催）  
場所：加賀-山代温泉 瑠璃光  
日時：2011年1月11日-13日  
参加者：約 120名  
主催者：篠原 彰（阪大）
2. 第21回DNA複製・組換え・ゲノム安定性制御ワークショップ（共催）  
場所：サンピア福岡  
日時：2011年10月25日-27日  
参加者：約 100名  
主催者：DNA複製・組換え・ゲノム安定性制御ワークショップ準備委員会  
釣本敏樹、片山勉、藤田雅俊-（九大）

3. 第10回核ダイナミクス研究会 (共催)  
 場所：クラッセホテル北広島  
 日時：2011年10月26日-28日  
 参加者：約 80名  
 主催者：村上洋太- (北大)
4. 第29回染色体ワークショップ (共催)  
 場所：仙台秋保温泉 ホテルニュー水戸屋  
 日時：2012年1月25日-27日  
 参加者：約 140名  
 主催者：平野達也 (理研)、胡桃坂仁志 (早稲田)

#### 班会議

1. 第1回班会議  
 場所：東工大蔵前ホール  
 日時：2010年7月6日-7日
2. 第2回班会議  
 場所：阪大田町オフィス  
 日時：2010年12月21日
3. 第3回班会議  
 場所：ANAクラウンホテル (札幌)  
 日時：2011年8月30日-31日
4. 第4回班会議  
 場所：東大山上会館  
 日時：2012年7月4日-5日 (予定)

#### 国内外の会議等での招待講演 (研究代表者、研究分担者)

1. Shinohara A: The PCSS(Psy3-Csm2-Shu1-Shu2) complex play a role in Rad51-assembly in homologous recombination、EMBO workshop on recombination、Italy、May (2010)
2. Iwasaki H: Biochemical differences between Rad51 and Dmc1 recombinases from fission yeast、3R Symposium (International Symposium on DNA Replication, Recombination and Repair)、富山、10月 (2010)
3. 岩崎博史：組換え修復と Holliday 構造の分岐点移動反応の方向性、第33回日本分子生物学会年会シンポジウム、神戸 12月 (2010)
4. 石井浩二郎：セントロメア欠失にともなう染色体再編成の分子機序、阪大蛋白研セミナー「ゲノム機能の記憶の成立機序とその制御」、大阪、11月 (2010)
5. 荻山友貴、石井浩二郎：テロメアとセントロメアに導かれる染色体再編成、第33回日本分子生物学会年会ワークショップ、神戸、12月 (2010)
6. Ishii S: Epigenetic regulation by ATF-2 family of transcription factors in response to various stresses、第62回細胞生物学会シンポジウム“Epigenetic inheritance and genome reprogramming”、大阪、5月 (2010)
7. 石井俊輔：Inheritance of stress-induced epigenetic change、第15回東大分生研シンポジウム「エピゲノム研究の最先端」東京、11月 (2010)
8. 石井俊輔：ATF-2 ファミリー転写因子とエピジェネティック制御、阪大蛋白研セミナー「ゲノム機能の記憶の成立機序とその制御」東京、11月 (2010)
9. 石井俊輔、成者鉉、志水英之、季棟、前川利男：ATF-2 ファミリー転写因子を介したストレス依存的なエピジェネティック制御、第33回日本分子生物学会年会シンポジウム、神戸、12月 (2010)

10. Okada Y: DOT1L/KMT4, an H3K79 methyltransferase, is required for the maintenance of spermatogonial stem cells、第 33 回日本分子生物学会年会シンポジウム、神戸、12 月 (2010)
11. Shirahige K: Transcription regulation by Cohesin modification、「CdSL Foundation Dallas」、コルネリアアデランゲ症候群の子供を持つ親の基金講演シンポジウム、Dallas、USA、June (2010)
12. 白髭克彦: 次世代シーケンサーで迫る染色体ダイナミクス、日経バイオ B T J プロフェッショナルセミナー「普及する次世代シーケンサーと姿を現した 1 分子 DNA シーケンサー、我が国の生命科学と生命産業興隆にどう活かすのか?」、東京、6 月 (2010)
13. 白髭克彦: コヒーシンのアセチル化とその意義、奈良先端科学技術大学院大学 平成 22 年度ワークショップ「高速シーケンスが拓く次世代研究の世界」、奈良、7 月 (2010)
14. 伊藤武彦: 新型シーケンサーを用いた de novo 配列決定および ChIP-seq データ解析の事例紹介、奈良先端科学技術大学院大学 平成 22 年度ワークショップ「高速シーケンスが拓く次世代研究の世界」、奈良、7 月 (2010)
15. Shirahige K: Re-visiting yeast chromosome structure by next generation sequencer, 2010FASEB Summer Research Conferences "Yeast Chromosome Structure, Replication and Segregation", Arizona, USA, Aug (2010)
16. 白髭克彦: Regulation of Cohesin Dynamics by acetylation and deacetylation、九州大学 第 6 回 GCOE 国際シンポジウム「New Horizons for Modern Science: Biology and Medicine at the Crossroads」、福岡、8 月 (2010)
17. 白髭克彦: クロマチン構造解析の最新動向、財団法人ヒューマンサイエンス振興財団、東京、8 月 (2010)
18. 白髭克彦: Chip-sequence とクロマチン制御、第 11 回運動器科学研究会、長野、9 月 (2010)
19. 伊藤武彦: 新型シーケンサーの情報解析とゲノム情報、東大分生研セミナー、東京、10 月 (2010)
20. Shirahige K: Hdac8 is a cohesin deacetylase that is required for recycling of cohesion、第 5 7 回基生研国際コンファレンス「ダイナミックゲノム」、愛知、10 月 (2010)
21. 白髭克彦: 次世代シーケンサーが開く新しい染色体研究、千里ライフサイエンスセミナー 次世代高速シーケンサーが解明する新しい生命像 – 生命の分子レベルでの理解に向けて-、大阪、10 月 (2010)
22. 白髭克彦: コヒーシンの脱アセチル化修飾とその意義、奈良先端科学技術大学院大学 機能ゲノム学・蛋白質情報学、奈良、10 月 (2010)
23. Shirahige K: Cohesin Acetylation Cycle、3R (Replication, Recombination and Repair) program、富山、10 月 (2010)
24. Shirahige K: Transcriptional and cell cycle regulation in early embryogenesis、東大分生研シンポジウム、東京、11 月 (2010)
25. Shirahige K: Hdac8 is a cohesion deacetylase that is required for recycling of cohesion、第 33 回日本分子生物学会年会シンポジウム、神戸、12 月 (2010)
26. 白髭克彦: 染色体-生命機能のプラットフォーム-を解剖する、横浜市立大学大学院 生命ナノシステム科学研究科開講科目、横浜、12 月 (2010)
27. 渡邊日出海、石丸貴史。「地球起因説に基づく? 化学進化の再構築」アストロバイオロジーワークショップ、調布、10 月 (2010)
- 27-1. Gabriel Gonzalez, Kanako Koyanagi & Hidemi Watanabe: Human Adenoviruses and Epidemic Kerato Conjunctivitis (EKC)–Evolution by recombination. 国立遺伝学研究所研究会、三島、4 月 (2011)
28. Tawaramoto, M, Sasanuma H, Hunter N, Nakagawa A, Shinohara M & Shinohara A: CDK (cyclin-dependent kinase)- and DDK (Dbf4-dependent kinase)-dependent regulation of chromosome movements in meiosis. Keystone Symposia on DNA replication and recombination, Denver, USA, Feb (2011)
29. Shinohara A, Sasanuma H, Tawaramoto M, Hosaka H, Nakagawa A & Shinohara M: Mediators of two RecA homologs, Rad51 and Dmc1. FASEB Summer Research Conferences, Colorado, USA,



July (2011)

30. Iwasaki H: Molecular mechanism of DNA strand exchange reaction, a central reaction of homologous recombination mediated by recombinases, China-Japan Symposium on Cancer Research. Shinzhen, China, May (2011)
31. Iwasaki H: Differential effects of Rad22 on the Rad51- and Dmc1-mediated DNA strand exchange reactions. The 6th international fission yeast meeting. Boston, USA, June (2011).
32. 岩崎博史: 生化学若い研究者の会、八王子、9月 (2011)
33. 岩崎博史: 相同組換えにおける DNA 鎖交換反応の制御機構、日本遺伝学会第 83 回大会、京都、9月 (2011)
34. Iwasaki H: Regulation of Rad51 and Dmc1 recombinases in fission yeast. New frontier of the research in Rad51 recombinase and its accessory proteins. Paris, France, Sep (2011).
35. Iwasaki H: Reconstitution of two DNA strand exchange reactions during homologous recombination. 第 34 回日本分子生物学会年会、横浜、12月 (2011)
36. 石井浩二郎: 染色体編成はどうやって変化するのか?、第 23 回高遠シンポジウム、高遠、8月 (2011)
37. 石井浩二郎: 染色体高次機能構築の制御機構、日本遺伝学会第 83 回大会奨励賞受賞講演、京都、9月 (2011)
38. Ishii K: Chromosomal reorganizations provoked by centromere dysfunction、第 34 回日本分子生物学会年会ワークショップ、横浜、12月 (2011)
39. 石井俊輔: 環境・代謝ストレスによるエピジェネティック変化と疾患、第 2 回 Molecular Cardiovascular Conference II、小樽、9月 (2011)
40. 石井俊輔: Inheritance of stress-induced epigenome change: research using fly and mouse、第 34 回日本分子生物学会年会ワークショップ、横浜、12月 (2011)
41. Okada Y: Investigation of the role of DOT1L, an H3K79 methyltransferase, during spermatogenesis”. 第 16 回日本生殖内分泌学会年会、東京、11月 (2011)
42. Shirahige K: Hdc8 is a cohesion deacetylase that is required for recycling of cohesion、International Symposium on Physicochemical Field for Genetic Activities, Awaji, Japan, Jan (2011)
43. 白髭克彦: 次世代シーケンスとエピゲノム、東京医科歯科大学 次世代オミックス医療特別講演会シリーズ、東京、2月 (2011)
44. Shirahige K: Genome wide regulation of cohesin acetylation、6th UK-Japan Cell Cycle Workshop、Windermere, UK、April (2011)
45. 白髭克彦: Hdac8 欠損型コヒーシン病に見られるコヒーシン代謝異常—コヒーシンアセチル化制御とその意義—、第 5 回日本エピジェネティクス研究会年会、熊本、5月 (2011)
46. Shirahige K: HDAC8 mutations in Cornelia de Lange Syndrome provide insight into the cohesin acetylation cycle、熊本、6月 (2011)
47. Shirahige K: Regulation of Cohesin dynamics by acetylation and deacetylation、東工大生命 G C O E 国際シンポジウム・東京工業大学、横浜、7月 (2011)
48. 白髭克彦: コヒーシンアセチル化制御とその意義 (Hdac8 変異型コルネリアデラング症候群の同定とその解析)、京都大学ウイルス研究所学術講演会、京都、7月 (2011)
49. Shirahige K: HDAC8 mutations in Cornelia de Lange Syndrome provide insight into the cohesin acetylation cycle、国際ゲノム会議 (164 委員会)、東京、7月 (2011)
50. Shirahige K: HDAC8 mutations in Cornelia de Lange Syndrome provide insight into the cohesin acetylation cycle、第 5 回 AYRCOB (Asian Young Researchers Conference on Computational and Omics Biology)、韓国、8月 (2011)
51. Shirahige K: Mec1 is required for efficient replication fork pausing at Cohesin sites、EMBO Workshop、Montpellie, France、Sep (2011)
52. Shirahige K: Re-visiting eukaryotic chromosome structure by next generation sequencer、SFBM Symposium (Swedish Society for Biochemistry and Molecular Biology Symposium)、Dalarna、Sweden、Sep (2011)

53. 白髭克彦、伊藤武彦：ゲノム学的手法による染色体構造解析、この10年のあゆみ、細胞システムコロキウム、理化学研究所（埼玉）、11月（2011）
54. 白髭克彦：Hdac8欠損型コヒーシン病にみられるコヒーシン代謝異常ーコヒーシンアセチル化制御とその意義ー、第62回（2011年度）年会（財）染色体学会 染色体構造ー形態と分子との対話ー、平塚、11月（2011）
55. 白髭克彦：次世代シーケンサーと酵母染色体ダイナミクス、酵母細胞研究会例会、横浜、12月（2011）
56. Shirahige K: Chromatin profiling analysis by ChIP-seq、第34回日本分子生物学会年会シンポジウム、横浜、12月（2011）
57. Watanabe H, Miyamoto J, Kaneko S, Haseyama M, Miyanaga Y, Sueoka K & Arimura H: Exploration of the Deep-Sea Floor for New Species Using a Newly-developed Submersible.”GCOE-NGIT 2011, Sapporo, January (2011)
58. Gonzalez G, Koyanagi OK & Watanabe H: Human Adenoviruses and Epidemic Kerato Conjunctivitis (EKC) Evolution by Recombination、国立遺伝学研究所研究会、三島、4月（2011）
59. Takeshita K, Deblieck M, Buczek D, Koyanagi OK, Watanabe H & Makalowski W: Comparative Genomics of Retrogenes in Green Algae, SMBE2011, Workshop2: Reverse transcriptase as an evolutionary force, Kyoto, Japan, July (2011)
60. Takeshita K, Deblieck M, Buczek D, Koyanagi OK, Watanabe H & Makalowski W: Molecular Evolutionary Analysis of Retrogenes in Green Algae, Young Researchers Conference on Evolutionary Genomics, P-18, Tokyo, Japan, August (2011)
61. 竹下和貴、渡邊日出海：キャリブレーション情報の不確かさが種分岐年代推定に与える影響のシミュレーションに基づく評価、第4回若手研究者支援のための産学協同 GCOE 国内シンポジウム、北海道大学、10月（2011）
62. Miyamoto J, Yamamoto J, Hoshi N, Takagi S, Kaneko S, Haseyama M, Sueoka K, Arimura H, Sakurai Y & Watanabe H: Exploration of the Deep-sea Floor for New Species Using a Newly-developed Submersible, The 4<sup>th</sup> International Barcode of Life Conference, Adelaide, November (2011)
63. Sakuno T, Tanaka K, Hauf S & Watanabe Y: . Repositioning of Aurora B promoted by chiasmata ensures sister chromatid mono-orientation in meiosis I. 第34回日本分子生物学会年会ワークショップ、横浜、12月（2011）
64. Sakuno T, Tanaka K, Hauf S & Watanabe Y: Chiasmata coordinate bi-orientation of bivalents and mono-orientation of sister chromatids in meiosis. UK Japan Cell Cycle Workshop, Windermere, UK, April (2011)
65. 三村覚：複製異常とレトロトランスポジション活性化、遺伝研研究集会、三島、10月（2011）
66. 益谷央豪：XPV 責任遺伝子産物 Pol eta を制御するメカニズム、平成23年度日本環境変異原学会公開シンポジウム、東京、5月（2011）
67. Masutani C, Kashiwaba S, Kanao R, Hanaoka F: Analysis of physiological relevance of PCNA mono-ubiquitination in human cells. 27<sup>th</sup> RBC-NIRS International symposium “Chromatin dynamics and epigenetic memory in DNA damage response”、京都、12月（2011）
68. Ueno M: Dysfunctional telomere activates both DNA damage checkpoint and spindle checkpoint in fission yeast *S. pombe*、The 5th International Workshop on Cell Regulations in Division & Arrest、沖縄、10月（2011）
69. 上野勝: Dysfunctional telomere activates both DNA damage checkpoint and spindle checkpoint in fission yeast *S. pombe*、第34回日本分子生物学会ワークショップ、DNAダイナミクスによる染色体維持の新展開の企画、沖縄、12月（2011）
70. 田辺秀之：細胞核と染色体構造の動態：核内空間配置に関する分子基盤について、第5回日本エピジェネティクス研究会年会、熊本、5月（2011）
71. Tanabe H: Role of spatial positioning of chromosome territories in the genome evolution. SMBE

- 2011 Kyoto Conference (Annual Conference of Society for Molecular Biology and Evolution), Symposium 10、京都、7月 (2011)
72. 和田洋一郎: 超高速シーケンサーが明らかにした転写に伴うダイナミックな染色体構造変化と新たな転写装置の概念。第2回 ART セミナー、岡山、5月 (2011)。
  73. Shionhara A: Roles of cohesin and CDK,DDK-dependent phosphorylation of SUN protein Mps3 in meiosis-specific nuclear envelope remodeling. Gordon Research Conferences, New London, USA, June (2012).
  74. Iwasaki H: Structure and functions of the fission yeast Swi5-Sfr1 complex, an activator of Rad51 presynaptic filaments. 2012 ASBMB Annual Meeting. San Diego, USA, April (2012)
  75. Iwasaki H: Structure and functions of the fission yeast Swi5-Sfr1 complex, an activator of the Rad51 presynaptic filament. EMBO Workshop on Recombination Mechanisms and Genome Instability. Jerez de la Frontera, Spain, May (2012)
  76. Ishii S: Role of ATF-2 family transcription factors in inheritance of epigenetic change induced by stress. The 8<sup>th</sup> Okazaki Biology Conference “Specification and adaptation II – Environment and epigenetics”, 岡崎、3月 (2012)
  77. Ishii S: Role of ATF-2 family transcription factors in inheritance of epigenetic change induced by stress. 第45回日本発生物学会・第6回細胞生物学会合同大会シンポジウム “Epigenomic regulation of gene expression”, 神戸、5月 (2012)
  78. Okada Y: Investigation of the role of DOT1L, an H3K79 methyltransferase, during spermatogenesis, The 6th Japanese-French Frontiers of Science Symposium, Nice, France, Jan (2012)
  79. Oguchi T, Maeda H, Yamaguchi T, Ebana K, Yano M, Ebitani T & Izawa T: Transcriptome and association analyses of candidate genes associated with black rice phenotype, Plant & Animal Genome XX Conference, San Diego, USA, Jan (2012)
  80. 白髭克彦: Hdac8 によるコヒーシ脱アセチル化とその意義、東京大学腎臓・内分泌科リサーチカンファレンス、東京、2月 (2012)
  81. 伊藤武彦: short read アセンブラの開発東京工業大学バイオ研究基盤支援総合センターシンポジウム、横浜、2月 (2012)
  82. 伊藤武彦: Heterozygote に有効なアセンブリーストラテジー、インフォマティクス情報交換会特別講演、沖縄、3月 (2012)
  83. Watanabe H, Miyamoto J, Yamamoto J, Hoshi N, Takagi Kaneko S, Haseyama M, Sueoka K, Arimura H, Iwamori T & Sakurai Y: Benthic Animals Sampled from -2036m Sea Floor off Cape Erimo with A Newly-Developed Submersible HUBOS-2K.” GCOE-NGIT 2012, Sapporo, January (2012)
  84. Takeshita K & Watanabe H: “Simulation-based assessment of the effects of calibration uncertainty and of increasing calibrations on molecular divergence time estimation,” GCOE-NGIT 2012, B-01, Sapporo, January (2012)
  85. Masutani C: Analysis of mono-ubiquitylation of PCNA in human cells. US-Japan DNA Repair Meeting, Virginia, USA, April (2012)
  86. 和田洋一郎: 心血管系エピゲノム研究を通して得られた転写メカニズムの新しい概念、第六回日本エピジェネティクス研究会年会、東京、5月 (2012)

#### (4) 「国民との科学・技術対話」について

##### 一般向け講演（研究代表者）

1. 井澤毅：市民公開講座 イネって、どこから来たの？—DNA 上に残されたイネの記憶をたどって—「食のルーツを探る—ゲノムでわかるコムギとイネ—」、2010年6月8日、パシフィコ横浜会議センター
2. 渡邊日出海：深海底に棲む微小動物たちの知られざる世界へ、日本学術会議主催サイエンスカフェ、2010年8月2日、札幌
3. 篠原彰：ヒトの姿と遺伝子、参加者：東京知道会（茨城県立水戸第一高校同窓会）計100名、2011年2月26日、東京都読売文化ホール
4. 益谷央豪：DNA 損傷の修復と複製、変異、発癌 第16回鶴舞公開セミナー「最先端医学研究の現在・未来」2011年4月8日、名古屋
5. 小椋義俊：ゲノム解析から見えてきた腸管出血性大腸菌の病原性進化メカニズム、ICD（Infection control doctor）講習会&一般公開セミナー、参加者：ICD 認定者、及び一般市民 約200名、2011年8月20日、東京慈恵医科大学
6. 小保方潤一：ゲノム科学から見た植物園、京都府立大学大学院生命環境科学研究科公開シンポジウム、2011年8月20日、京都府立大学
7. 小保方潤一：植物ゲノムの謎を解く！光を食べる生き物たち、京都府立大学公開講座、2011年10月29日、京都府立大学
8. 篠原彰：遺伝子が語るヒトの姿、参加者：西日本水中一高会 一般人、計20名、2011年11月12日、大阪市丸ビル第一ホテル
9. 伊藤隆司：ゲノムから生命システムへ、参加者：東京大学 エグゼクティブ・マネジメント・プログラム 第6期生 28名、2012年1月14日、東京大学・総合図書館
10. 篠原彰：遺伝子が語るヒトの姿、参加者：繊維技術士センターの会友会 一般人、計20名、2012年2月6日、大阪船場繊維センター
11. 上野勝：微生物『酵母』の研究で、がんに挑む、日本農芸化学会中四国支部 第17回市民フォーラム、参加者：一般市民 約100人、2012年3月17日、広島大学総合科学部
12. 山本歩：“きょうだい”はなぜ違う？～生物多様性を生み出す遺伝のメカニズム、参加者：一般市民 149名、2012年4月19日、静岡市産学交流センター

##### 学生向け講演（研究代表者）

1. 篠原彰：ヒトの姿と遺伝子、参加者：私立大阪女学院 1, 2年生 計100名、2010年3月11日、大阪女学院
2. 篠原彰：ヒトの姿と遺伝子、参加者：高津高校1年生 計25名、2010年11月6日、高津高校
3. 篠原彰：ヒトの姿と遺伝子、参加者：大阪府立住吉高校1年生 計100名、2010年12月13日、住吉高校
4. 木村透：幹細胞学入門、参加者：大阪府立天王寺高校1年次生 120名、2011年6月29日、天王寺高校
5. 河邊昭：植物のDNAを見てみよう、参加者：京都産業大学附属高校2年次生 20名、2011年7月21日、京都産業大学
6. 山本歩：蛍光タンパク質～その基礎と応用、参加者：静岡県立伊東高等学校1・2年次生 51名、2011年10月25日、静岡県立伊東高校
7. 篠原彰：遺伝子が語るヒトの姿、参加者：茨城県立水戸第一高校1年生 300名、2011年11月4日（阪大の派遣事業を兼ねる）、水戸市京成ホテル
8. 篠原彰：ヒトの姿と遺伝子、参加者：大阪府立住吉高校1年生 計100名、2011年11月14日、大阪府立住吉高校1年生 計100名、住吉高校

9. 岡田由紀：私のエピジェネティック就職、参加者：山梨大学医学部特進コース 1-6 年生および医学部教員有志 約 50 名、2011 年 12 月 22 日、山梨大学医学部
10. 篠原彰：遺伝子が語るヒトの姿 I、参加者：私立和歌山信愛女子学院 1, 2, 3 年生 計 50 名、2012 年 5 月 2 日、和歌山信愛女子学院
11. 篠原彰：遺伝子が語るヒトの姿 II、参加者：私立和歌山信愛女子学院 1, 2, 3 年生 計 50 名、2012 年 6 月 20 日、和歌山信愛女子学院

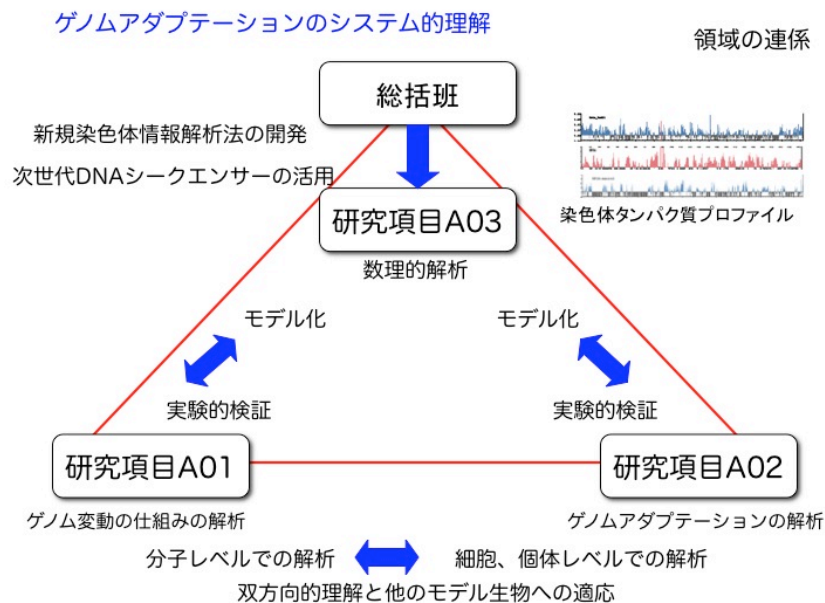
#### 放送 (研究代表者)

1. 城石俊彦：小説家との対話：文学と科学表現における文体、エフエムみしま・かんなみ 番組名「サイエンス・ナウ」、2010 年 10 月 2 日
2. 城石俊彦：倭約遺伝子、エフエムみしま・かんなみ 番組名「サイエンス・ナウ」、2010 年 12 月 11 日
3. 渡邊日出海：NHK「ネットワークニュース北海道」、2012 年 1 月 23 日
4. 城石俊彦：疾患と遺伝要因、エフエムみしま・かんなみ 番組名「サイエンス・ナウ」、2012 年 3 月 4 日

## 8. 研究組織と各項目の連携

	代表	計画研究	公募研究	評価委員
総括班	篠原彰（阪大）	石井俊輔（理研） 伊藤武彦（東工大） 岩崎博史（東工大） 石井浩二郎（阪大） 岡田由紀（東大） 白髭克彦（東大） 井澤毅（農生資研） 渡邊日出海（北大）		塩見春彦（慶応大） 中井謙太（東大） 柳田充弘（OIST）
項目1	篠原彰（阪大）	岩崎博史（東工大） 石井浩二郎（阪大）	伊藤隆司（東大） 作野剛士（東大） 寺井洋平（東工大） 田辺秀之（総研大） 山本歩（静岡大） 益谷央豪（名大） 木村透（阪大） 三村覚（阪大） 小保方潤一（京都府大） 河邊昭（京都産大） 城石俊彦（遺伝研）	
項目2	石井俊輔（理研）	岡田由紀（東大） 井澤毅（農生資研）	上野勝（広島大） 和田洋一郎（東大）	
項目3	伊藤武彦（東工大）	白髭克彦（東大） 渡邊日出海（北大）	小椋義俊（宮崎大）	

領域内の連携は下図のように行うことを基礎としている。



また、現在行われているあるいは計画中の領域内の連携について以下に記載する。

篠原（阪大）-白髭克彦教授（東大・分生研）のグループと、酵母減数分裂期細胞中での組換え

に関わるタンパク質のゲノムワイドな結合解析について、共同研究を遂行中。山本（静岡）とデルタビジョンを用いた減数分裂期の染色体運動に関する共同研究実施中

石井（浩）（阪大）－ 岩崎博史教授（東工大・生命理工）のグループとの連携のもとで、分裂酵母におけるDNA組換え関連因子の染色体再編成解析を遂行中。

石井（俊）（理研）－白髭克彦教授（東大・分生研）と伊藤武彦教授（東工大・生命理工）のグループと、免疫細胞及び精子細胞中でのATF-7結合遺伝子のゲノムワイド解析について、共同研究を遂行中（学会発表有り）。

井澤（農生資研）－ 白髭克彦教授（東大・分生研）と伊藤武彦教授（東工大・生命理工）のグループと、黒米の起源に関係のあるイネ品種のゲノム解読を介して、共同研究を遂行中。

岡田（東大）－ 白髭克彦教授（東大・分生研）のグループと、精子細胞のRNA-seqやChIP-seqについて共同研究を遂行中。さらにデータ解析について、本研究班アドバイザーの中井謙太教授（東大・医科研）のグループと、共同研究を遂行中。

上野（広島大）－ 岩崎博史教授（東工大・生命理工）のグループと、Rad51のリン酸化の解析について、共同研究を遂行中。

寺井（東工大）－ 伊藤武彦教授（東工大・生命理工）とB染色体のゲノム解析の共同研究を行っている。

小椋（宮崎大）－伊藤武彦教授（東工大・生命理工）のグループと、病原性大腸菌026の変異解析について、共同研究を予定している。

田辺（総研大）－ 寺井洋平特任助教（東工大・生命理工）のグループと、ヴィクトリア湖産シクリッド (*Lythochromis rubripinnis*) におけるB染色体の細胞核内における3次元核内配置解析について、共同研究を遂行中。城石俊彦教授（国立遺伝研）のグループと、マウス細胞核における染色体テリトリー/遺伝子領域の核内配置解析について、共同研究を遂行中。

## 9. 研究費の使用状況

総括班メンバーである白髭のところで導入した次世代DNAシーケンサSOLiDは、伊藤／白髭の研究推進のためのサンプルはもちろん、今までに石井（俊）、岡田、井澤らのサンプルをシーケンシングし、これらのデータは伊藤のところで導入したサーバへと転送され解析がなされている。今後は、シーケンサのプラットフォームが増加され、他の計画班、公募班のサンプルを流し、解析する予定である。

研究費を効率よく使うためには雇用を含めたソフトの面を強化することが大切である。特に、学生RAや研究員、博士研究員を雇用し、支援することはこの分野の次世代を育成する上でも大切と考えて、力を入れている。現在、本新学術領域では以下の人材を雇用している。

ポスドクの雇用数（23-24年度）：阪大-3名（篠原2名、石井1名）、東大-1名（白髭）、理研-2名（石井 俊）名大-1名（益谷）

研究員の雇用数（23-24年度）：阪大-2名（篠原2名）

学生RA（23-24年度）：東大-3名（白髭1名、岡田2名）

テクニシヤンの雇用数（23-24年度）：農生資研-3名（井澤）、東工大-3名（岩崎1名、伊藤2名）

研究を効率良く進めるためには独立直後、異動直後の研究者に研究環境を整える予算を充当することが大切である。本領域の計画班は、PIとして独立直後の東工大の伊藤、岩崎、阪大の石井（浩）を含み、また本領域が発足後、白髭が東工大から東大に、岡田が京大から東大に異動し、領域の趣旨に沿った形の大規模の支援を行ってきた。また、新学術領域の1つの特徴は比較的高額機器を購入できる予算が計上できることにある。実際に下記に上げる機器をそれぞれの研究者が購入し、研究の促進が図られている。

高額機器（200万円以上）

次世代DNAシーケンサ Solid (ABI)2台 東大（白髭）

次世代DNAシーケンサ Miseq(Illumina) 東工大（伊藤）

大容量ファイルサーバ／計算サーバ 東工大（伊藤）

倒立型顕微鏡の3次元解析用 静岡大（山本）

ImageQuant LAS 4000ルミノイメージアナライザー 阪大（石井）

Applied Biosystems 3130ジェネティックアナライザー 阪大（石井）

安井器械(株) マルチビーズショッカーMB901CUN(S) 名大（益谷）

細胞ソーティングシステム MMI Collector 東大（岡田）

インフラレッドイメージングシステムOdyssey 東大（岡田）

高高精細3D/4D画像解析ソフトウェア 一式 Carl Zeiss Microscopy 総研大（田辺）



## 10. 今後の研究領域の推進方策

今後の領域の課題は、1, 質の高い研究成果を着実に発表すること、2, 新しい研究領域が創成できるような連携を図ること、3, 社会への係を図ることが上げられる。

課題1に関しては個々の研究者のより一層の努力を必要とする。すでに理研、石井らによるストレスに関してのゲノムの記憶の可能性、白髭らによる染色体構成要素コヒーシによる染色体記憶の可塑性とその病態という成果が一流誌に掲載されている。このような成果に繋がる研究成果、特にゲノムアダプテーションに関して新規の発見、その分子メカニズムを世界に先駆け、記載することが重要であると考えている。世界中の研究者に読まれ、大きな影響を与える、すなわちサイエンスのパラダイムシフトを引き起こす論文を少しでも多く発表することを目標にしたい。また、領域発足時にあったDNA/染色体の視点のみならず、細胞やタンパク質と言った視点に軸足を置く研究や新しいインフォマテックスなどの開発などへの対応が急務と思われる。上記課題2と関連するが、ChIP-seq解析などで得られた情報で新しい双方向性のデータベースの構築(例、グーグル・クロモソーム)することで、より研究者の係を促すデータベースの整備をはかりたい。

課題2に関しては、領域の項目3であり、本領域の目玉の1つである次世代DNAシーケンサを用いた染色体の俯瞰図の作成も世界の動向を考えるとより一層の努力を必要とする。研究者の異動や震災の影響で納期の遅れた次世代DNAシーケンサも24年度になり順調に稼働し、成果を蓄積しつつある。今後は各研究者の係を図りながら、散漫にならずにより焦点の絞った解析に集中することも大切だと思われる。総括班がより主体的になり、モデル生物として理想のパン酵母と技術的革新の必要なヒトやショウジョウバエに絞ってChIP-seq解析を進める必要がある。

課題3に関しては、この領域では小中高校生への出前講義など、直接、高校生や先生などとの対話を推し進めて来た。今後はその評価を行うために、統一したアンケートフォームなどを準備して、関係者の声を吸い上げることで、よりよい講演や実習などを提供したい、と考えている。また、今回、白髭、伊藤らはコルネリアデランゲ(CdLS)症候群の分子病態の多様性を明らかにした。特にその原因遺伝子としてHDAC8を新たに同定したことは、1)コヒーシ修飾が新たなエピゲノムマーカーとして寄与する可能性を示した点、2)初めてタンパク脱アセチル化酵素の欠損により発症するヒトの疾患を分子病態も含め記述した点、で基礎生物学、医学分野への寄与も大きい。米国ではCdLS患者の団体と研究者の交流が図られており、それが突破口となり分化、発生そしてその破綻としてのCdLSとコヒーシ動態との係が徐々に明らかにされている。今後、領域としても染色体病関係の患者団体との有益な、形ある双方向のやり取りを模索することも考えている。

## 1 1 . 総括班評価者による評価の状況

塩見春彦（慶応大学）

計画通り、順調に研究が進展している。石井らによる環境ストレスによるエピジェネティックな変化が次世代に伝わるメカニズムの解明等の大きな成果も出てきている。さらに、領域内の連携／共同研究も強化されてきており、今後、更なる発展が期待できる。白髭／伊藤らは海外の研究チームと質の高いかつインパクトの大きな共同研究を展開しており、今後、さらなる発展が期待される。ただ、現在のところ、国内や領域内での共同研究の成果が出ていないようである。今後、領域内での共同研究においてもインパクトの高い仕事が出ることを期待したい。

一方、「国民との科学・技術対話」に関しては、様々な取り組みが一般市民や高校生に対して継続的かつ熱心に行われており、これらの取り組みは高く評価される。

今後の課題として、どのように国際化を進め、女性研究者の活用に取り組むかが重要であると思われる。領域内の国際化／英語化を進めていくためには、大きな国際会議を一つ開催するよりは、小規模の国際シンポジウムを継続的に開催することが、むしろ、重要かもしれない。また、女性研究者が一人しか含まれていないことは国際標準からみて、評価を下げることになりかねない。

中井謙太（東京大学）

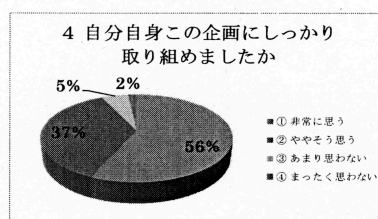
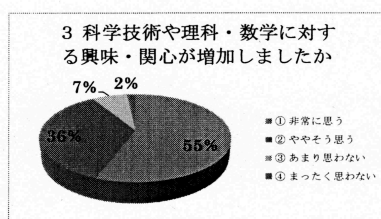
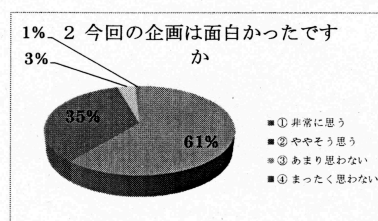
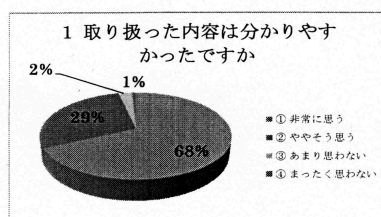
本研究課題では、「ゲノムアダプテーション」という新しい切り口で、いろいろな角度から生命現象の新しい見方に迫ろうという意欲的な問題設定がなされている。今年度の班会議を直前に控えた現時点でのコメントとしては、総じて興味深い研究が試みられているように思う。すでに、ある種のストレスの影響がエピジェネティックに遺伝する現象の発見など、我々の既成概念の変更を迫るような研究成果も出始めており、今後の進展が期待される。その今後の発展の鍵の一つは、基盤研究グループと他の班員との有機的な結びつきかもしれない。単にChIP-seqのデータ解析を依頼するだけなら、近年は外注やゲノム支援班に依頼する可能性も考えられるので、当事者に過大な負担がかかり過ぎないように留意しつつ、より深い共同研究が行えることが望ましいのではないかと。情報解析面でも、外注ではカバーしきれないような、深い研究が行われることを希望したい。さらに、新学術領域の特色を生かして、既存の分子生物学の枠に収まらないようなスケールの大きい研究の進展も（言うは易く行うは難しであろうが）期待する。

## 補足資料（出前講義-住吉高校アンケート結果）

大阪大学蛋白質研究所  
篠原 彰 先生

お世話になっています、住吉高校、岡本です。

先日(11月14日)はご講演ありがとうございました。  
別紙の通り、生徒の感想部分のコピーを送付いたします。  
また、アンケート部分の1、2、3、4以下にご報告いたします。



実数は以下の通りで、計115名分です。

	① 非常に思う	② ややそう思う	③ あまり思わない	④ まったく思わない
1 取り扱った内容は分かりやすかったですか	78	33	3	1
2 今回の企画は面白かったですか	70	40	4	1
3 科学技術や理科・数学に対する興味・関心が増加しましたか	64	41	8	2
4 自分自身この企画にしっかり取り組みましたか	65	42	6	2

昨年と比しても(昨年の本校SSH報告書P23~P24)好評の度合いが大きく、先生の熱意、思いは生徒たちに十分伝わっていたと思います。生徒たちの書いた感想の量の多さと多様さもそれを反映していると思います。

生徒たちにいろいろな内容(講演内容のみならず、先生の人間性、研究者としての姿勢などなど)を伝えていただき、大きな影響を与えていただいたことに心より感謝申し上げます。

今後もよろしくお付き合いください。ありがとうございました。

12月2日 住吉高校 岡本 尚友