
数理解析に基づく生体シグナル伝達システムの統合的理解

領域番号: 4804

平成28年度～令和2年度

科学研究費助成事業（科学研究費補助金）

（新学術領域研究（研究領域提案型））

研究成果報告書

令和5年5月

領域代表者 武川 睦寛

東京大学・医科学研究所・教授

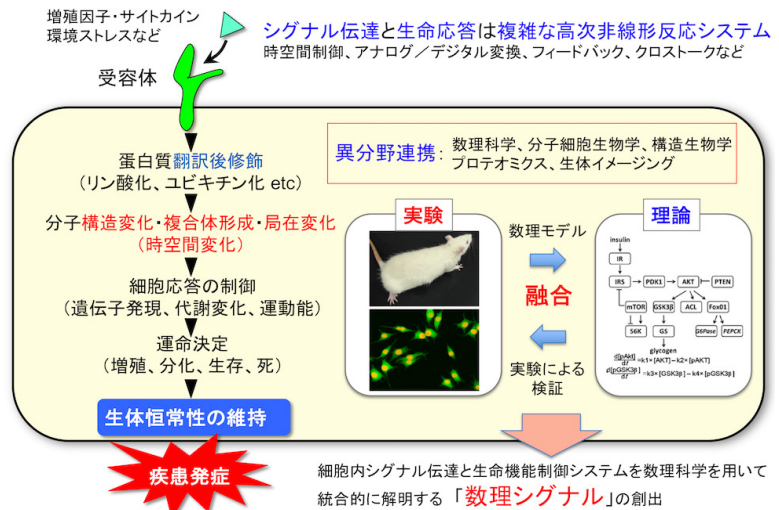
1. はしがき

生体内のシグナル伝達は、外部環境の変化に適応して人体の恒常性維持を司る、根源的な生命応答システムであり、その制御機構の解明は生命科学における最も重要な研究命題の一つである。細胞機能のほぼ全てがシグナル伝達系の制御を受けており、またその破綻が、

癌や自己免疫疾患、糖尿病、神経変性疾患など、社会的要請の高い難治性疾患の原因となる。近年の分子生物学分野における解析技術の目覚ましい発展に伴って、生体の情報伝達を担う様々な分子が同定されると共に、シグナル伝達のダイナミクスや、入出力（刺激と細胞応答）の相関を網羅的に解析し、時系列データとして取得することが可能になってきた。これらの先端的技術を用いた解析結果から、生体内のシグナル伝達の本質は、巨大なネットワークとして機能する複雑な高次非線形反応

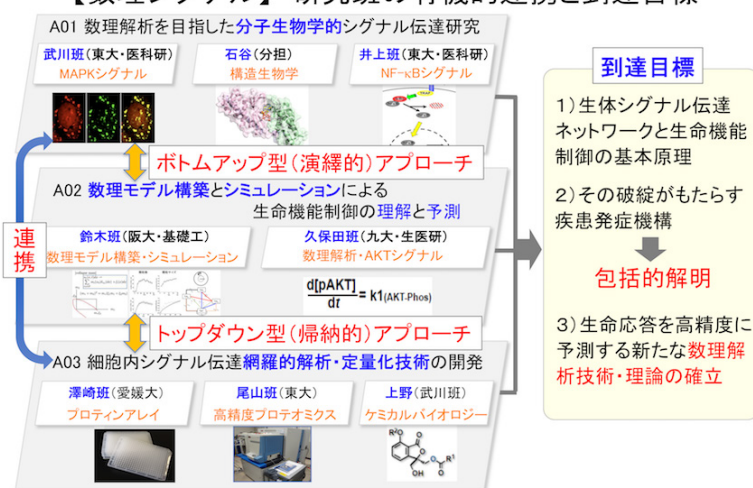
であることが明らかにされている。この様な生体内の情報伝達ネットワークに関する多様かつ膨大な情報を統合して、細胞および人体をシステムとして理解するには、従来の分子生物学的手法のみでは不可能であり、シグナル伝達を数式に変換し、コンピューターを用いてその動的反応様式を包括的に解析する数理科学的手法の導入が必要不可欠である。また癌や糖尿病などの難治性疾患に対し、真に有効な薬剤を開発して新たな治療法を確立する上でも、数理科学を用いて、よりグローバルな視点から生体内の情報フローを整理し、創薬の標的となる重要分子や経路を見付け出す必要がある。この様な実験と理論を融合させた新たなタイプの研究を、特定の学術分野に属する研究者が、個人研究として単独で実施するのは不可能であり、数理科学研究者と多彩な分野の生命科学研究者とが協働して、真に学際的な研究を推進しなければならない。医学・生命科学研究における数理科学の重要性・必要性が高まる一方で、我が国においては、数理科学と生命科学研究者間のコミュニケーションは不十分であり、組織形成や人材育成の面でも立ち後れた状況にある。また、数理モデルの精度を高め、生命現象をより正確に予測するシミュレーション技術を確立するには、近年、特に発展の著しい遺伝子・蛋白質などのオミクス解析技術、分子イメージング技術、分子間相互作用解析・制御技術（プロテイン・アレイ、構造解析、ケミカルバイオロジー）など、多様な先端技術を導入し、これらの実験から得られた統合的な情報を、数理科学者と生命科学研究者が協働して有効に活用する必要がある。本新学術領域研究では、数理科学研究者、および分子細胞生物学・医科学、構造生物学、プロテオミクス、ケミカルバイオロジーの研究者が有機的に連携し、細胞内シグナル伝達と生命機能制御システムの基本原理を、数理科学を用いて解き明かす融合生命科学分野「数理シグナル」を創出することを目指して平成28年にスタートした。

細胞内シグナル伝達の経路数は膨大であり、その全てを研究対象とするのは困難である。



そこで計画研究では、主に高次生命現象や疾患との関連が明らかであり、また相互に協調することが知られている MAPK (武川)、NF- κ B (井上・徳永)、及びインスリン-AKT 経路 (久保田) に焦点を絞って研究を進めた。石谷はシグナル伝達制御の礎となる分子間相互作用を原子レベルで解明するため、蛋白質複合体の結晶構造解析を推進した。尾山と澤崎は、次世代質量分析計や、無細胞蛋白質合成系を利用したプロテインアレイ・システムを駆使して、上記3経路を中心に網羅的オミクス解析を実施し、未知制御分子の同定を行った。上野はケミカルバイオロジーの技法を駆使して、これらシグナル伝達経路に摂動を与え、その細胞内動態を人工的に制御する技術を開発し、研究推進に貢献した。また鈴木と久保田は、他の計画班員の詳細かつ網羅的な実験によって得られた実測値を基に、上記3経路を中心として時空間的な視点を導入した数理モデルを構築すると共に、生命反応の「揺らぎ」を考慮したハイブリッドシミュレーションを行って、得られた結果を各研究者にフィードバックした。さらに、フィードバックされたモデルを他のメンバーが綿密な連携をとりながら実証し、生命現象の制御機構および疾患との関連を解明するという戦略を立て、研究を推進してきた。一方、公募研究では、上記3経路に限定せず、計画研究だけでは網羅しきれない多様なシグナル伝達システムの研究、分子間相互作用研究や、疾患研究を組み込み、本領域の裾野を拡大すると共に、研究の一層の進展を図ってきた。

【数理シグナル】 研究班の有機的連携と到達目標



本領域では、研究を効率よく遂行するため、以下の研究項目を設定した。

(A01) 数理解析を目指した分子生物学的シグナル伝達解析

(A02) 数理モデル構築とシミュレーションによる生命機能制御機構の理解と予測

(A03) 生体内シグナル伝達解析・定量化技術の開発

この様な研究体制の構築により、本領域ではシグナル伝達ネットワークによる動的な生命機能制御と疾患におけるその破綻を、数学的手法を用いて統合的に解明すると共に、生体応答の調節や疾患治療のターゲットとなり得る重要分子を予測する新たな融合生命科学分野の創出を目指して研究を実施してきた。より具体的には、以下の3つの目標を掲げて、5年間の領域研究を推進した。

目標1) 未知のシグナル伝達制御機構と疾患発症機構を解明し、疾患克服に向けた応用研究へ発展させる。

目標2) シグナル伝達を数理モデルで記述し、生体応答や疾患発症の鍵となる分子を抽出すると共に、数理解析の新たな方法論を開発する。

目標3) オミクス解析技術、分子間相互作用解析技術、イメージング技術などを開発すると共に、これらの技術基盤を稼働させて未知のシグナル伝達分子やその制御を解明する。

目標1) 未知のシグナル伝達制御機構と疾患発症機構を解明し、疾患克服に向けた応用研究へ発展させる。

目標2) シグナル伝達を数理モデルで記述し、生体応答や疾患発症の鍵となる分子を抽出すると共に、数理解析の新たな方法論を開発する。

目標3) オミクス解析技術、分子間相互作用解析技術、イメージング技術などを開発すると共に、これらの技術基盤を稼働させて未知のシグナル伝達分子やその制御を解明する。

目標1) 未知のシグナル伝達制御機構と疾患発症機構を解明し、疾患克服に向けた応用研究へ発展させる。

目標2) シグナル伝達を数理モデルで記述し、生体応答や疾患発症の鍵となる分子を抽出すると共に、数理解析の新たな方法論を開発する。

目標3) オミクス解析技術、分子間相互作用解析技術、イメージング技術などを開発すると共に、これらの技術基盤を稼働させて未知のシグナル伝達分子やその制御を解明する。

2. 研究組織

【計画研究】

領域代表者：武川 睦寛 （東京大学・医科学研究所・教授）

（総括班）

研究代表者：武川 睦寛 （東京大学・医科学研究所・教授）

研究分担者：鈴木 貴 （大阪大学・数理/データ科学教育研究センター・特任教授）

研究分担者：井上 純一郎 （東京大学・医科学研究所・教授）

研究協力者：石谷 隆一郎 （東京大学・大学院理学系研究科・特任教授）

研究協力者：上野 匡 （東京大学・大学院薬学系研究科・助教）

研究協力者：井上 純一郎 （東京大学・医科学研究所・教授）

研究協力者：徳永 文稔 （大阪市立大学・大学院医学研究科・教授）

研究協力者：久保田 浩行 （九州大学・生体防御医学研究所・教授）

研究協力者：澤崎 達也 （愛媛大学・プロテオサイエンスセンター・教授）

研究協力者：尾山 大明 （東京大学・医科学研究所・准教授）

研究協力者：山本 瑞生 （東京大学・医科学研究所・特任講師）

研究協力者：秦 裕子 （東京大学・医科学研究所・技術職員）

（国際活動支援班）

研究代表者：武川 睦寛 （東京大学・医科学研究所・教授）

研究分担者：鈴木 貴 （大阪大学・数理/データ科学教育研究センター・特任教授）

研究分担者：井上 純一郎 （東京大学・医科学研究所・教授）

研究協力者：石谷 隆一郎 （東京大学・大学院理学系研究科・特任教授）

研究協力者：上野 匡 （東京大学・大学院薬学系研究科・助教）

研究協力者：井上 純一郎 （東京大学・医科学研究所・教授）

研究協力者：徳永 文稔 （大阪市立大学・大学院医学研究科・教授）

研究協力者：久保田 浩行 （九州大学・生体防御医学研究所・教授）

研究協力者：澤崎 達也 （愛媛大学・プロテオサイエンスセンター・教授）

研究協力者：尾山 大明 （東京大学・医科学研究所・准教授）

研究協力者：山本 瑞生 （東京大学・医科学研究所・特任講師）

研究協力者：秦 裕子 （東京大学・医科学研究所・技術職員）

【A01】 数理解析を目指した分子生物学的シグナル伝達研究

研究代表者：武川 睦寛 （東京大学・医科学研究所・教授）

研究分担者：石谷 隆一郎 （東京大学・大学院理学系研究科・特任教授）

研究分担者：上野 匡 （東京大学・大学院薬学系研究科・助教）

研究代表者：井上 純一郎 （東京大学・医科学研究所・教授）

研究分担者：徳永 文稔 （大阪市立大学・大学院医学研究科・教授）

研究分担者：山本 瑞生 (東京大学・医科学研究所・特任講師)

【A02】数理モデル構築とシミュレーションによる生命機能制御機構の理解と予測

研究代表者：鈴木 貴 (大阪大学・数理/データ科学教育研究センター・特任教授)

研究代表者：久保田 浩行 (九州大学・生体防御医学研究所・教授)

【A03】生体内シグナル伝達解析・定量化技術の開発

研究代表者：澤崎 達也 (愛媛大学・プロテオサイエンスセンター・教授)

研究代表者：尾山 大明 (東京大学・医科学研究所・准教授)

研究分担者：秦 裕子 (東京大学・医科学研究所・技術職員)

【公募研究】平成 29 年度～30 年度

【A01】数理解析を目指した分子生物学的シグナル伝達研究

研究代表者：大戸 梅治 (東京大学・大学院薬学系研究科・准教授)

研究代表者：本田 信治 (福井大学・学術研究院医学系部門・助教)

研究代表者：五島 剛太 (名古屋大学・理学研究科・教授)

研究代表者：花房 洋 (名古屋大学・理学部・准教授)

研究代表者：藤田 宏明 (京都大学・医学部・助教)

研究代表者：岡田 雅人 (大阪大学・微生物病研究所・教授)

研究代表者：齊藤 達哉 (徳島大学・先端酵素学研究所・教授)

研究代表者：松本 雅記 (新潟大学・医学部・教授)

研究代表者：小橋川 敬博 (熊本大学・大学院生命科学研究部(薬)・准教授)

研究代表者：橋本 博 (静岡県立大学・薬学部・教授)

研究代表者：高橋 明格 (沖縄科学技術大学院大学・研究員)

研究代表者：仁科 博史 (東京医科歯科大学・難治疾患研究所・教授)

研究代表者：篠原 久明 (山陽小野田市立山口東京理科大学・薬学部・教授)

【A02】数理モデル構築とシミュレーションによる生命機能制御機構の理解と予測

研究代表者：澤井 哲 (東京大学・大学院総合文化研究科・教授)

研究代表者：伊東 剛 (東京大学・医科学研究所・助教)

研究代表者：田中 剛平 (東京大学・工学系研究科・特任准教授)

研究代表者：難波 大輔 (東京医科歯科大学・難治疾患研究所・准教授)

研究代表者：中村 直俊 (大阪大学・数理・データ科学・教育研究センター・特任准教授)

研究代表者：岩楯 好昭 (山口大学・理学部・准教授)

研究代表者：池ノ内 順一 (九州大学・理学研究院・教授)

研究代表者：岩本 一成 (大阪大学・蛋白質研究所・助教)

【A03】生体内シグナル伝達解析・定量化技術の開発

研究代表者：渡部 昌 (北海道大学 大学院医学研究院 講師)

研究代表者：堀 雄一郎 (大阪大学・大学院工学研究科・准教授)
研究代表者：末次 志郎 (奈良先端科学技術大学院大学・先端科学研究科・教授)
研究代表者：小柳 光正 (大阪市立大学・理学部・教授)
研究代表者：富田 太一郎 (東邦大学・医学部・講師)
研究代表者：佐甲 靖志 (理化学研究所・佐甲細胞情報研究室・主任研究員)

【公募研究】平成 31 年度(令和元年)～令和 2 年度

【A01】数理解析を目指した分子生物学的シグナル伝達研究

研究代表者：斎尾 智英 (徳島大学・先端酵素学研究所・教授)
研究代表者：幸福 裕 (東京大学・大学院薬学系研究科・助教)
研究代表者：富岡 征大 (東京大学・大学院理学系研究科・助教)
研究代表者：道上 達男 (東京大学・大学院総合文化研究科・教授)
研究代表者：山梨 裕司 (東京大学・医科学研究所・教授)
研究代表者：大戸 梅治 (東京大学・大学院薬学系研究科・准教授)
研究代表者：本間 謙吾 (東京医科歯科大学・難治疾患研究所・講師)
研究代表者：嘉村 巧 (名古屋大学・大学院理学研究科・教授)
研究代表者：花房 洋 (名古屋大学・理学部・准教授)
研究代表者：神取 秀樹 (名古屋工業大学・工学研究科・教授)
研究代表者：岡田 雅人 (大阪大学・微生物病研究所・教授)
研究代表者：池ノ内 順一 (九州大学・理学研究院・教授)
研究代表者：大澤 匡範 (慶應義塾大学・薬学部・教授)
研究代表者：深田 正紀 (生理学研究所・分子細胞生理研究領域・教授)

【A02】数理モデル構築とシミュレーションによる生命機能制御機構の理解と予測

研究代表者：上田 卓見 (東京大学・大学院薬学系研究科・准教授)
研究代表者：小澤 岳昌 (東京大学・理学系研究科・教授)
研究代表者：難波 大輔 (東京医科歯科大学・難治疾患研究所・准教授)
研究代表者：瓜生 耕一郎 (金沢大学・理工研究域 生命理工学系・助教)
研究代表者：八杉 徹雄 (金沢大学・新学術創成研究機構・准教授)
研究代表者：間木 重行 (東邦大学・医学部・助教)
研究代表者：富樫 英 (神戸大学・医学研究科・助教)
研究代表者：南 敬 (熊本大学・生命資源研究支援センター・教授)

【A03】生体内シグナル伝達解析・定量化技術の開発

研究代表者：磯村 彰宏 (京都大学・高等研究院・特定助教)
研究代表者：木内 泰 (京都大学大学院・医学研究科・准教授)
研究代表者：小迫 英尊 (徳島大学・先端酵素学研究所・教授)
研究代表者：松本 雅記 (新潟大学・医学部・教授)
研究代表者：前原 一満 (九州大学・生体防御医学研究所・助教)

3. 交付決定額(配分額)

年度	合計	直接経費	間接経費
平成 28 年度	212,030,000 円	163,100,000 円	48,930,000 円
平成 29 年度	278,720,000 円	214,400,000 円	64,320,000 円
平成 30 年度	279,890,000 円	215,300,000 円	64,590,000 円
令和元年度	278,720,000 円	214,400,000 円	64,320,000 円
令和 2 年度	280,410,000 円	215,700,000 円	64,710,000 円
総計	1,329,770,000 円	1,022,900,000 円	306,870,000 円

4. 研究発表

(1) 雑誌論文

【計画研究】

Arimoto-Matsuzaki K, Saito H and Takekawa M. TIA1 oxidation inhibits stress granule assembly and sensitizes cells to stress-induced apoptosis. 査読有 *Nature Commun.* 7: 10252 doi:10.1038/ncomms10252 (2016)

Hijiya N, Tsukamoto Y, Nakada C, Tung NL, Kai T, Matsuura K, Shibata K, Inomata M, Uchida T, Tokunaga A, Amada K, Shirao K, Yamada Y, Mori H, Takeuchi I, Seto M, Aoki M, Takekawa M, and Moriyama M. Genomic loss of DUSP4 contributes to the progression of intraepithelial neoplasm of pancreas to invasive carcinoma. 査読有 *Cancer Research* 76: 2612-2625 (2016)

Kinoshita E, Kinoshita-Kikuta E, Kubota Y, Takekawa M and Koike T. A Phos-tag SDS-PAGE method that effectively uses phosphoproteomic data for profiling the phosphorylation dynamics of MEK1. 査読有 *Proteomics* 16:1825-1836 (2016)

Kubota Y and Takekawa M. Detection and functional analysis of SUMO-modified MEK. 査読有 *Methods in Molecular Biology* 1487, 99-111 (2016)

Kinoshita E, Kinoshita-Kikuta E, Kubota Y, Takekawa M and Koike T. A Phos-tag SDS-PAGE method that effectively uses phosphoproteomic data for profiling the phosphorylation dynamics of MEK1. 査読有 *Proteomics* 16: 1825-1836, (2016)

Kasuya G, Hiraizumi M, Maturana AD, Kumazaki K, Fujiwara Y, Liu K, Nakada-Nakura Y, Iwata S, Tsukada K, Komori T, Uemura S, Goto Y, Nakane T, Takemoto M, Kato HE, Yamashita K, Wada M, Ito K, Ishitani R, Hattori M, Nureki O. Crystal structures of the TRIC trimeric intracellular cation channel orthologues. 査読有 *Cell Res.* 26, 1288-1301 (2016)

Yamano T, Nishimasu H, Zetsche B, Hirano H, Slaymaker IM, Li Y, Fedorova I, Nakane T, Makarova KS, Koonin EV, Ishitani R, Zhang F, Nureki O. Crystal Structure of Cpf1 in Complex with Guide RNA and Target DNA. 査読有 *Cell* 165, 949-962 (2016)

Kasuya G, Fujiwara Y, Tsukamoto H, Morinaga S, Ryu S, Touhara K, Ishitani R, Furutani Y, Hattori M, Nureki O. Structural insights into the nucleotide base specificity of P2X receptors. 査読有 *Sci. Rep.* 7, 45208 (2016)

Kasuya G, Fujiwara Y, Takemoto M, Dohmae N, Nakada-Nakura Y, Ishitani R, Hattori M, Nureki O. Structural Insights into Divalent Cation Modulations of ATP-Gated P2X Receptor Channels. 査読有 *Cell Rep.* 14, 932-944 (2016)

Omura H, Oikawa D, Nakane T, Kato M, Ishii R, Ishitani R, Tokunaga F, Nureki O. Structural and Functional Analysis of DDX41: a bispecific immune receptor for DNA and cyclic dinucleotide. 査読有 *Sci. Rep.* 6, 34756 (2016)

Matsumoto N, Nishimasu H, Sakakibara K, Nishida KM, Hirano T, Ishitani R, Siomi H, Siomi MC, Nureki O. Crystal Structure of Silkworm PIWI-clade Argonaute Siwi Bound to piRNA. 査読有 *Cell* 167, 484-497 (2016)

Tsuchiya H, Doki S, Takemoto M, Ikuta T, Higuchi T, Fukui K, Usuda Y, Tabuchi E, Nagatoishi S, Tsumoto K, Nishizawa T, Ito K, Dohmae N, Ishitani R, Nureki O. Structural basis for amino acid export by DMT superfamily transporter YddG. 査読有 *Nature* 534, 417-420 (2016)

Hirano S, Nishimasu H, Ishitani R, Nureki O. Structural Basis for the Altered PAM Specificities of Engineered CRISPR-Cas9. 査読有 *Mol Cell* 61, 886-894 (2016)

Morita J, Kato K, Nakane T, Kondo Y, Fukuda H, Nishimasu H, Ishitani R, Nureki O. Crystal structure of the plant receptor-like kinase TDR in complex with the TDIF peptide. 査読有 *Nature Commun.* 7, 12383 (2016)

Hirano H, Gootenberg JS, Horii T, Abudayyeh OO, Kimura M, Hsu PD, Nakane T, Ishitani R, Hatada I, Zhang F, Nishimasu H, Nureki O. Structure and Engineering of Francisella novicida Cas9. 査読有 *Cell* 164, 950-961 (2016)

Kato K, Satouh Y, Nishimasu H, Kurabayashi A, Morita J, Fujihara Y, Oji A, Ishitani R, Ikawa M, Nureki O. Structural and functional insights into IZUMO1 recognition by JUNO in mammalian fertilization. 査読有 *Nature Commun.* 7, 12198 (2016)

Nakazawa S, Oikawa D, Ishii R, Ayaki T, Takahashi H, Takeda H, Ishitani R, Kamei K, Takeyoshi I, Kawakami H, Iwai K, Hatada I, Sawasaki T, Ito H, Nureki O, Tokunaga F. Linear ubiquitination is involved in the pathogenesis of optineurin-associated amyotrophic lateral sclerosis. 査読有 *Nature Commun.* 7, 12547 (2016)

Kato K, Ikeda H, Miyakawa S, Futakawa S, Nonaka Y, Fujiwara M, Okudaira S, Kano K, Aoki J, Morita J, Ishitani R, Nishimasu H, Nakamura Y, Nureki O. Structural basis for specific inhibition of Autotaxin by a DNA aptamer. 査読有 *Nature Struct Mol Biol* 23, 395-401 (2016)

Kim AK, DeRose R, Ueno T, Lin B, Komatsu T, Nakamura H and Inoue T. Toward Total Synthesis of Cell Function: Reconstituting Cell Dynamics with Synthetic Biology. 査読有 *Science Signaling*, 9, re1 (2016)

Komatsu, T., Yoshioka, K., Hanaoka, K., Terai, T., Ueno, T., Nagano, T., and Urano, Y. Identification of lung inflammation related elevation of acylamino acid releasing enzyme (APEH) Activity using an enzymomics approach. 査読有 *Chem. Pharm. Bull.*, 11, 1533-1538 (2016)

Hirabayashi, K., Hanaoka, K., Egawa, T., Kobayashi, C., Takahashi, S., Komatsu, T., Ueno, T., Terai, T., Ikegaya, Y., Nagano, T., and Urano, Y. Development of practical red fluorescent probe for cytoplasmic calcium ions with greatly improved cell-membrane permeability. 査読有 *Cell Calcium* 60, 256-265 (2016)

Takeda, A., Komatsu, T., Nomura, H., Naka, M., Matsuki, N., Ikegaya, Y., Terai, T., Ueno, T., Hanaoka, K., Nagano, T., and Urano, Y. Unexpected photo-instability of 2,6-sulfonamide-substituted BODIPYs and its application to caged GABA. 査読有 *ChemBioChem*, 17, 1-9 (2016)

Kubota Y, Fujioka K and Takekawa M. WGA-based lectin affinity gel electrophoresis: A novel method for the detection of O-GlcNAc-modified proteins. 査読有 *PLoS ONE* 12: e0180714 (2017)

Lee Y, Nishizawa T, Takemoto M, Kumazaki K, Yamashita K, Hirata K, Minoda A, Nagatoishi S, Tsumoto K, Ishitani R, Nureki O. Structure of the triose-phosphate/phosphate translocator reveals the basis of substrate specificity. 査読有 *Nature Plants* 3, 825–832 (2017)

Kasuya G, Yamaura T, Ma XB, Nakamura R, Takemoto M, Nagumo H, Tanaka E, Dohmae N, Nakane T, Yu Y, Ishitani R, Matsuzaki O, Hattori M, Nureki O. Structural insights into the competitive inhibition of the ATP-gated P2X receptor channel. 査読有 *Nature Commun.* 8, 876 (2017)

Tomita A, Zhang M, Jin F, Zhuang W, Takeda H, Maruyama T, Osawa M, Hashimoto KI, Kawasaki H, Ito K, Dohmae N, Ishitani R, Shimada I, Yan Z, Hattori M, Nureki O ATP-dependent modulation of MgtE in Mg²⁺ homeostasis. 査読有 *Nature Commun.* 8, 148 (2017)

Miyauchi H, Moriyama S, Kusakizako T, Kumazaki K, Nakane T, Yamashita K, Hirata K, Dohmae N, Nishizawa T, Ito K, Miyaji T, Moriyama Y, Ishitani R, Nureki O. Structural basis for xenobiotic extrusion by eukaryotic MATE transporter. 査読有 *Nature Commun.* 8, 1633 (2017)

Nishimasu H, Yamano T, Gao L, Zhang F, Ishitani R, Nureki O. Structural Basis for the Altered PAM Recognition by Engineered CRISPR-Cpf1. 査読有 *Mol. Cell* 67, 139-147 (2017)

Taniguchi R, Inoue A, Sayama M, Uwamizu A, Yamashita K, Hirata K, Yoshida M, Tanaka Y, Kato E, Nakada Y, Otani Y, Nishizawa T, Ohwada T, Ishitani R, Aoki J, Nureki O. Structural insights into ligand recognition by the lysophosphatidic acid R LPA6. 査読有 *Nature* 548, 356-360 (2017)

Yamano T, Zetsche B, Ishitani R, Zhang F, Nishimasu H, Nureki O. Structural Basis for the Canonical and Non-canonical PAM Recognition by CRISPR-Cpf1. 査読有 *Mol. Cell* 67 633-645 (2017)

Yamada M, Watanabe Y, Gootenberg JS, Hirano H, Ran FA, Nakane T, Ishitani R, Zhang F, Nishimasu H, Nureki O. Crystal Structure of the Minimal Cas9 from *Campylobacter jejuni* Reveals the Molecular Diversity in the CRISPR-Cas9 Systems. 査読有 *Mol. Cell* 65, 1109-1121 (2017)

Kato K, Omura H, Ishitani R, Nureki O. Cyclic GMP-AMP as an Endogenous Second Messenger in Innate

Immune Signaling by Cytosolic DNA. 査読有 *Annu Rev Biochem.* Apr 7. doi: 10.1146/annurev-biochem-061516-044813 (2017)

Reiya Taniguchi, Asuka Inoue, Misa Sayama, Akiharu Uwamizu, Keitaro Yamashita, Kunio Hirata, Masahito Yoshida, Yoshiki Tanaka, Hideaki E. Kato, Yoshiko Nakada-Nakura, Yuko Otani, Tomohiro Nishizawa, Takayuki Doi, Tomohiko Ohwada, Ryuichiro Ishitani, Junken Aoki & Osamu Nureki. Structural insights into ligand recognition by the lysophosphatidic acid receptor LPA₆. 査読有 *Nature* 548, 356-360 doi:10.1038/nature23448 (2017)

Onagi J, Komatsu T, Ichihashi Y, Kuriki Y, Kamiya M, Terai T, Ueno T, Hanaoka K, Matsuzaki H, Hata K, Watanabe T, Nagano T, and Urano Y. Discovery of Cell-type-specific and Disease-related Enzymatic Activity Changes via Global Evaluation of Peptide Metabolism 査読有 *J Am Chem Soc* 139, 3465–3472 (2017)

Piao W, Hanaoka K, Fujisawa T, Takeuchi S, Komatsu T, Ueno T, Terai T, Tahara T, Nagano T. and Urano Y. Development of an Azo-based Photosensitizer Activated under Mild Hypoxia for Photodynamic Therapy. 査読有 *J Am Chem Soc*, 139, 13713–13719 (2017)

Chiba M, Ichikawa Y, Kamiya M, Komatsu T, Ueno T, Hanaoka K, Nagano T, Lange N. and Urano Y. An Activatable Photosensitizer Targeted to γ -Glutamyltranspeptidase 査読有 *Angew Chem Int Ed* 56, 10418-10422 (2017)

Fan, CH., Huang, YS., Huang, WE., Lee, AA., Ho, SY., Kao, YL., Wang, CL., Lian, YL., Ueno, T., Wang, TSA., Yeh, CK., Lin, YC. Manipulating cellular activities using an ultrasound-chemical hybrid tool. 査読有 *ACS Synth. Biol.*, 6, 2021–2027 (2017)

Sakamoto, S., Komatsu, T., Ueno, T., Hanaoka, K., and Urano, Y. Fluorescence detection of serum albumin with a turnover-based sensor utilizing Kemp elimination reaction. 査読有 *Bioorg. Med. Chem. Lett.*, 27, 3464-3467 (2017)

Shin, N., Hanaoka, K., Piao, W., Miyakawa, T., Fujisawa, T., Takeuchi, S., Takahashi, S., Komatsu, T., Ueno, T., Terai, T., Tahara, T., Tanokura, M., Nagano, T., Urano, Y. Development of an azoreductase-based reporter system with synthetic fluorogenic substrates. 査読有 *ACS Chem. Biol.*, 12, 558-563 (2017) .

Yagishita, A., Ueno, T., Esumi, H., Saya, H., Kaneko, K., Tsuchihara, K., Urano, Y. Development of highly selective fluorescent probe enabling flow-cytometric isolation of ALDH3a1-positive viable cells. 査読有 *Bioconjugate Chem.*, 28, 302-306 (2017) .

Takano, Y., Hanaoka, K., Shimamoto, K., Miyamoto, R., Komatsu, T., Ueno, T., Terai, T., Kimura, H., Nagano, T., and Urano, Y. Development of a reversible fluorescent probe for reactive sulfur species, sulfane sulfur, and its biological application. 査読有 *Chem Commun.*, 53, 1064-1067 (2017) .

Hanaoka, K., Sasakura, K., Suwanai, Y., Toma-Fukai, S., Shimamoto, K., Takano, Y., Shibuya, N., Terai, T., Komatsu, T., Ueno, T., Ogasawara, Y., Tsuchiya, Y., Watanabe, Y., Kimura, H., Wang, C., Uchiyama, M., Kojima, H., Okabe, T., Urano, Y., Shimizu, T., and Nagano, T. Discovery and mechanistic characterization of selective inhibitors of H₂S-producing enzyme: 3-mercaptopyruvate sulfurtransferase (3MST) targeting active-site cysteine persulfide. 査読有 *Sci. Rep.*, 7, Article number: 40227 (2017)

Kimura, Y., Komatsu, T., Yanagi, K., Hanaoka, K., Ueno, T., Terai, T., Kojima, H., Okabe, T., Nagano, T., and Urano, Y. Development of chemical tools to monitor and control isoaspartyl peptide methyltransferase activity. 査読有 *Angew. Chem. Int. Ed.*, 56, 153-157 (2017)

Iijima M, Kubota Y, Sawa R, Kubota Y, Hatano M, Arashi M, Kawada M, Momose I, Takekawa M and Shibasaki M. A guanine derivative as a new MEK inhibitor produced by *Streptomyces* sp. 査読有 *J Antibiot*, 71, 135–138 (2018)

Ichimanda M, Hijiya N, Tsukamoto Y, Uchida T, Nakada, C, Akagi T, Etoh T, Iha H, Inomata M, Takekawa M and Moriyama M. Downregulation of DUSP4 enhances cell proliferation and invasiveness in colorectal carcinomas. 査読有 *Cancer Sci.* 109, 250-258 (2018)

Maruyama T, Imai S, Kusakizako T, Hattori M, Ishitani R, Nureki O, Ito K, Maturana AD, Shimada I and

Osawa M. Functional roles of Mg²⁺ binding sites in ion-dependent gating of a Mg²⁺ channel, MgtE, revealed by solution NMR. 査読有 *eLife* 7, e31596 (2018)

Taguchi R., Terai T., Ueno T., Komatsu T., Hanaoka K., Urano Y. A Protein-Coupled Fluorescent Probe For Organelle-Specific Imaging of Na⁺. 査読有 *Sens Act B Chem* 265, 575-581 (2018)

Kuriki Y, Kamiya M, Kubo H, Komatsu T, Ueno T, Tachibana R, Hayashi K, Hanaoka K, Yamashita S, Ishizawa T, Kokudo N & Urano Y. Establishment of Molecular Design Strategy to Obtain Activatable Fluorescent Probes for Carboxypep. 査読有 *J Am Chem Soc* 140, 1767-1773 (2018)

Kubo, H., Hanaoka, K., Kuriki, Y., Komatsu, T., Ueno, T., Kojima, R., Kamiya, M., Murayama, Y., Otsuji, E., and Urano, Y. Rapid detection of metastatic lymph nodes of colorectal cancer with a γ -glutamyl transpeptidase-activatable fluorescence probe. 査読有 *Sci. Rep.*, 8, Article number: 17781 (2018)

Ito, H., Kawamata, Y., Kamiya, M., Tsuda-Sakurai, K., Tanaka, S., Ueno, T., Komatsu, T., Hanaoka, K., Okabe, S., Miura, M., and Urano, Y. Red-shifted fluorogenic substrate for detection of lacZ-positive cells in living tissue with single-cell resolution. 査読有 *Angew. Chem. Int. Ed.*, 57, 15702-15706 (2018)

Hanaoka, K., Kagami, Y., Piao, W., Myochin, T., Numasawa, K., Kuriki, Y., Ikeno, T., Ueno, T., Komatsu, T., Terai, T., Nagano, T., and Urano, Y. Synthesis of unsymmetrical Si-rhodamine fluorophores and application to a far-red to near-infrared fluorescence probe for hypoxia. 査読有 *Chem. Commun.*, 54, 6939-6942 (2018)

Takahashi, S., Kagami, Y., Hanaoka, K., Terai, T., Komatsu, T., Ueno, T., Uchiyama, M., Koyama-Honda, I., Mizushima, N., Taguchi, T., Arai, H., Nagano, T., and Urano, Y. Development of a series of practical fluorescent chemical tools to measure pH values in living samples. 査読有 *J. Am. Chem. Soc.*, 140, 5925-5933 (2018)

Weng JS, Nakamura T, Moriizumi H, Takano H, Yao R, and Takekawa M. MCRIP1 promotes the expression of lung-surfactant proteins in mice by disrupting CtBP-mediated epigenetic gene silencing. 査読有 *Commun Biol*. 2, 227, doi.org/10.1038/s42003-019-0478-3, (2019)

Kusakizako T, Miyauchi H, Ishitani R, Nureki O. Structural biology of the multidrug and toxic compound extrusion superfamily transporters. 査読有 *Biochim Biophys Acta Biomembr*. 183154. doi: 10.1016/j.bbamem.2019.183154. (2019)

Lee Y, Wiriyasermkul P, Jin C, Quan L, Ohgaki R, Okuda S, Kusakizako T, Nishizawa T, Oda K, Ishitani R, Yokoyama T, Nakane T, Shirouzu M, Endou H, Nagamori S, Kanai Y, Nureki O. Cryo-EM structure of the human L-type amino acid transporter 1 in complex with glycoprotein CD98hc. 査読有 *Nature Struct Mol Biol*. 26, 510-517, (2019)

Hirano S, Abudayyeh OO, Gootenberg JS, Horii T, Ishitani R, Hatada I, Zhang F, Nishimasu H, Nureki O. Structural basis for the promiscuous PAM recognition by *Corynebacterium diphtheriae* Cas9. 査読有 *Nature Commun*. 10, 1968. doi: 10.1038/s41467-019-09741-6, (2019)

Kato T, Kumazaki K, Wada M, Taniguchi R, Nakane T, Yamashita K, Hirata K, Ishitani R, Ito K, Nishizawa T, Nureki O. Crystal structure of plant vacuolar iron transporter VIT1. 査読有 *Nature Plants*. 5, 308-315, (2019)

Takasugi T, Hanaoka K, Sasaki A, Ikeno T, Komatsu T, Ueno T, Yamada K, Urano, Y. Development of a platform for activatable fluorescent substrates of glucose transporters (GLUTs). 査読有 *Bioorganic & Medicinal Chemistry*, 27, 2122-2126, (2019)

Ogasawara A, Kamiya M, Sakamoto K, Kuriki Y, Fujita K, Komatsu T, Ueno T, Hanaoka K, Onoyama H, Abe H, Tsuji Y, Fujishiro M, Koike K, Fukayama M, Seto Y, Urano Y. Red Fluorescence Probe Targeted to Dipeptidylpeptidase-IV for Highly Sensitive Detection of Esophageal Cancer. 査読有 *Bioconjugate Chemistry* 30, 4, (2019)

Cheruthu, NM., Komatsu, T., Ueno, T., Hanaoka, K., and Urano, Y. Development of ratiometric carbohydrate sensor based on boron dipyrromethene (BODIPY) scaffold. *Bioorg. Med. Chem. Lett.*, 29, 126684 (2019)

Ichihashi, Y., Komatsu, T., Kyo, E., Matsuzaki, H., Hata, K., Watanabe, T., Ueno, T., Hanaoka, K., and Urano,

Y. Separation-based enzymomics assay for the discovery of altered peptide-metabolizing enzymatic activities in biosamples. 査読有 *Anal. Chem.*, 91, 11497-11501 (2019)

Ikeno, T., Hanaoka, K., Iwaki, S., Myochin, T., Murayama, Y., Ohde, H., Komatsu, T., Ueno, T., Nagano, T., and Urano, Y. Design and synthesis of an activatable photoacoustic probe for hypochlorous acid. 査読有 *Anal. Chem.*, 91, 9086-9092 (2019)

Nakamura R, Numata T, Kasuya G, Yokoyama T, Nishizawa T, Kusakizako T, Kato T, Hagino T, Dohmae N, Inoue M, Watanabe K, Ichijo H, Kikkawa M, Shirouzu M, Jentsch TJ, Ishitani R, Okada Y, Nureki O. Cryo-EM structure of the volume-regulated anion channel LRRC8D isoform identifies features important for substrate permeation. 査読有 *Commun Biol.* 3, 240. doi: 10.1038/s42003-020-0951-z, (2020)

Kawaguchi M, Okabe T, Okudaira S, Hama K, Kano K, Nishimasu H, Nakagawa H, Ishitani R, Kojima H, Nureki O, Aoki J, Nagano T. Identification of Potent In Vivo Autotaxin Inhibitors that Bind to Both Hydrophobic Pockets and Channels in the Catalytic Domain. 査読有 *J Med Chem.* 63, 3188-3204. doi: 10.1021/acs.jmedchem.9b01967. (2020)

Yamaguchi S, Oe A, Nishida KM, Yamashita K, Kajiya A, Hirano S, Matsumoto N, Dohmae N, Ishitani R, Saito K, Siomi H, Nishimasu H, Siomi MC, Nureki O. Crystal structure of Drosophila Piwi. 査読有 *Nature Commun.* 11, 858. doi: 10.1038/s41467-020-14687-1, (2020)

Numasawa, K., Hanaoka, K., Ikeno, T., Echizen, H., Ishikawa, T., Morimoto, M., Komatsu, T., Ueno, T., Ikegaya, Y., Nagano, T., and Urano, Y. A cytosolically localized far-red to near-infrared rhodamine-based fluorescent probe for calcium ions. 査読有 *Analyst*, 145, 7736-7740 (2020).

Tachibana, R., Kamiya, M., Morozumi, A., Miyazaki, Y., Fujioka, H., Nanjo, A., Kojima, R., Komatsu, T., Ueno, T., Hanaoka, K., Yoshihara, T., Tobita, S., and Urano, Y. Design of spontaneously blinking fluorophores for live-cell super-resolution imaging based on quantum-chemical calculations. 査読有 *Chem. Commun.*, 56, 13173-13176 (2020).

Komatsu, T., Kyo, E., Ishii, H., Tsuchikama, K., Yamaguchi, A., Ueno, T., Hanaoka, K., and Urano, Y. Antibody clicking as a strategy to modify antibody functionalities on the surface of targeted cells. 査読有 *J. Am. Chem. Soc.*, 142, 15644-15648 (2020).

Numasawa, K., Hanaoka, K., Saito, N., Yamaguchi, Y., Ikeno, T., Echizen, H., Yasunaga, M., Komatsu, T., Ueno, T., Miura, M., Nagano, T., and Urano, Y. A fluorescent probe for rapid, high-contrast visualization of folate-receptor-expressing tumors *in vivo*. 査読有 *Angew. Chem. Int. Ed.*, 59, 6015-6020 (2020).

Takahashi, S., Hanaoka, K., Okubo, Y., Echizen, H., Ikeno, T., Komatsu, T., Ueno, T., Hirose, K., Iino, M., Nagano, T., and Urano, Y. Rational design of a near-infrared fluorescence probe for Ca²⁺ based on phosphorus-substituted rhodamines utilizing photoinduced electron transfer. 査読有 *Chem. Asian J.*, 15, 524-530 (2020)

Ogihara, S., Komatsu, T., Itoh, Y., Miyake, Y., Suzuki, T., Yanagi, K., Kimura, Y., Ueno, T., Hanaoka, K., Kojima, H., Okabe, T., Nagano, T., and Urano, Y. Metabolic-pathway-oriented screening targeting S-adenosyl-L-methionine reveals the epigenetic remodeling activities of naturally occurring catechols. 査読有 *J. Am. Chem. Soc.*, 142, 21-26 (2020)

Matsushita M, Nakamura T, Moriizumi H, Miki H, Takekawa M. Stress-responsive MTK1 SAPKKK serves as a redox sensor that mediates delayed and sustained activation of SAPKs by oxidative stress. 査読有 *Science Advances* 6 doi 0.1126/sciadv.aay9778 (2020)

Watanabe M, Arii J, Takeshima K, Fukui A, Shimojima M, Kozuka-Hata H, Oyama M, Minamitani T, Yasui T, Kubota Y, Takekawa M, Kosugi I, Maruzuru Y, Koyanagi N, Kato A, Mori Y, Kawaguchi Y. Prohibitin-1 Contributes to Cell-to-Cell Transmission of Herpes Simplex Virus 1 via the MAPK/ERK Signaling Pathway. 査読有 *Journal of Virology* 95 doi 10.1128/JVI.01413-20 (2021)

Oda K, Nomura T, Nakane T, Yamashita K, Inoue K, Ito S, Vierock J, Hirata K, Maturana AD, Katayama K, Ikuta T, Ishigami I, Izume T, Umeda R, Eguma R, Oishi S, Kasuya G, Kato T, Kusakizako T, Shihoya W, Shimada H, Takatsuji T, Takemoto M, Taniguchi R, Tomita A, Nakamura R, Fukuda M, Miyauchi H, Lee Y, Nango E, Tanaka R, Tanaka T, Sugahara M, Kimura T, Shimamura T, Fujiwara T, Yamanaka Y, Owada S, Joti Y, Tono K, Ishitani R, Hayashi S, Kandori H, Hegemann P, Iwata S, Kubo M, Nishizawa T, Nureki O. Time-

resolved serial femtosecond crystallography reveals early structural changes in channelrhodopsin. 査読有 *eLife*. Mar 23;10:e62389 (2021)

Yagishita, A., Ueno, T., Tsuchihara, K., and Urano, Y. Amino BODIPY-based blue fluorescent probes for aldehyde dehydrogenase 1-expressing cells. 査読有 *Bioconjugate Chem.*, 32, 234-238 (2021)

Kubota, Y, Fujioka Y, Patil A, Takagi Y, Matsubara D, Iijima M, Momose I, Naka R, Nakai K, Noda N.N., and Takekawa M. Qualitative differences in disease-associated MEK mutants reveal molecular signatures and aberrant signaling-crosstalk in cancer. 査読有 *Nature Commun.* in press.

Ueki, R, Hayashi, S., Tsunoda, M., Akiyama, M., Liu, H., Ueno, T., Urano, Y., and Sando. Nongenetic control of receptor signaling dynamics with a DNA-based optochemical tool. 査読有 *Chem. Commun.*, in press.

Ohe S, Kubota Y, Yamaguchi K, Takagi Y, Nashimoto J, Hata HK, Oyama M, Furukawa Y, and Takekawa M. ERK-mediated NELF-A phosphorylation promotes transcription elongation of immediate-early genes by releasing promoter-proximal pausing of RNA polymerase II. 査読有 *Nature Commun.* in press.

Yu, J., Yun, H., Shin, B., Kim, Y., Park, E.S., Choi, S., Yu, J., Amarasekara, D.S., Kim, S., Inoue, J., Walsh, M.C., Choi, Y., Takami, M. and Rho, J. Interaction of tumor necrosis factor receptor-associated factor 6 (TRAF6) and Vav3 in the receptor activator of nuclear factor κ B (RANK) signaling complex enhances osteoclastogenesis. 査読有 *J. Biol. Chem.* 291(39):20643-60. doi: 10.1074/jbc.M116.728303. (2016)

Yamamoto, M., Mastsuyama, S., Li, X., Takeda, M., Kawaguchi, Y., Inoue, J. and Matsuda, Z. Identification of nafamostat as a potent inhibitor of Middle East respiratory syndrome (MERS) corona virus S-mediated membrane fusion using the split protein-based cell-cell fusion assay. 査読有 *Antimicrob. Agents Chemother.* 60(11):6532-6539. doi: 10.1128/AAC.01043-16 (2016)

Kawasaki, M., Kawasaki, K., Oommen, S., Blackburn, J., Watanabe, M., Nagai, T., Kitamura, A., Maeda, T., Liu, B., Schmidt-Ullrich, R., Akiyama, T., Inoue, J., Hammond, N.L., Sharpe, P.T. and Ohazama, A. Regional regulation of filiform tongue papillae development by Ikka/Irf6. 査読有 *Dev. Dyn.* 245, 937-946. doi: 10.1002/dvdy.24427 (2016)

Akiyama, N., Takizawa, N., Miyauchi, M., Yanai, H., Tateishi, R., Shinzawa, M., Yoshinaga, R., Kurihara, M., Demizu, Y., Yasuda, H., Yagi, S., Wu, G., Matsumoto, M., Sakamoto, R., Yoshida, N., Penninger, J.M., Kobayashi, Y., Inoue, J. and Akiyama, T. Identification of embryonic precursor cells that differentiate into thymic epithelial cells expressing autoimmune regulator. 査読有 *J. Exp. Med.* 213(8):1441-58. doi: 10.1084/jem.20151780. (2016)

Nakazawa, S., Oikawa, D., Ishii, R., Ayaki, T., Takahashi, H., Takeda, H., Ishitani, R., Kamei, K., Takeyoshi, I., Kawakami, H., Iwai, K., Hatada, I., Sawasaki, T., Ito, H., Nureki, O., and Tokunaga, F. Linear ubiquitination is involved in the pathogenesis of optineurin-associated amyotrophic lateral sclerosis. 査読有 *Nature Commun.* 7, 12547 (2016)

Omura, H., Oikawa, D., Nakane, T., Kato, M., Ishii, R., Ishitani, R., Tokunaga, F., and Nureki, O. Structural and Functional Analysis of DDX41: a bispecific immune receptor for DNA and cyclic dinucleotide. 査読有 *Sci Rep.* 6, 34756 (2016)

Saitoh, Y., Hamano, A., Mochida, K., Kakeya, A., Uno, M., Tsuruyama, E., Ichikawa, H., Tokunaga, F., Utsunomiya, A., Watanabe, T., and Yamaoka, S. A20 targets caspase-8 and FADD to protect HTLV-I-infected cells. 査読有 *Leukemia* 30, 716-727 (2016)

Koga, R., Radwan, M.O., Ejima, T., Kanemaru, Y., Tateishi, H., Ali, T.F.C., Ciftci, H.I., Shibata, Y., Taguchi, Y., Inoue, J., Otsuka M. and Fujita, M. A Dithiol Compound Binds to the Zinc Finger Protein TRAF6 and Suppresses its Ubiquitination. 査読有 *Chem Med Chem* 12, 1935-194. doi:10.1002/cmdc.201700399. (2017)

Magilnick, N., Reyes, E.Y., Wang, W-L., Vonderfecht, S.L., Gohda, J., Inoue, J. and Boldin, M.P. The miR-146a-Traf6 regulatory axis controls autoimmunity and myelopoiesis, but is dispensable for hematopoietic stem cell homeostasis and tumor suppression. 査読有 *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 114, E7140-E7149 doi:10.1073/pnas.1706833114 (2017)

- Inuki, S., Aiba, T., Kawakami, S., Akiyama, T., Inoue, J. and Fujimoto, Y. Total synthesis of D-glycero-D-manno-Heptose 1,7-Bisphosphate and evaluation of its ability to modulate NF- κ B Activation. 査読有 *Org. Lett.* 19, 3079-3082. doi: 10.1021/acs.orglett.7b01158. (2017)
- Yamamoto, M., Sakane, K., Tominaga, K., Gotoh, N., Niwa, T., Kikuchi, Y., Tada, K., Goshima, N., Semba, K. and Inoue, J. Intratumoral bidirectional transitions between epithelial and mesenchymal cells in triple-negative breast cancer. 査読有 *Cancer Sci.* 108, 1210-1222 doi: 10.1111/cas.13246. (2017)
- Into, T., Horie, T., Inomata, M., Gohda, J., Inoue, J., Murakami, Y. and Niida, S. Basal autophagy prevents autoactivation or enhancement of inflammatory signals by targeting monomeric MyD88. 査読有 *Sci. Rep.* 7: 1009 doi:10.1038/s41598-017-01246-w. (2017)
- Shibata, Y., Tokunaga, F., Goto, E., Komatsu, G., Gohda, J., Saeki, Y., Tanaka, K., Takahashi, H., Sawasaki, T., Inoue, S., Oshiumi, H., Seya, T., Nakano, H., Tanaka, Y., Iwai, K. and Inoue, J. HTLV-1 Tax Induces Formation of the Active Macromolecular IKK Complex by Generating Lys63- and Met1-Linked Hybrid Polyubiquitin Chains. 査読有 *PLoS Pathogens* 13(1):e1006162 doi: 10.1371/journal.ppat.1006162. (2017)
- Varney, M., Choi, K., Bolanos, L., Christie, S., Fang, J., Grimes, H.L., Maciejewski, J., Inoue, J. and Starczynowski, D. Epistasis between TIFAB and miR-146a, neighboring genes in del(5q) MDS. 査読有 *Leukemia* 31, 491-495 doi:10.1038/leu.2016.276. (2017)
- Goto, E., and Tokunaga, F. Decreased linear ubiquitination of NEMO and FADD on apoptosis with caspase-mediated cleavage of HOIP. 査読有 *Biochem Biophys Res Commun.* 485, 152-159 (2017)
- Hattori, M., Shimizu, A., Oikawa, D., Kamei, K., Kaira, K., Ishida-Yamamoto, A., Nakano, H., Sawamura, D., Tokunaga, F., and Ishikawa, O. Endoplasmic reticulum stress in the pathogenesis of pretibial dystrophic epidermolysis bullosa. 査読有 *Br J Dermatol.* 177, e92-e93 (2017)
- Yamamoto, T., Nakatsu, Y., Matsunaga, Y., Fukushima, T., Yamazaki, H., Kaneko, S., Fujishiro, M., Kikuchi, T., Kushiya, A., Tokunaga, F., Asano, T., and Sakoda, H. Reduced SHARPIN and LUBAC formation may contribute to CCl(4)- or acetaminophen-induced liver cirrhosis in mice. 査読有 *Int J Mol Sci.* 18, 326 (2017)
- Johmura, Y., Maeda, I., Suzuki, N., Wu, W., Goda, A., Morita, M., Yamaguchi, K., Yamamoto, M., Maruyama, R., Inoue, J., Furukawa, Y., Ohta, T and Nakanishi, M. Fbxo22-mediated KDM4B degradation determines selective estrogen receptor modulator activity in breast cancer. 査読有 *J. Clin. Invest.* 128, 5603-5619 doi: 10.1172/JCI121679. (2018)
- Ogawa, M., Matsuda, R., Takada, N., Tomokiyo, M., Yamamoto, S., Shizukushi, S., Yamaji, T., Yoshikawa, Y., Yoshida, M., Tanida, I., Koike, M., Murai, M., Morita, H., Takeyama, H., Ryo, A., Guan, J.-L., Yamamoto, M., Inoue, J., Yanagawa, T., Fukuda, M., Kawabe, H. and Ohnishi, M. Molecular mechanisms of Streptococcus pneumoniae-targeted autophagy via pneumolysin, Golgi-resident Rab41, and Nedd4-1-mediated K63-linked ubiquitination. 査読有 *Cell Microbiol.* 26:e12846. doi: 10.1111/cmi.12846. (2018)
- Liu, D., Wang, H., Yamamoto, M., Song, J., Zhang, R., Du, Q., Kawaguchi, Y., Inoue, J. and Matsuda, Z. Six-helix bundle completion in the distal C-terminal heptad repeat region of gp41 is required for efficient human immunodeficiency virus type 1 infection. 査読有 *Retrovirology* 9 15:27. doi: 10.1186/s12977-018-0410-9 (2018)
- Gohda, J., Suzuki, K., Liu, K., Xie, X., Takeuchi, H., Inoue, J., Kawaguchi, Y. and Ishida, T. BI-2536 and BI-6727, dual Polo-like kinase/bromodomain inhibitors, effectively reactivate latent HIV-1. 査読有 *Sci. Rep.* 8:3521 doi: 10.1038/s41598-018-21942-5. (2018)
- Kajikawa, S., Taguchi, Y., Hayata, T., Ezura, Y., Ueta, R., Arimura, S., Inoue, J., Noda, M. and Yamanashi, Y. Dok-3 and Dok-1/-2 adaptors play distinctive roles in cell fusion and proliferation during osteoclastogenesis and cooperatively protect mice from osteopenia. 査読有 *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 498, 967-974. doi: 10.1016/j.bbrc.2018.03.090. (2018)
- Hattori, M., Ishikawa, O., Oikawa, D., Amano, H., Yasuda, M., Kaira, K., Ishida-Yamamoto, A., Nakano, H., Sawamura, D., Terawaki, S.I., Wakamatsu, K., Tokunaga, F., and Shimizu, A. In-frame Val(216)-Ser(217) deletion of KIT in mild piebaldism causes aberrant secretion and SCF response. 査読有 *J Dermatol Sci.* 91,

35-42 (2018)

Kato, K., Nishimasu, H., Oikawa, D., Hirano, S., Hirano, H., Kasuya, G., Ishitani, R., Tokunaga, F., and Nureki, O. Structural insights into cGAMP degradation by Ecto-nucleotide pyrophosphatase phosphodiesterase 1. 査読有 *Nature Commun.* 9, 4424 (2018)

Katsuya, K., Hori, Y., Oikawa, D., Yamamoto, T., Umetani, K., Urashima, T., Kinoshita, T., Ayukawa, K., Tokunaga, F., and Tamaru, M. High-throughput screening for linear ubiquitin chain assembly complex (LUBAC) selective inhibitors using homogenous time-resolved fluorescence (HTRF)-based assay system. 査読有 *SLAS Discov.* 23, 1018-1029 (2018)

Kuriyama, Y., Hattori, M., Mitsui, T., Nakano, H., Oikawa, D., Tokunaga, F., Ishikawa, O., and Shimizu, A. Generalized verrucosis caused by various human papillomaviruses in a patient with GATA2 deficiency. 査読有 *J Dermatol.* 45, e108-e109 (2018)

Oikawa, D., Shiota, M., Goto, E., Komakura, K., Wanibuchi, H., and Tokunaga, F. Generation of rat monoclonal antibodies against a deubiquitinase, ovarian tumor domain-containing protein 1. 査読有 *Monoclon Antib Immunodiagn Immunother.* 37, 180-184 (2018).

Oikawa, D., Shiota, M., Tokunaga, F., and Wanibuchi, H. Generation of rat monoclonal antibodies specific for DZIP3. 査読有 *Monoclon Antib Immunodiagn Immunother.* 37, 153-157 (2018)

Yamamoto, M., Abe, C., Wakinaga, S., Sakane, K., Yumiketa, Y., Taguchi, Y., Matsumura, T., Ishikawa, K., Fujimoto, J., Semba, K., Miyauchi, M., Akiyama, T. and Inoue, J. TRAF6 maintains mammary stem cells and promotes pregnancy-induced mammary epithelial cell expansion. 査読有 *Commun. Biol.* 2, Article number: 292. <https://doi.org/10.1038/s42003-019-0547-7> (2019)

Radwan, M.O., Koga, R., Hida, T., Ejima, T., Kanemaru, Y., Tateishi, H., Okamoto, Y., Inoue, J., Fujita, M. and Otsuka, M. Minimum structural requirements for inhibitors of the zinc finger protein TRAF6. 査読有 *Bioorg. Med. Chem. Lett.* 29, 2162-2167 <https://doi.org/10.1016/j.bmcl.2019.06.050> (2019)

Yamamoto, M., Du, Q., Song, J., Wang, H., Watanabe, A., Tanaka, Y., Kawaguchi, Y., Inoue, J. and Matsuda, Z. Cell-cell and virus-cell fusion assay-based analyses of alanine insertion mutants in the distal a9 portion of the JRFL gp41 subunit from HIV-1. 査読有 *J. Biol. Chem.* 294, 5677-5687 (2019)

Hatanaka, N., Seki, T., Inoue, J., Tero, A. and Suzuki, T. Critical roles of I κ B α and RelA phosphorylation in transitional oscillation in NF- κ B signaling module. 査読有 *J. Theor. Biol.* 462, 479-489 doi: 10.1016/j.jtbi.2018.11.023. (2019)

Katsuya, K., Oikawa, D., Iio, K., Obika, S., Hori, Y., Urashima, T., Ayukawa, K., and Tokunaga, F. Small-molecule inhibitors of linear ubiquitin chain assembly complex (LUBAC), HOIPINs, suppress NF- κ B signaling. 査読有 *Biochem Biophys Res Commun.* 509, 700-706 (2019)

Nakayama, Y., Sakamoto, S., Tsuji, K., Ayaki, T., Tokunaga, F., and Ito, H. Identification of linear polyubiquitin chain immunoreactivity in tau pathology of Alzheimer's disease. 査読有 *Neurosci Lett.* 703, 53-57 (2019)

Uematsu, A., Kido, K., Takahashi, H., Takahashi, C., Yanagihara, Y., Saeki, N., Yoshida, S., Maekawa, M., Honda, M., Kai, T., Shimizu, K., Higashiyama, S., Imai, Y., Tokunaga, F., and Sawasaki, T. The E3 ubiquitin ligase MIB2 enhances inflammation by degrading the deubiquitinating enzyme CYLD. 査読有 *J Biol Chem.* 294, 14135-14148 (2019)

Yamamoto, M., Kiso, M., Sakai-Tagawa, Y., Iwatsuki-Horimoto, K., Imai, M., Takeda, M., Kinoshita, N., Ohmagari, N., Gohda, J., Semba, K., Matsuda, Z., Kawaguchi, Y., Kawaoka Y. and Inoue J. The anticoagulant nafamostat potently inhibits SARS-CoV-2 S protein-mediated fusion in a cell fusion assay system and viral infection in vitro in a cell-type-dependent manner. 査読有 *Viruses* 12, 629 <https://doi.org/10.3390/v12060629>. (2020)

Doi, K., Ikeda, M., Hayase, N., Moriya, K., Maehara, H., Tagami, S., Fukushima, K., Misawa, N., Inoue, Y., Nakamura, H., Takai, D., Kurimoto, M. Tokunaga, K., Yamamoto, M. Hirayama, I., Horie, R., Endo, Y., Hiwatashi, K., Shikama, M., Jubishi, D., Kanno, Y., Okamoto, K., Harada, S., Okugawa, S., Miyazono, K., Seto,

Y., Inoue, J. and Morimura, N. Nafamostat mesylate treatment in combination with favipiravir for patients critically ill with Covid-19: a case series. 査読有 *Crit. Care* 24:392 <https://doi.org/10.1186/s13054-020-03078-z> (2020)

Yamamoto, M., Ichinohe, T., Watanabe, A., Kobayashi, A., Zhang, R., Song, J., Kawaguchi, Y., Matsuda, Z. and Inoue, J. The antimalarial compound atovaquone inhibits Zika and dengue virus infection by blocking E protein-mediated membrane fusion. 査読有 *Viruses* 12, 1475; doi.org/10.3390/v12121475. (2020)

Kanamori, A., Matsubara, D., Saitoh, Y., Fukui, Y., Gotoh, N., Kaneko, S., Seiki, M., Murakami, Y., Inoue, J. and Sakamoto, T. Mint3 depletion restricts tumor malignancy of pancreatic cancer cells by decreasing SKP2 expression via HIF-1. 査読有 *Oncogene* 39, 6218–6230 <https://doi.org/10.1038/s41388-020-01423-8> (2020)

Yoshino, S., Matsui, Y., Fukui, Y., Seki, M., Yamaguchi, K., Kanamori, A., Saitoh, Y., Shimamura, T., Suzuki, Y., Furukawa, Y., Kaneko, S., Seiki, M., Murakami, Y., Inoue, J. and Sakamoto, T. EXOSC9 depletion attenuates P-body formation, stress resistance, and tumorigenicity of cancer cells. 査読有 *Sci. Rep.* 10:9275 [doi: 10.1038/s41598-020-66455-2](https://doi.org/10.1038/s41598-020-66455-2). (2020)

Niederhorn, M., Hueneman, K., Choi, K., Varney, M.E., Romano, L., Pujato, M.A., Greis, K.D., Inoue, J., Meetei, R. and Starczynowski, D.T. TIFAB regulates USP15-mediated p53 signaling during stressed and malignant hematopoiesis. 査読有 *Cell Rep.* 30, 2776-2790.e6.; [doi:10.1016/j.celrep.2020.01.093](https://doi.org/10.1016/j.celrep.2020.01.093) (2020)

Kozuka-Hata, H., Kitamura, A., Hiroki, T., Aizawa, A., Tsumoto, K., Inoue, J. and Oyama, M. System-wide analysis of protein acetylation and ubiquitination reveals diversified regulation in human cancer cells. 査読有 *Biomolecules* 10:411 [doi: 10.3390/biom10030411](https://doi.org/10.3390/biom10030411). (2020)

Nakamura, T., Hashikawa, C., Okabe, K., Yokote, Y., Chirifu, M., Toma-Fukai, S., Nakamura, N., Matsuo, M., Kamikariya, M., Okamoto, Y., Gohda, J., Akiyama, T., Semba, K., Ikemizu, S., Otsuka, M., Inoue, J. and Yamagata, Y. Structural analysis of TIFA: Insight into TIFA-dependent signal transduction in innate immunity. 査読有 *Sci. Rep.* 10:5152 [doi: 10.1038/s41598-020-61972-6](https://doi.org/10.1038/s41598-020-61972-6). (2020)

Kandeel, M., Yamamoto, M., Al-Taher, A., Watanabe, A., Oh-hashii, K., Park, B.-K., Kwon, H.-J., Inoue, J. and Al-Nazawi, M. Discovery of new small molecule inhibitors of Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus fusion by targeting cavities on heptad repeat trimers. 査読有 *Biomol. Ther.* 28, 311-319 [doi: 10.4062/biomolther.2019.202](https://doi.org/10.4062/biomolther.2019.202). (2020)

Nakayama, Y., Tsuji, K., Ayaki, T., Mori, M., Tokunaga, F., and Ito, H. Linear polyubiquitin chain modification of TDP-43-positive neuronal cytoplasmic inclusions in amyotrophic lateral sclerosis. 査読有 *J Neuropathol Exp Neurol.* 79, 256-265 (2020).

Oikawa, D., Hatanaka, N., Suzuki, T., and Tokunaga, F. Cellular and mathematical analyses of LUBAC involvement in T cell receptor-mediated NF- κ B activation pathway. 査読有 *Front Immunol.* 11, 601926 (2020).

Oikawa, D., Sato, Y., Ohtake, F., Komakura, K., Hanada, K., Sugawara, K., Terawaki, S., Mizukami, Y., Phuong, H.T., Iio, K., Obika, S., Fukushi, M., Irie, T., Tsuruta, D., Sakamoto, S., Tanaka, K., Saeki, Y., Fukai, S., and Tokunaga, F. Molecular bases for HOIPINs-mediated inhibition of LUBAC and innate immune responses. 査読有 *Commun Biol.* 3, 163 (2020)

Takahashi, H., Yamanaka, S., Kuwada, S., Higaki, K., Kido, K., Sato, Y., Fukai, S., Tokunaga, F., and Sawasaki, T. A human DUB protein array for clarification of linkage specificity of polyubiquitin chain and application to evaluation of its inhibitors. 査読有 *Biomedicines* 8, 152 (2020)

Yamanaka, S., Sato, Y., Oikawa, D., Goto, E., Fukai, S., Tokunaga, F., Takahashi, H., and Sawasaki, T. Subquinocin, a small molecule inhibitor of CYLD and USP-family deubiquitinating enzymes, promotes NF- κ B signaling. 査読有 *Biochem Biophys Res Commun.* 524, 1-7 (2020)

Kandeel, M., Yamamoto, M., Tani, H., Kobayashi, A., Gohda, J., Kawaguchi, Y., Park, B. K., Kwon, H.-J., Inoue, J. and Alkattan, A. Discovery of new fusion inhibitor peptides against SARS-CoV-2 by targeting the Spike S2 subunit. 査読有 *Biomol. Ther.*; [doi: 10.4062/biomolther.2020.201](https://doi.org/10.4062/biomolther.2020.201). (2021)

Uematsu, T., Tsuchiya, K., Kobayashi, N., Seiki, M., Inoue, J., Kaneko, K. and Sakamoto, T. Mint3 depletion-mediated glycolytic and oxidative alterations promote pyroptosis and prevent the spread of *Listeria monocytogenes* infection in macrophages. 査読有 *Cell Death Dis.* 12:40 doi: 10.1038/s41419-021-03691-y. (2021)

Kandeel, M., Yamamoto, M., Kim, J., Al-Taher, A., Watanabe, A., Gohda, J., Kawaguchi, Y., Kwon, H.-J. and Inoue, J. Discovery of new potent anti-MERS CoV fusion inhibitors. 査読有 *Frontiers in Pharmacology* in press (2021)

Dat, N.Q., Thuy, L.T.T., Hieu, V.N., Hai, H., Hoang, D.V., Thi Thanh Hai, N., Thuy, T.T.V., Komiya, T., Rombouts, K., Dong, M.P., Hanh, N.V., Hoang, T.H., Sato-Matsubara, M., Daikoku, A., Kadono, C., Oikawa, D., Yoshizato, K., Tokunaga, F., Pinzani, M., and Kawada, N. 6His-tagged recombinant human cytoglobin deactivates hepatic stellate cells and inhibits liver fibrosis by scavenging reactive oxygen species. 査読有 *Hepatology* (in press)

Iwasaki, N., Terawaki, S., Shimizu, K., Oikawa, D., Sakamoto, H., Sunami, K., and Tokunaga, F. Th2 cell-derived histamine is involved in nasal Th2 infiltration in mice. 査読有 *Inflamm Res.* 70, 539-541 (2021)

Iwasaki, N., Terawaki, S., Shimizu, K., Oikawa, D., Sakamoto, H., Sunami, K., and Tokunaga, F. Th2 cells and macrophages cooperatively induce allergic inflammation through histamine signaling. 査読有 *PLoS ONE* 16, e0248158 (2021)

Kuriyama, Y., Shimizu, A., Kanai, S., Oikawa, D., Tokunaga, F., Tsukagoshi, H., and Ishikawa, O. The synchronized gene expression of retrotransposons and type I interferon in dermatomyositis. 査読有 *J Am Acad Dermatol.* 84, 1103-1105 (2021)

Miyashita, H., Oikawa, D., Terawaki, S., Kabata, D., Shintani, A., and Tokunaga, F. Crosstalk Between NDP52 and LUBAC in innate immune responses, cell death, and xenophagy. 査読有 *Front Immunol.* 12, 635475 (2021)

Nakabayashi, O., Takahashi, H., Moriwaki, K., Komazawa-Sakon, S., Ohtake, F., Murai, S., Tsuchiya, Y., Koyahara, Y., Saeki, Y., Yoshida, Y., Yamazaki, S., Tokunaga, F., Sawasaki, T., and Nakano, H. MIND bomb 2 prevents RIPK1 kinase activity-dependent and -independent apoptosis through ubiquitylation of cFLIPL. 査読有 *Commun Biol.* 4, 80 (2021)

Suzuki, T., Itano, K., Zou, R., Iwamoto, R. and Mekada E., Mathematical modeling for breakdown of dynamical equilibrium in bone metabolism. 査読有 *The Role and Importance of Mathematics in Innovation*, pp. 25-34, Springer, (2016)

板野景子, 鈴木貴, あるN分子パスウェイネットワークの数理モデリングと数学解析. 査読有 日本応用数理学会論文誌26 44-83 (2016)

Gallinato O., Ohta M., Poignard C and Suzuki T. Free boundary problem for cell protrusion formations. 査読有 *J. Math. Biol.* 75, 1-45. (2016) DOI:10.1007/s00285-016-1018-8. (2016)

Kavallaris, N.I. and Suzuki, T. On the dynamics of a non-local parabolic equation associated with Gierer-Meinhardt system. *Nonlinearity* 30. 1734-1761. (2017)

Suzuki T, Pierre M and Zou R. Asymptotic behavior of renormalized solution to chemical reaction diffusion systems. *JMAA*, 450 (1), 152-168 (2017). 査読有 DOI.10.1016/j.jmaa.01.022, (2017)

Kawasaki S, Minerva D, Itano K and Suzuki T. Finding solvable units of variables in nonlinear ODEs of ECM degradation pathway network. *Comp.* 査読有 *Math. Mech. Medicine.*, 1-15 ID5924270. (2017)

Suzuki T and Espejo E. Reaction enhancement by chemotaxis in a model describing fertilization of corals. 査読有 *Nonlinear Analysis. Real World Applications* 35, 102-131doi.org/10.1016/j.nonrwa.2016.10.010 (2017)

Suzuki T, Pierre M and Umakoshi H. Global-in-time behavior of weak solution to reaction diffusion system with inhomogeneous Dirichlet boundary condition. 査読有 *Nonlinear Anal. TMA* 159, 393-407, DOI. 10.1016/j.na.2017.01.013 (2017)

- Suzuki T and Sasaki T. Asymptotic behaviour of the solution to a virus dynamics model with diffusion. 査読有 *DCDS-B*, 23(2), 525-541, doi:10.3934/dcdsb.2017206 (2018)
- Suzuki T, Minerva, D. Nishiyama K, Koshikawa N and Chaplain M. Study on the tumor-induced angiogenesis using mathematical models. 査読有 *Cancer Science* 109 (1) , 15-23 DOI:10.1111/cas.13395 (2018)
- Suzuki T, Kobayashi M and Yamada Y. Lotka-Volterra systems with periodic orbits. 査読有 *Funkcialaj Ekvacioj* 62(1) 129-155, doi.org/10.1619/fesi.62.129 (2019)
- Suzuki T, Pierre M and Yamada Y. Dissipative reaction diffusion systems with quadratic growth. 査読有 *Indiana Univ. Math. J.* in press 68(1).291-322, DOI: 10.1512/iumj.2019.68.7447 (2019)
- Ito, T., Kumagai, Y, Itano, K, Maruyama, T, Tamura, K, Kawasaki, S, Suzuki, T and Murakami, Y. Mathematical analysis of gefitinib resistance of lung adenocarcinoma caused by MET amplification, 査読有 *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 511(3), 101-121, doi: 10.1016/j.bbrc.2019.02.086 (2019)
- Hatanaka, N, Seki, T, Inoue, J, Tero, A, and Suzuki T. Critical roles of I κ B α and RelA phosphorylation in transitional oscillation in NF- κ B signaling module, 査読有 *J. Theor. Biol.* 462,479-489 doi:10.1016/j.jtbi.2018.11.0203.Epub2019Nov27 (2019)
- N.A.N. Azuan, N. Yaacob, Suzuki, T, C. Poignard, S. Shafie and M.A.B. Admon, Two-dimensional signal transaction during the formation of invadopodia, 査読有 *Malaysian J. Math. Sci.* 13(2), 155-164 (2019)
- Oikawa, D, Hatanaka, N, Suzuki, T and Tokunaga, F. Cellular and mathematical analyses of LUBAC involvement in T cell receptor-mediated NF- κ B activation pathway, 査読有 *Frontiers Immunology*, 601926. DOI:1- .3389/fimmu.2020.60.1926S (2020)
- 朝倉暢彦, 鈴木貴, 室井敦. 肝細胞癌のシグナル伝達と生物統計による層別化, Precision Medicine, 1224-1230 (2020)
- Latos, E and Suzuki, T, Mass conservative reaction diffusion systems describing cell polarity, 査読有 *Math. Meth. Appl. Sci.* 44, 5974-5988, DOI:10.1002/mma.7162. (2021)
- Muramatsu, M., Ito, T., Shimoji, H., Komiya, M., Nishiyama, K, Suzuki, T., Minami, T. NFAT indicates nucleocytoplasmic damped oscillation via its feedback modulator, *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 571,201-209, DOI:10.1016/j.bbrc.2021.07.072 (2021)
- Asakura, N, Nakamura, N, Muroi, A, Nojima, Y, Yamashita, T, Kaneko, S, Ikeda, K, Koshikawa, N, Suzuki, T. Expression of Cancer Stem Cell Markers EpCAM and CD90 Is Correlated with Anti- and Pro-Oncogenic EphA2 Signaling in Hepatocellular Carcinoma. *International Journal of Molecular Sciences.* 22(16), 8652, doi.org/10.3390/ijms22168652 (2021)
- Noorehan Yaacob, Sharidan Shafie, Takashi Suzuki, Mohd Ariff Admon. Level set method for free boundary of invasive cancer cell using different functions of matrix metalloproteinases. *Journal of Physics : Conference Series.*, doi:10.1088/1742-6596/1988/1/012020 (2021)
- Uda S., Kubota H. Sparse Gaussian Graphical Model with Missing values. *Proceedings of the 21st Conference of Open Innovations Association (FRUCT)*, 336-343, (2017)
- Tsuchiya T., Fujii M., Matsuda N., Kunida K., Uda S., Kubota H., Konishi K., and Kuroda S. System identification of signaling dependent gene expression with different time-scale data. 査読有 *PLoS Comput. Biol.*, 13(12): e1005913, (2017)
- Ohashi K., Fujii M., Uda S., Kubota H., Komada H., Sakaguchi, K., Komada, H. and Kuroda S. Increase in hepatic and decrease in peripheral insulin clearance characterize abnormal temporal patterns of serum insulin in diabetic subjects. 査読有 *Sys. Biol. Appli*, 4, article number 14, (2018)
- Kubota H., Uda S., Matsuzaki F., Yamauchi Y., and Kuroda S. *In vivo* decoding mechanisms of the temporal patterns of blood insulin by the insulin-AKT pathway in the liver. 査読有 *Cell Syst.*, Vol.7, 118-128. (2018)

Kawata K., Hatano A., Yugi K., Kubota H., Sano T., Fujii M., Tomizawa Y., Kokaji T., Tanaka K. Y., Uda S., Suzuki Y., Matsumoto M., Nakayama K. I., Saitoh K., Kato K., Ueno A., Ohishi M., Hirayama A., Soga T., and Kuroda S. Trans-omic analysis reveals selective responses to induced and basal insulin across signaling, transcriptional, and metabolic networks. 査読有 *iScience*, Vol.7, 212-229. (2018)

Ohigashi I., Tanaka Y., Kondo K., Fujimori S., Kondo H., Palin AC., Hoffmann V., Kozai M., Matsushita Y., Uda S., Motosugi, R., Hamazaki J., Kubota H., Murata S., Tanaka K., Katagiri T., Kosako H. and Takahama Y. Trans-omics Impact of Thymoproteasome in Cortical Thymic Epithelial Cells. 査読有 *Cell Rep.*, Vol.29(9), 2901-2916, (2019)

Fujii, M., Murakami Y., Karasawa Y., Sumitomo Y., Fujita S., Koyama M., Uda S., Kubota H., Inoue H., Konishi K., Oba S., Ishii S. and Kuroda, S. Logical design of oral glucose ingestion pattern minimizing blood glucose in human. 査読有 *NPJ Syst. Biol. Appl.* (2019)

Kawata K., Yugi K., Hatano A., Kokaji T., Tomizawa Y., Fujii M., Uda S., Kubota H., Matsumoto M., Nakayama K. I. and Kuroda S. Reconstruction of global regulatory network from signaling to cellular functions using phosphoproteomic data. 査読有 *Genes Cells.*, 24: 82-93., (2019)

Kokaji T., Hatano A., Ito Y., Yugi K., Eto M., Morita K., Ohno S., Fujii M., Hironaka K., Egami R., Terakawa A., Tsuchiya T., Ozaki H., Inoue H., Uda S., Kubota H., Suzuki Y., Ikeda K., Arita M., Matsumoto M., Nakayama K., Hirayama A., Soga T., and Kuroda S. Transomics analysis reveals allosteric and gene regulation axes for altered hepatic glucose-responsive metabolism in obesity. 査読有 *Science Signal.*, Vol. 13(660), (2020)

Wada T., Hironaka K., Wataya M., Fujii M., Eto M., Uda S., Hoshino D., Kunida K., Inoue H., Kubota H., Takizawa T., Karasawa Y., Nakatomi H., Saito N., Hamaguchi H., Furuichi Y., Manabe Y., Fujii NL., and Kuroda S. Single-Cell Information Analysis Reveals That Skeletal Muscles Incorporate Cell-to-Cell Variability as Information Not Noise. 査読有 *Cell Rep.*, Vol. 32(9), 108051 (2020)

Egami R., Kokaji T., Hatano A., Yugi K., Eto M., Morita K., Ohno S., Fujii M., Hironaka K., Terakawa A., Bai Y., Pan Y., Tsuchiya T., Ozaki H., Inoue H., Uda S., Kubota H., Suzuki Y., Matsumoto M., Nakayama K., Hirayama A., Soga T., and Kuroda S.. Trans-omics analysis reveals obesity-associated dysregulation of inter-organ metabolic cycles between the liver and skeletal muscle. 査読有 *iScience*, Vol. 24 (3), 102217 (2021)

Matsuzaki F., Uda S., Yamauchi Y., Matsumoto M., Soga T., Maehara K., Ohkawa Y., Nakayama K., Kuroda S. and Kubota H. An extensive and dynamic trans-omic network illustrating prominent regulatory mechanisms in response to insulin in the liver, 査読有 *Cell Rep.*, in press (2021)

Yano, T., Takeda, H., Uematsu, A., Yamanaka, S., Nomura, S., Nemoto, K., Iwasaki, T., Takahashi, H., Sawasaki, T. AGIA Tag System Based on a High Affinity Rabbit Monoclonal Antibody against Human Dopamine Receptor D1 for Protein Analysis. 査読有 *PLoS One*. 11, e0156716 (2016)

Santolini, M., Sakakibara, I., Gauthier, M., Ribas-Aulinas, F., Takahashi, H., Sawasaki, T., Mouly, V., Concorde, J.P., Defossez, P.A., Hakim, V., Maire, P. MyoD reprogramming requires Six1 and Six4 homeoproteins: genome-wide cis-regulatory module analysis. 査読有 *Nucleic Acids Res.* 44, 8621-8640 (2016)

Nakazawa, S., Oikawa, D., Ishii, R., Ayaki, T., Takahashi, H., Takeda, H., Ishitani, R., Kamei, K., Takeyoshi, I., Kawakami, H., Iwai, K., Hatada, I., Sawasaki, T., Ito, H., Nureki, O., Tokunaga, F. Linear ubiquitination is involved in the pathogenesis of optineurin-associated amyotrophic lateral sclerosis. 査読有 *Nature Commun.* 7, 12547 (2016)

Kuwahara, M., Ise, W., Ochi, M., Suzuki, J., Kometani, K., Maruyama, S., Izumoto, M., Matsumoto, A., Takemori, N., Takemori, A., Shinoda, K., Nakayama, T., Ohara, O., Yasukawa, M., Sawasaki, T., Kurosaki, T., Yamashita, M. Bach2-Batf interactions control Th2-type immune response by regulating the IL-4 amplification loop. 査読有 *Nature Commun.* 7, 12596 (2016)

Ogawa, S., Miyamoto, K., Nemoto, K., Sawasaki, T., Yamane, H., Nojiri, H., Okada, K. OsMYC2, an essential factor for JA-inductive sakuranetin production in rice, interacts with MYC2-like proteins that enhance its transactivation ability. 査読有 *Sci Rep.* 7, 40175 (2016)

Shibata, Y., Tokunaga, F., Goto, E., Komatsu, G., Gohda, J., Saeki, Y., Tanaka, K., Takahashi, H., Sawasaki, T.,

Inoue, S., Oshiumi, H., Seya, T., Nakano, H., Tanaka, Y., Iwai, K., Inoue, J. HTLV-1 Tax Induces Formation of the Active Macromolecular IKK Complex by Generating Lys63- and Met1-Linked Hybrid Polyubiquitin Chains. 査読有 *PLoS Pathog.* 13, e1006162 (2016)

Kaneko, N., Ito, Y., Iwasaki, T., Takeda, H., Sawasaki, T., Migita, K., Agematsu, K., Koga, T., Kawakami, A., Yachie, A., Yoshiura, K., Morikawa, S., Kurata, M., Masumoto, J. Poly (I:C) and hyaluronic acid directly interact with NLRP3, resulting in the assembly of NLRP3 and ASC in a cell-free system. 査読有 *Eur J Inflamm.* 15, 85-97 (2017)

Kaneko, N., Iwasaki, T., Ito, Y., Takeda, H., Sawasaki, T., Morikawa, S., Nakano, N., Kurata, M., Masumoto, J. Applications of reconstituted inflammasomes in a cell-free system to drug discovery and elucidation of the pathogenesis of autoinflammatory diseases. 査読有 *Inflamm Regen.* 37, 9 (2017)

Shibata, Y., Tokunaga, F., Goto, E., Komatsu, G., Gohda, J., Saeki, Y., Tanaka, K., Takahashi, H., Sawasaki, T., Inoue, S., Oshiumi, H., Seya, T., Nakano, H., Tanaka, Y., Iwai, K., Inoue, J.I. HTLV-1 Tax Induces Formation of the Active Macromolecular IKK Complex by Generating Lys63- and Met1-Linked Hybrid Polyubiquitin Chains. 査読有 *PLoS Pathog.* 13, e1006162 (2017)

Ogawa, S., Miyamoto, K., Nemoto, K., Sawasaki, T., Yamane, H., Nojiri, H., Okada, K. OsMYC2, an essential factor for JA-inductive sakuranetin production in rice, interacts with MYC2-like proteins that enhance its transactivation ability. 査読有 *Sci Rep.* 7, 40175 (2017)

Yamamoto, T., Taira-Nihira, N., Yogosawa, S., Aoki, K., Takeda, H., Sawasaki, T., Yoshida, K. Interaction between RNF8 and DYRK2 is required for the recruitment of DNA repair molecules to DNA double-strand breaks. 査読有 *FEBS Lett.* 591, 842-853 (2017)

Takeda, H., Zhou, W., Kido, K., Suno, R., Iwasaki, T., Kobayashi, T., Sawasaki, T. CP5 system, for simple and highly efficient protein purification with a C-terminal designed mini tag. 査読有 *PLoS ONE* 12, e0178246 (2017)

Krug, S.M., Hayaishi, T., Iguchi, D., Watari, A., Takahashi, A., Fromm, M., Nagahama, M., Takeda, H., Okada, Y., Sawasaki, T., Doi, T., Yagi, K., Kondoh, M. Angubindin-1, a novel paracellular absorption enhancer acting at the tricellular tight junction. 査読有 *J Control Release.* 260, 1-11 (2017)

Liu, S., Hasegawa, H., Takemasa, E., Suzuki, Y., Oka, K., Kiyoi, T., Takeda, H., Ogasawara, T., Sawasaki, T., Yasukawa, M., Maeyama, K. Efficiency and safety of CRAC inhibitors in human rheumatoid arthritis xenograft models. 査読有 *J Immunol.* 199, 1584-1595 (2017)

Hashimoto, Y., Shirakura, K., Okada, Y., Takeda, H., Endo, E., Tamura, M., Watari, A., Sadamura, Y., Sawasaki, T., Doi, T., Yagi, K., Kondoh, M. Claudin-5-binders enhance permeation of solutes across the blood-brain barrier in a mammalian model. 査読有 *J Pharmacol Exp Ther.* 363, 275-283 (2017)

Yonezawa T, Takahashi H, Shikata S, Liu X, Tamura M, Asada S, Fukushima T, Fukuyama T, Tanaka Y, Sawasaki T, Kitamura T, Goyama S., The ubiquitin ligase STUB1 regulates stability and activity of RUNX1 and RUNX1-RUNX1T1. 査読有 *J Biol Chem*, 2017, 292, 12528-12541, DOI:10.1074/jbc.M117.785675. (2017)

Sun, S., Nakashima, K., Ito, M., Li, Y., Chida, T., Takahashi, H., Watashi, K., Sawasaki, T., Wakita, T., Suzuki, T. Involvement of PUF60 in Transcriptional and Post-transcriptional Regulation of Hepatitis B Virus Pregenomic RNA Expression. 査読有 *Sci Rep.* 7, 12874 (2017)

Nemoto, K., Ramadan, A., Arimura, G.I., Imai, K., Tomii, K., Shinozaki, K., Sawasaki, T. Tyrosine phosphorylation of the GARU E3 ubiquitin ligase promotes gibberellin signalling by preventing GID1 degradation. 査読有 *Nature Commun.* 8, 1004 (2017)

Uematsu, A., Kido, K., Manabe, E., Takeda, H., Takahashi, H., Hayashi, M., Imai, Y., Sawasaki, T. DANFIN functions as an inhibitor of transcription factor NF- κ B and potentiates the antitumor effect of bortezomib in multiple myeloma. 査読有 *Biochem Biophys Res Commun.* 495, 2289-2295 (2018)

Suzuki, Y., Ogasawara, T., Tanaka, Y., Takeda, H., Sawasaki, T., Mogi, M., Liu, S., Maeyama, K. Functional G-Protein-Coupled Receptor (GPCR) Synthesis: The Pharmacological Analysis of Human Histamine H1 Receptor

(HRH1) Synthesized by a Wheat Germ Cell-Free Protein Synthesis System Combined with Asolectin Glycosomes. 査読有 *Front Pharmacol.* 9, 38 (2018)

Nemoto, K., Kagawa, M., Nozawa, A., Hasegawa, Y., Hayashi, M., Imai, K., Tomii, K., Sawasaki, T. Identification of new abscisic acid receptor agonists using a wheat cell-free based drug screening system. 査読有 *Sci Rep.* 8, 4268 (2018)

Hashimoto, Y., Zhou, W., Hamauchi, K., Shirakura, K., Doi, T., Yagi, K., Sawasaki, T., Okada, Y., Kondoh, M., Takeda, H. Engineered membrane protein antigens successfully induce antibodies against extracellular regions of claudin-5. 査読有 *Sci Rep.* 8, 8383 (2018)

Miura, T., Takeo, S., Ntege, E.H., Otsuki, H., Sawasaki, T., Ishino, T., Takashima, E., Tsuboi, T. The malaria parasite RhopH protein complex interacts with erythrocyte calmyrin identified from a comprehensive erythrocyte protein library. 査読有 *Biochem Biophys Res Commun.* 500, 261-267 (2018)

Yonezawa, T., Takahashi, H., Shikata, S., Sawasaki, T., Kitamura, T., Goyama, S. The ubiquitin ligase RNF38 promotes RUNX1 ubiquitination and enhances RUNX1-mediated suppression of erythroid transcription program. 査読有 *Biochem Biophys Res Commun.* 505, 905-909 (2018)

Nakanishi, A., Kaneko, N., Takeda, H., Sawasaki, T., Morikawa, S., Zhou, W., Kurata, M., Yamamoto, T., Akbar, S.M.F., Zako, T., Masumoto, J. Amyloid β directly interacts with NLRP3 to initiate inflammasome activation: identification of an intrinsic NLRP3 ligand in a cell-free system. 査読有 *Inflamm Regen.* 38, 27 (2018)

Ali, M.R.M., Uemura, T., Ramadan, A., Adachi, K., Nemoto, K., Nozawa, A., Hoshino, R., Abe, H., Sawasaki, T., Arimura, G.I. The Ring-type E3 Ubiquitin Ligase JUL1 Targets the VQ-motif Protein JAV1 to Coordinate Jasmonate Signaling. 査読有 *Plant Physiol.* 179, 1273-1284 (2019)

Miyakawa, K., Matsunaga, S., Yokoyama, M., Nomaguchi, M., Kimura, Y., Nishi, M., Kimura, H., Sato, H., Hirano, H., Tamura, T., Akari, H., Miura, T., Adachi, A., Sawasaki, T., Yamamoto, N., Ryo, A. PIM kinases facilitate lentiviral evasion from SAMHD1 restriction via Vpx phosphorylation. 査読有 *Nature Commun.* 10, 1844 (2019)

Miyamoto, T., Uemura, T., Nemoto, K., Daito, M., Nozawa, A., Sawasaki, T., Arimura, G.I. Tyrosine Kinase-Dependent Defense Responses Against Herbivory in Arabidopsis. 査読有 *Front Plant Sci.* 10, 776 (2019)

Maekawa, M., Hiyoshi, H., Nakayama, J., Kido, K., Sawasaki, T., Semba, K., Kubota, E., Joh, T., Higashiyama, S. Cullin-3/KCTD10 complex is essential for K27-polyubiquitination of EIF3D in human hepatocellular carcinoma HepG2 cells. 査読有 *Biochem Biophys Res Commun.* 516, 1116-1122 (2019)

Uematsu, A., Kido, K., Takahashi, H., Takahashi, C., Yanagihara, Y., Saeki, N., Yoshida, S., Maekawa, M., Honda, M., Kai, T., Shimizu, K., Higashiyama, S., Imai, Y., Tokunaga, F., Sawasaki, T. The E3 ubiquitin ligase MIB2 enhances inflammation by degrading the deubiquitinating enzyme CYLD. 査読有 *J Biol Chem.* 294, 14135-14148 (2019)

Nomura, S., Takahashi, H., Suzuki, J., Kuwahara, M., Yamashita, M., Sawasaki, T. Pyrrothiogatain acts as an inhibitor of GATA family proteins and inhibits Th2 cell differentiation in vitro. 査読有 *Sci Rep.* 9, 17335 (2019)

Morishita, R., Sugiyama, S., Denda, M., Tokunaga, S., Kido, K., Shioya, R., Ozawa, S., Sawasaki, T. CF-PA²Vtech: a cell-free human protein array technology for antibody validation against human proteins. 査読有 *Sci Rep.* 9, 19349 (2019)

Miyoshi, S., Tokunaga, S., Ozawa, T., Takeda, H., Aono, M., Miyoshi, T., Kishi, H., Muraguchi, A., Shimizu, S. I., Nozawa, A., Sawasaki, T. Production of a rabbit monoclonal antibody for highly sensitive detection of citrus mosaic virus and related viruses. 査読有 *PLoS ONE* 15, e0229196 (2020)

Hayashi, M., Sugimoto, H., Takahashi, H., Seki, M., Shinozaki, K., Sawasaki, T., Kinoshita, T., Inoue, S.I. Raf-like kinases CBC1 and CBC2 negatively regulate stomatal opening by negatively regulating plasma membrane H⁺-ATPase phosphorylation in Arabidopsis. 査読有 *Photochem Photobiol Sci.* 19, 88-98 (2020)

Yamanaka, S., Sato, Y., Oikawa, D., Goto, E., Fukai, S., Tokunaga, F., Takahashi, H., Sawasaki, T. Subquinocin,

a small molecule inhibitor of CYLD and USP-family deubiquitinating enzymes, promotes NF- κ B signaling. 査読有 *Biochem Biophys Res Commun.* 524, 1-7 (2020)

Suzuki, Y., Liu, S., Ogasawara, T., Sawasaki, T., Takasaki, Y., Yorozuya, T., Mogi, M. A novel MRGPRX2-targeting antagonistic DNA aptamer inhibits histamine release and prevents mast cell-mediated anaphylaxis. 査読有 *Eur J Pharmacol.* 878, 173104 (2020)

Uemura, T., Hachisu, M., Desaki, Y., Ito, A., Hoshino, R., Sano, Y., Nozawa, A., Mujiono, K., Galis, I., Yoshida, A., Nemoto, K., Miura, S., Nishiyama, M., Nishiyama, C., Horito, S., Sawasaki, T., Arimura, G.I. Soy and Arabidopsis receptor-like kinases respond to polysaccharide signals from Spodoptera species and mediate herbivore resistance. 査読有 *Commun Biol.* 3, 224 (2020)

Kido, K., Yamanaka, S., Nakano, S., Motani, K., Shinohara, S., Nozawa, A., Kosako, H., Ito, S., Sawasaki, T. AirID, a novel proximity biotinylation enzyme, for analysis of protein-protein interactions. 査読有 *eLife.* 9, e54983 (2020)

Takahashi, H., Yamanaka, S., Kuwada, S., Higaki, K., Kido, K., Sato, Y., Fukai, S., Tokunaga, F., Sawasaki, T. A human DUB protein array for clarification of linkage specificity of polyubiquitin chain and application to evaluation of its inhibitors. 査読有 *Biomedicines.* 8, E152 (2020)

Kaneko, N., Kurata, M., Yamamoto, T., Shigemura, T., Agematsu, K., Yamazaki, T., Takeda, H., Sawasaki, T., Koga, T., Kawakami, A., Yachie, A., Migita, K., Yoshiura, K.I., Urano, T., Masumoto, J. KN3014, a piperidine-containing small compound, inhibits auto-secretion of IL-1 β from PBMCs in a patient with Muckle-Wells syndrome. 査読有 *Sci Rep.* 10, 13562 (2020)

Inoue, S.I., Kaiserli, E., Zhao, X., Waksman, T., Takemiya, A., Okumura, M., Takahashi, H., Seki, M., Shinozaki, K., Endo, Y., Sawasaki, T., Kinoshita, T., Zhang, X., Christie, J.M., Shimazaki, K.I. CIPK23 regulates blue light-dependent stomatal opening in Arabidopsis thaliana. 査読有 *Plant J.* 104, 679-692 (2020)

Furihata#, H., Yamanaka#, S., Honda, T., Miyauchi, Y., Asano, A., Shibata, N., Tanokura, M., Sawasaki, T., Miyakawa, T. Structural bases of IMiD selectivity that emerges by 5-hydroxythalidomide. 査読有 *Nature Commun.* 11, 4578 (#co-first author) (2020)

Yamanaka, S., Shoya, Y., Matsuoka, S., Nishida-Fukuda, H., Shibata, N., Sawasaki, T. An IMiD-induced SALL4 degron system for selective degradation of target proteins. 査読有 *Commun Biol.* 3, 515 (2020)

Kurokawa, K., Kobayashi, J., Nemoto, K., Nozawa, A., Sawasaki, T., Nakatsuka, T., Yamagishi, M. Expression of LhFT1, the Flowering Inducer of Asiatic Hybrid Lily, in the Bulb Scales. 査読有 *Front Plant Sci.* 11, 570915 (2020)

Nakabayashi, O., Takahashi, H., Moriwaki, K., Komazawa-Sakon, S., Ohtake, F., Murai, S., Tsuchiya, Y., Koyahara, Y., Saeki, Y., Yoshida, Y., Yamazaki, S., Tokunaga, F., Sawasaki, T., Nakano H. MIND bomb 2 prevents RIPK1 kinase activity-dependent and -independent apoptosis through ubiquitylation of cFLIPL. 査読有 *Commun Biol.* 4, 80 (2021)

Yamanaka, S., Murai, H., Saito, D., Abe, G., Tokunaga, E., Iwasaki, T., Takahashi, H., Takeda, H., Suzuki, T., Shibata, N., Tamura, K., Sawasaki, T. Thalidomide and its metabolite 5-hydroxythalidomide induce teratogenicity via the cereblon neosubstrate PLZF. 査読有 *EMBO J.* 40, e105375 (2021)

Yuki, Y., Kurokawa, S., Kozuka-Hata, H., Tokuhara, D., Mejima, M., Kuroda, M., Oyama, M., Nishimaki-Mogami, T., Teshima, R. and Kiyono, H. Differential analyses of major allergen proteins in wild-type rice and rice producing a fragment of anti-rotavirus antibody. 査読有 *Regul. Toxicol. Pharmacol.*, 76, 128-136 (2016)

Hirano, A., Nakagawa, T., Yoshitane, H., Oyama, M., Kozuka-Hata, H., Lanjakornsiripan, D. and Fukada, Y. USP7 and TDP-43: Pleiotropic Regulation of Cryptochrome Protein Stability Paces the Oscillation of the Mammalian Circadian Clock. 査読有 *PLoS ONE*, 11, e0154263 (2016)

Narushima, Y., Kozuka-Hata, H., Tsumoto, K., Inoue, J. and Oyama, M. Quantitative phosphoproteomics-based molecular network description for high-resolution kinase-substrate interactome analysis. 査読有 *Bioinformatics*, 32, 2083-2088 (2016)

Hashimoto, T., Horikawa, D.D., Saito, Y., Kuwahara, H., Kozuka-Hata, H., Shin-I, T., Minakuchi, Y., Ohishi, K., Motoyama, A., Aizu, T., Enomoto, A., Kondo, K., Tanaka, S., Hara, Y., Koshikawa, S., Sagara, H., Miura, T., Yokobori, S., Miyagawa, K., Suzuki, Y., Kubo, T., Oyama, M., Kohara, Y., Fujiyama, A., Arakawa, K., Katayama, T., Toyoda, A. and Kunieda, T. Extremotolerant tardigrade genome and improved radiotolerance of human cultured cells by tardigrade-unique protein. 査読有 *Nature Commun.*, 7, 12808 (2016)

Suzawa, M., Noguchi, K., Nishi, K., Kozuka-Hata, H., Oyama, M. and Ui-Tei, K. Comprehensive Identification of Nuclear and Cytoplasmic TNRC6A-Associating Proteins. 査読有 *J. Mol. Biol.*, 429, 3319-3333 (2017)

Contu, V.R., Hase, K., Kozuka-Hata, H., Oyama, M., Fujiwara, Y., Kabuta, C., Takahashi, M., Hakuno, F., Takahashi, S.I., Wada, K. and Kabuta, T. Lysosomal targeting of SIDT2 via multiple YxxΦ motifs is required for SIDT2 function in the process of RNautophagy. 査読有 *J. Cell Sci.*, 130, 2843-2853 (2017)

Saitoh, S.I., Abe, F., Kanno, A., Tanimura, N., Mori Saitoh, Y., Fukui, R., Shibata, T., Sato, K., Ichinohe, T., Hayashi, M., Kubota, K., Kozuka-Hata, H., Oyama, M., Kikko, Y., Katada, T., Kontani, K. and Miyake, K. TLR7 mediated viral recognition results in focal type I interferon secretion by dendritic cells. 査読有 *Nature Commun.*, 8, 1592 (2017)

Kikuchi, K., Kozuka-Hata, H., Oyama, M., Seiki, M. and Koshikawa, N. Identification of Proteolytic Cleavage Sites of EphA2 by Membrane Type 1 Matrix Metalloproteinase on the Surface of Cancer Cells. 査読有 *Methods Mol. Biol.*, 1731, 29-37 (2018)

Fujita, T.[#], Kozuka-Hata, H.[#] ([#]; equal contribution), Hori, Y., Takeuchi, J., Kubo, T. and Oyama, M. Shotgun proteomics deciphered age/division of labor-related functional specification of three honeybee (*Apis mellifera* L.) exocrine glands. 査読有 *PLoS ONE*, 13, e0191344 (2018)

Inoue, D., Fujino, T., Sheridan, P., Zhang, Y.Z., Nagase, R., Horikawa, S., Li, Z., Matsui, H., Kanai, A., Saika, M., Yamaguchi, R., Kozuka-Hata, H., Kawabata, K.C., Yokoyama, A., Goyama, S., Inaba, T., Imoto, S., Miyano, S., Xu, M., Yang, F.C., Oyama, M. and Kitamura, T. A novel ASXL1-OGT axis plays roles in H3K4 methylation and tumor suppression in myeloid malignancies. 査読有 *Leukemia* 32, 1327-1337 (2018)

Koyanagi, N., Kato, A., Takeshima, K., Maruzuru, Y., Kozuka-Hata, H., Oyama, M., Aarii, J. and Kawaguchi, Y. Regulation of Herpes Simplex Virus 2 Protein Kinase UL13 by Phosphorylation and Its Role in Viral Pathogenesis. 査読有 *J. Virol.* 92, e00807-18 (2018)

Kato, A., Oda, S., Watanabe, M., Oyama, M., Kozuka-Hata, H., Koyanagi, N., Maruzuru, Y., Aarii, J. and Kawaguchi, Y. Roles of the Phosphorylation of Herpes Simplex Virus 1 UL51 at a Specific Site in Viral Replication and Pathogenicity. 査読有 *J. Virol.* 92, e01035-18 (2018)

Asada, S., Goyama, S., Inoue, D., Shikata, S., Takeda, R., Fukushima, T., Yonezawa, T., Fujino, T., Hayashi, Y., Kawabata, K.C., Fukuyama, T., Tanaka, Y., Yokoyama, A., Yamazaki, S., Kozuka-Hata, H., Oyama, M., Kojima, S., Kawazu, M., Mano, H. and Kitamura T. Mutant ASXL1 cooperates with BAP1 to promote myeloid leukaemogenesis. 査読有 *Nature Commun.* 9, 2733 (2018)

Oishi, K., Yamayoshi, S., Kozuka-Hata, H., Oyama, M. and Kawaoka, Y. N-Terminal Acetylation by NatB Is Required for the Shutoff Activity of Influenza A Virus PA-X. 査読有 *Cell Rep.* 24, 851-860 (2018)

Takano, R., Kozuka-Hata, H., Kondoh, D., Bochimoto, H., Oyama, M. and Kato, K. A High-Resolution Map of SBP1 Interactomes in Plasmodium falciparum-infected Erythrocytes. 査読有 *iScience* 19, 703-714 (2019)

Aoki, M., Koga, K., Miyazaki, M., Hamasaki, M., Koshikawa, N., Oyama, M., Kozuka-Hata, H., Seiki, M., Toole, B.P. and Nabeshima K. CD73 complexes with emmprin to regulate MMP-2 production from co-cultured sarcoma cells and fibroblasts. 査読有 *BMC Cancer* 19, 912 (2019)

Tatebayashi, K., Yamamoto, K., Tomida, T., Nishimura, A., Takayama, T., Oyama, M., Kozuka-Hata, H., Adachi-Akahane, S., Tokunaga, Y. and Saito H. Osmostress enhances activating phosphorylation of Hog1 MAP kinase by mono-phosphorylated Pbs2 MAP2K. 査読有 *EMBO J.* 39, e103444 (2020)

Kozuka-Hata, H., Kitamura, A., Hiroki, T., Aizawa, A., Tsumoto, K., Inoue, J.I. and Oyama, M. System-Wide Analysis of Protein Acetylation and Ubiquitination Reveals a Diversified Regulation in Human Cancer Cells. 査読有 *Biomolecules* 10, E411 (2020)

Tsuboyama, K., Osaki, T., Matsuura-Suzuki, E., Kozuka-Hata, H., Okada, Y., Oyama, M., Ikeuchi, Y., Iwasaki, S. and Tomari Y. A widespread family of heat-resistant obscure (Hero) proteins protect against protein instability and aggregation. 査読有 *PLoS Biol.* 18, e3000632 (2020)

Narita, K., Nagatomo, H., Kozuka-Hata, H., Oyama, M. and Takeda, S. Discovery of a vertebrate-specific factor that processes flagellar glycolytic enolase during motile ciliogenesis. 査読有 *iScience* 23, 100992 (2020)

Tsuboi, Y., Oyama, M., Kozuka-Hata, H., Ito, A., Matsubara, D. and Murakami, Y. CADM1 suppresses c-Src activation by binding with Cbp on membrane lipid rafts and intervenes colon carcinogenesis. 査読有 *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 529, 854-860 (2020)

Watanabe, M., Arii, J., Takeshima, K., Fukui, A., Shimojima, M., Kozuka-Hata, H., Oyama, M., Minamitani, T., Yasui, T., Kubota, Y., Takekawa, M., Kosugi, I., Maruzuru, Y., Koyanagi, N., Kato, A., Mori, Y. and Kawaguchi, Y. Prohibitin-1 Contributes to Cell-to-Cell Transmission of Herpes Simplex Virus 1 via the MAPK/ERK Signaling Pathway. 査読有 *J. Virol.* 95, e01413-20 (2021)

Sasou, A., Yuki, Y., Honma, A., Sugiura, K., Kashima, K., Kozuka-Hata, H., Nojima, M., Oyama, M., Kurokawa, S., Maruyama, S., Kuroda, M., Tanoue, S., Takamatsu, N., Fujihashi, K., Goto, E. and Kiyono H. Comparative whole-genome and proteomics analyses of the next seed bank and the original master seed bank of MucoRice-CTB 51A line, a rice-based oral cholera vaccine. 査読有 *BMC Genomics* 22, 59 (2021)

【公募研究】

Zhang, S., Hu, Z., Tanji, H., Jiang, S., Das, N, Li, J., Sakaniwa, K., Jin, J., Bian, Y., Ohto, U., Shimizu, T., Yin, H. Inhibition of Toll-like Receptor 8 by Specifically Targeting a Unique Binding Site and Locking Its Resting State. 査読有 *Nature Chem. Biol.* 14, 58-64 (2018)

Ohto, U., Ishida, H., Shibata, T., Sato, R., Miyake, K., Shimizu, T. Two DNA binding sites on Toll-like receptor 9 function cooperatively in receptor activation. 査読有 *Immunity* 48, 649-658 (2018)

Ishida, H., Ohto, U., Shibata, T., Miyake, K., Shimizu, T. Structural basis for species-specific activation of mouse Toll-like receptor 9. 査読有 *FEBS Lett.* 592, 2636-2646. (2018)

Hu, Z., Tanji, H., Jiang, S., Zhang, S., Koo, K., Chan, J., Sakaniwa, K., Ohto, U., Candia, A., Shimizu, T., Yin, H. Small-Molecule TLR8 Antagonists via Structure-Based Rational Design. 査読有 *Cell Chem Biol.* 25, 1286-1291. (2018)

Xu, Y., Miyakawa, T., Nosaki, S., Nakamura, A., Lyu, Y., Nakamura, H., Ohto, U., Ishida, H., Shimizu, T., Asami, T., Tanokura, M. Structural analysis of HTL and D14 proteins reveals the basis for ligand selectivity in *Striga*. 査読有 *Nature Commun.* 9, 3947 (2018)

Zhang, Z., Ohto, U., Shibata, T., Taoka, M., Yamauchi, Y., Sato, R., Shukla, N. M., David, S. A., Isobe, T., Miyake, K., Shimizu, T. Structural Analyses of Toll-like Receptor 7 Reveal Detailed RNA Sequence Specificity and Recognition Mechanism of Agonistic Ligands. 査読有 *Cell Reports.* 25, 3371-3381. (2018)

Okuno, T., Koutsogiannaki, S., Hou, L., Bu, W., Ohto, U., Eckenhoff, R. G., Yokomizo, T., Yuki, K. Volatile Anesthetics Isoflurane and Sevoflurane Directly Target and Attenuate Toll-like Receptor 4 System. 査読有 *FASEB J.*, 33, 14528-14541. (2019)

Jiang, S., Tanji, H., Yin, K., Zhang, S., Sakaniwa, K., Huang, J., Yang, Y., Li, J., Ohto, U., Shimizu, T., Yin, H. Rationally designed small-molecule inhibitors targeting an unconventional pocket on the TLR8 protein-protein interface. 査読有 *J. Med. Chem.* 63, 4117-4132. (2020)

Kanoh H, Nitta T, Go S, Inamori KI, Veillon L, Nihei W, Fujii M, Kabayama K, Shimoyama A, Fukase K, Ohto U, Shimizu T, Watanabe T, Shindo H, Aoki S, Sato K, Nagasaki M, Yatomi Y, Komura N, Ando H, Ishida H, Kiso M, Natori Y, Yoshimura Y, Zonca A, Cattaneo A, Letizia M, Ciampa M, Mauri L, Prinetti A, Sonnino S, Suzuki A, Inokuchi JI. Homeostatic and pathogenic roles of GM3 ganglioside molecular species in TLR4 signaling in obesity.” 査読有 *EMBO J.* 39, e101732. (2020)

Masutani M, Sakurai S, Shimizu T, Ohto U. Crystal structure of TEX101, a glycoprotein essential for male fertility, reveals the presence of tandemly arranged Ly6/uPAR domains. 査読有 *FEBS Lett.* 594, 3020-3031 (2020)

Sakurai S, Shimizu T, Ohto U. Crystal structure of the FYCO1 RUN domain suggests possible interfaces with small GTPases. 査読有 *Acta Crystallogr. Sect. F.* 76, 326-333 (2020)

Koutsogiannaki, S., Bu, W., Hou, L., Shibamura-Fujiogi, M., Ishida, H., Ohto, U., Eckenhoff, R. G., Yuki, K. The effect of anesthetics on Toll-like receptor9. 査読有 *FASEB J.* 34, 14645-14654 (2020)

Tojo, S., Zhang, Z., Matui, H., Tahara, M., Ikeguchi, M., Kochi, M., Kamada, M., Shigematsu, H., Tsutsumi, A., Adachi, N., Shibata, T., Yamamoto, M., Kikkawa, M., Senda, T., Isobe, Y., Ohto, U. & Shimizu, T. Structural analysis reveals TLR7 dynamics underlying antagonism. 査読有 *Nature Commun.* 11, 5204 (2020)

Ishida, H., Asami, J., Zhang, Z., Nishizawa, T., Shigematsu, H., Ohto, U., & Shimizu, T. Cryo-EM structures of Toll-like receptors in complex with UNC93B1. 査読有 *Nature Struct. Mol. Biol.* 28, 173–180 (2021)

Jamieson K, McNaught KJ, Ormsby T, Leggett NA, Honda S, and Selker EU. Telomere repeats induce domains of H3K27 methylation in *Neurospora*. 査読有 *Elife* 7, e31216 (2018)

Biococca VT, Ormsby T, Adhvaryu KK, Honda S, Selker EU. ASH1-catalyzed H3K36 methylation drives gene repression and marks H3K27me2/3-competent chromatin. 査読有 *Elife* 7, e41497 (2018)

Klocko AD, Uesaka M, Ormsby T, Rountree MR, Wiles ET, Adhvaryu KK, Honda S, Selker EU. Nucleosome Positioning by an Evolutionarily Conserved Chromatin Remodeler Prevents Aberrant DNA Methylation in *Neurospora*. 査読有 *Genetics* 211, 563-578 (2019)

Courtney AJ, Kamei M, Ferraro AR, Gai K, He Q, Honda S, Lewis ZA. Normal Patterns of Histone H3K27 Methylation Require the Histone Variant H2A.Z in *Neurospora crassa*. 査読有 *Genetics* 216, 51-66 (2020)

Storck WK, Biococca VT, Rountree MR, Honda S, Ormsby T, Selker EU. LSD1 prevents aberrant heterochromatin formation in *Neurospora crassa*. 査読有 *Nucleic Acids Res.* 48, 10199-10210 (2020)

Honda S, Eusebio-Cope A, Miyashita S, Yokoyama A, Aulia A, Shahi S, Kondo H, Suzuki N. Establishment of *Neurospora crassa* as a model organism for fungal virology. 査読有 *Nature Commun.* 11, 5627 (2020)

Leong, SY., Yamada, M., Yanagisawa, N. and Goshima, G. SPIRAL2 Stabilises Endoplasmic Microtubule Minus Ends in the Moss *Physcomitrella patens*. 査読有 *Cell Struct Funct.* 43(1), 53-60 (2018)

Yamada, M. and Goshima, G. The KCH Kinesin Drives Nuclear Transport and Cytoskeletal Coalescence to Promote Tip Cell Growth in *Physcomitrella patens*. 査読有 *Plant Cell.* 30(7), 1496-1510 (2018)

Edzuka, T. and Goshima, G. Drosophila kinesin-8 stabilizes the kinetochore-microtubule interaction. 査読有 *J. Cell Biol.* 218(2), 474-488 (2019)

Kozgunova, E., Nishina, M. and Goshima, G. Kinetochore protein depletion underlies cytokinesis failure and somatic polyploidization in the moss *Physcomitrella patens*. 査読有 *eLife.* pii:e43652 (2019)

Yoshida, MW., Yamada, M. and Goshima, G. Moss Kinesin-14 KCBP Accelerates Chromatid Motility in Anaphase. 査読有 *Cell Struct Funct.* 44(2), 95-104 (2019)

- Kozgunova, E. and Goshima, G. A versatile microfluidic device for highly inclined thin illumination microscopy in the moss *Physcomitrella patens*. 査読有 *Sci Rep.* 9(1), 15182 (2019)
- Takeda, A., Saitoh, S., Ohkura, H., Sawin, KE. and Goshima, G. Identification of 15 New Bypassable Essential Genes of Fission Yeast. 査読有 *Cell Struct Funct.* 44(2), 113-119 (2019)
- Yi, P. and Goshima, G. Transient cotransformation of CRISPR/Cas9 and oligonucleotide templates enables efficient editing of target loci in *Physcomitrella patens*. 査読有 *Plant Biotechnol J.* 18(3), 599-601 (2020)
- Leong, SY., Edzuka, T., Goshima, G. and Yamada, M. Kinesin-13 and Kinesin-8 Function during Cell Growth and Division in the Moss *Physcomitrella patens*. 査読有 *Plant Cell.* 32(3), 683-702 (2020)
- Yi, P. and Goshima, G. Rho of Plants GTPases and Cytoskeletal Elements Control Nuclear Positioning and Asymmetric Cell Division during *Physcomitrella patens* Branching. 査読有 *Curr Biol.* 30(14), 2860-2868 (2020)
- Tsuchiya, K., Hayashi, H., Nishina, M., Okumura, M., Kanemaki, MT., Goshima, G. and Kiyomitsu, T. Ran-GTP is non-essential to activate NuMA for mitotic spindle-pole focusing, but dynamically regulates and maintains HURP near chromosomes. 査読有 *Curr Biol.* 31(1), 115-127 (2020)
- Molines, AT., Lemièrre, J., Edrington, CH., Hsu, C-T., Steinmark, IE., Suhling, K., Goshima, G., Holt, LJ., Brouhard, GJ. and Chang, F. Physical properties of the cytoplasm modulate the rates of microtubule growth and shrinkage. *bioRxiv* (2020)
- Pereira, SG., Sousa, AL., Nabais, C., Paixão, T., Holmes, AJ., Schorb, M., Goshima, G., Tranfield, EM., Becker, JD. and Bettencourt-Dias, M. The 3D architecture and molecular foundations of de novo centriole assembly via bicentrioles. *bioRxiv* (2020)
- Kozgunova, E., Yoshida, MW. and Goshima, G. Spindle position dictates division site during asymmetric cell division in moss. *bioRxiv* (2021)
- Goshima, G. Growth and division mode plasticity by cell density in marine-derived black yeasts. *bioRxiv* (2021)
- Hisamoto, N., Tsuge, A., Pastuhov, S.I., Shimizu, T., Hanafusa, H., Matsumoto, K., Phosphatidylserine exposure mediated by ABC transporter activates the integrin signaling pathway promoting axon regeneration. 査読有 *Nature Commun.* 9, 3099 (2018)
- Shimizu, T., Pastuhov, S.I., Hanafusa, H., Matsumoto, K., Hisamoto, N. The *C. elegans* BRCA2-ALP/Enigma complex regulates axon regeneration via a Rho GTPase-ROCK-MLC phosphorylation pathway. 査読有 *Cell Rep.* 24, 1880-1889 (2018)
- Hisamoto, N., Shimizu, T., Asai, K., Sakai, Y., Pastuhov, S.I., Hanafusa, H., Matsumoto, K. *C. elegans* Tensin promotes axon regeneration by linking the Met-like SVH-2 and Integrin signaling pathways. 査読有 *J. Neurosci.* 39, 5662-5672 (2019)
- Hanafusa, H., Yagi, T., Ikeda, H., Hisamoto, N., Nishioka, T., Kaibuchi, K., Shirakabe, K., Matsumoto, K. LRRK1 phosphorylation of Rab7 at S72 links trafficking of EGFR-containing endosomes to its effector RILP. 査読有 *J. Cell Sci.* 132, jcs228809 (2019)
- Sakai, Y.#, Hanafusa, H.#, Pastuhov, S.I., Shimizu, T., Li, C., Hisamoto, N., Matsumoto, K. TDP2 negatively regulates axon regeneration by inducing SUMOylation of an Ets transcription factor. 査読有 *EMBO Rep.* 20, e47517. #These authors contributed equally to this work. (2019)
- Shimizu, T., Pastuhov, S.I., Hanafusa, H., Sakai, Y., Todoroki, Y., Hisamoto, N., Matsumoto, K. *Caenorhabditis elegans* F-box protein promotes axon regeneration by inducing degradation of the Mad transcription factor. 査読有 *J. Neurosci.* 41, 2372-2381 (2021)
- Sakai, Y., Hanafusa, H., Shimizu, T., Pastuhov, S.I., Hisamoto, N., Matsumoto, K. BRCA1-BARD1 regulates axon regeneration in concert with the Gqa-DAG signaling network. 査読有 *J. Neurosci.* 41, 2842-2853 (2021)

Sakai, Y., Tsunekawa, M., Ohta, K., Shimizu, T., Pastuhov, S.I., Hanafusa, H., Hisamoto, N., Matsumoto, K. The integrin signaling network promotes axon regeneration via the Src-ephexin-RhoA GTPase signaling axis. 査読有 *J. Neurosci.* in press.

Fujita H., Tokunaga A., Shimizu S., Whiting AL., Aguilar-Alonso F., Takagi K., Walinda E., Sasaki Y., Shimokawa T., Mizushima T., Ohki I., Ariyoshi M., Tochio H., Bernal F., Shirakawa M., and Iwai K., Cooperative domain formation by homologous motifs in HOIL-1L and SHARPIN plays crucial roles in LUBAC stabilization. 査読有 *Cell reports*, 23, 1192-1204 (2018)

Fuseya Y., Fujita H., Kim M., Ohtake F., Nishide A., Sasaki K., Saeki Y., Tanaka K., Takahashi R., Iwai K., The HOIL-1L ligase modulates immune signalling and cell death via monoubiquitination of LUBAC. 査読有 *Nature Cell Biol*, 22(6):663-73(2020)

Hosokawa T, Kimura T, Nada S, Okuno T, Ito D, Kang S, Nojima S, Yamashita K, Nakatani T, Hayama Y, Kato Y, Kinehara Y, Nishide M, Mikami N, Koyama S, Takamatsu H, Okuzaki D, Ohkura N, Sakaguchi S, Okada M, Kumanogoh A. Lamtor1 Is Critically Required for CD4+ T Cell Proliferation and Regulatory T Cell Suppressive Function. 査読有 *J Immunol.*199, 2008-2019 doi: 10.4049/jimmunol.1700157 (2017)

Yonehara R, Nada S, Nakai T, Nakai M, Kitamura A, Ogawa A, Nakatsumi H, Nakayama KI, Li S, Standley DM, Yamashita E, Nakagawa A, Okada M. Structural basis for the assembly of the Ragulator-Rag GTPase complex. 査読有 *Nature Commun.* 8, 1625 doi: 10.1038/s41467-017-01762-3. (2017)

Hao F, Kondo K, Itoh T, Ikari S, Nada S, Okada M, Noda T. Rheb localized on the Golgi membrane activates lysosome-localized mTORC1 at the Golgi-lysosome contact site. 査読有 *J Cell Sci.* 131, jcs208017 doi: 10.1242/jcs.208017 (2018)

Hayama Y, Kimura T, Takeda Y, Nada S, Koyama S, Takamatsu H, Kang S, Ito D, Maeda Y, Nishide M, Nojima S, Sarashina-Kida H, Hosokawa T, Kinehara Y, Kato Y, Nakatani T, Nakanishi Y, Tsuda T, Koba T, Okada M, Kumanogoh A. Lysosomal Protein Lamtor1 Controls Innate Immune Responses via Nuclear Translocation of Transcription Factor EB. 査読有 *J Immunol.* 200, 3790-3800 (2018)

Tsukamoto T, Kajiwara K, Nada S, Okada M, Src mediates TGF- β -induced intraocular pressure elevation in glaucoma. 査読有 *J Cell Physiol.* 234, 1730-1744 doi: 10.1002/jcp.27044. (2019)

Tanaka K, Ito Y, Kajiwara K, Nada S, Okada M. Ubiquitination of Src promotes its secretion via small extracellular vesicles. 査読有 *Biochem Biophys Res Commun.* 525, 184-191doi: 10.1016/j.bbrc.2020.02.057. (2020)

Ito S, Nada S, Yamazaki D, Kimura T, Kajiwara K, Miki H, Okada M. p18/Lamtor1-mTORC1 Signaling Controls Development of Mucin-producing Goblet Cells in the Intestine. 査読有 *Cell Struct Funct.* 45, 93-105 doi: 10.1247/csf.20018. (2020)

Kim J, Chee WY, Yabuta N, Kajiwara K, Nada S, Okada M. Atg5-mediated autophagy controls apoptosis/anoikis via p53/Rb pathway in naked mole-rat fibroblasts. 査読有 *Biochem Biophys Res Commun.* 528, 146-153 doi: 10.1016/j.bbrc.2020.05.083. (2020)

Nada S, Okada M. Genetic dissection of Ragulator structure and function in amino acid-dependent regulation of mTORC1. 査読有 *J Biochem.* 168, 621-632 doi: 10.1093/jb/mvaa076. (2020)

Yao Y, Hong S, Ikeda T, Mori H, MacDougald OA, Nada S, Okada M, Inoki K. Amino acids enhance polyubiquitination of Rheb and its binding to mTORC1 by blocking lysosomal ATXN3 deubiquitinase activity. 査読有 *Mol Cell.* 80, 437-451. e6. doi: 10.1016/j.molcel.2020.10.004. (2020)

Chee W-Y, Kurahashi Y, Kim J, Miura K, Okuzaki D, Ishitani T, Kajiwara K, Nada S, Okano H, Okada M. β -catenin-promoted cholesterol metabolism protects against cellular senescence in naked mole-rat cells. 査読有 *Commun Biol.* 4, 357 doi: 10.1038/s42003-021-01879-8. (2021)

Kajiwara K, Yamano S, Aoki K, Okuzaki D, Matsumoto K, Okada M. CDCP1 promotes compensatory renal growth by integrating Src and Met signaling. 査読有 *Life Sci Alliance.* 4, e202000832 doi: 10.26508/lsa.202000832. (2021)

Nakatani T, Tsujimoto K, JeongHoon Park J-H, Jo T, Kimura T, Hayama Y, Konaka H, Takayoshi Morita T, Kato Y, Nishide M, Koyama S, Nada S, Okada M, Takamatsu H, Kumanogoh A. The lysosomal Ragulator complex plays an essential role in leukocyte trafficking by activating myosin II. 査読有 *Nature Commun.* in press (2021).

Sasai M, Sakaguchi N, Ma JS, Nakamura S, Kawabata T, Bando H, Lee Y, Saitoh T, Akira S, Iwasaki A, Standley DM, Yoshimori T, Yamamoto M. Essential role for GABARAP autophagy proteins in interferon-inducible GTPase-mediated host defense. 査読有 *Nature Immunol.* 18, 899-910(2017)

Takahama M, Fukuda M, Ohbayashi N, Kozaki T, Misawa T, Okamoto T, Matsuura Y, Akira S, Saitoh T. The RAB2B-GARIL5 complex promotes cytosolic DNA-induced innate immune responses. 査読有 *Cell Rep.* 20, 2944-2954(2017)

Yamaguchi J, Suzuki C, Nanao T, Kakuta S, Ozawa K, Tanida I, Saitoh T, Sunabori T, Komatsu M, Tanaka K, Aoki S, Sakimura K, Uchiyama Y. Atg9a deficiency causes axon-specific lesions including neuronal circuit dysgenesis. 査読有 *Autophagy.* 914,764-777. doi: 10.1080/15548627.2017.1314897. (2018)

Taufiq F, Maharani N, Li P, Kurata Y, Ikeda N, Kuwabara M, Otani N, Miake J, Hasegawa A, Tsuneto M, Shirayoshi Y, Ninomiya H, Saitoh T, Nakai A, Yamamoto K, Hisatome I. Uric Acid-Induced Enhancements of Kv1.5 Protein Expression and Channel Activity via the Akt-HSF1-Hsp70 Pathway in HL-1 Atrial Myocytes. 査読有 *Circ J.* 83, 718-726. doi: 10.1253/circj.CJ-18-1088. (2019)

DeVorkin L, Pavey N, Carleton G, Comber A, Ho C, Lim J, McNamara E, Huang H, Kim P, Zacharias LG, Mizushima N, Saitoh T, Akira S, Beckham W, Lorzadeh A, Moksa M, Cao Q, Murthy A, Hirst M, DeBerardinis RJ, Lum JJ. Autophagy Regulation of Metabolism Is Required for CD8⁺ T Cell Anti-tumor Immunity. 査読有 *Cell Rep.* 27, 502-513. doi: 10.1016/j.celrep.2019.03.037. (2019)

Kawamura Y, Nakaoka H, Nakayama A, Okada Y, Yamamoto K, Higashino T, Sakiyama M, Shimizu T, Ooyama H, Ooyama K, Nagase M, Hidaka Y, Shirahama Y, Hosomichi K, Nishida Y, Shimoshikiryo I, Hishida A, Katsuura-Kamano S, Shimizu S, Kawaguchi M, Uemura H, Ibusuki R, Hara M, Naito M, Takao M, Nakajima M, Iwasawa S, Nakashima H, Ohnaka K, Nakamura T, Stiburkova B, Merriman TR, Nakatochi M, Ichihara S, Yokota M, Takada T, Saitoh T, Kamatani Y, Takahashi A, Arisawa K, Takezaki T, Tanaka K, Wakai K, Kubo M, Hosoya T, Ichida K, Inoue I, Shinomiya N, Matsuo H. Genome-wide association study revealed novel loci which aggravate asymptomatic hyperuricaemia into gout. 査読有 *Ann Rheum Dis.* 78, 1430-1437. doi: 10.1136/annrheumdis-2019-215521. (2019)

Nakayama A, Nakatochi M, Kawamura Y, Yamamoto K, Nakaoka H, Shimizu S, Higashino T, Koyama T, Hishida A, Kuriki K, Watanabe M, Shimizu T, Ooyama K, Ooyama H, Nagase M, Hidaka Y, Matsui D, Tamura T, Nishiyama T, Shimano C, Katsuura-Kamano S, Takashima N, Shirai Y, Kawaguchi M, Takao M, Sugiyama R, Takada Y, Nakamura T, Nakashima H, Tsunoda M, Danjoh I, Hozawa A, Hosomichi K, Toyoda Y, Kubota Y, Takada T, Suzuki H, Stiburkova B, Major TJ, Merriman TR, Kuriyama N, Mikami H, Takezaki T, Matsuo K, Suzuki S, Hosoya T, Kamatani Y, Kubo M, Ichida K, Wakai K, Inoue I, Okada Y, Shinomiya N, Matsuo H; Japan Gout Genomics Consortium (Japan Gout)[†]. Subtype-specific gout susceptibility loci and enrichment of selection pressure on ABCG2 and ALDH2 identified by subtype genome-wide meta-analyses of clinically defined gout patients. 査読有 *Ann Rheum Dis.* 79, 657-665. doi: 10.1136/annrheumdis-2019-216644.(2020)

Omori S, Tsugita M, Hoshikawa Y, Morita M, Ito F, Yamaguchi SI, Xie Q, Noyori O, Yamaguchi T, Takada A, Saitoh T, Toyokuni S, Akiba H, Nagata S, Kinoshita K, Nakayama M. Tim4 recognizes carbon nanotubes and mediates phagocytosis leading to granuloma formation. 査読有 *Cell Rep.* Feb 9;34(6):108734. doi: 10.1016/j.celrep.2021.108734. (2021)

Kayama, K., Watanabe, S., Takafuji, T., Tsuji, T., Hironaka, K., Matsumoto, M., Nakayama, K.I., Enari, M., Kohno, T., Shiraishi, K., Kiyono, T., Yoshida, K., Sugimoto, N., Fujita, M. GRWD1 negatively regulates p53 via the RPL11-MDM2 pathway and promotes tumorigenesis. 査読有 *EMBO Rep.* 18, 123-137 (2017)

Okuda, S., Watanabe, Y., Moriya, Y., Kawano, S., Yamamoto, T., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Araki, N., Yoshizawa, A.C., Tabata, T., Sugiyama, N., Goto, S., Ishihama, Y. jPOSTrepo: an international standard data repository for proteomes. 査読有 *Nucleic Acids Res.* 45, D1107-D1111 (2017)

Matsumoto, A., Pasut, A., Matsumoto, M., Yamashita, R., Fung, J., Monteleone, E., Saghatelian, A, Nakayama,

K.I., Clohessy, J.G., Pandolfi, P.P. mTORC1 and muscle regeneration are regulated by the LINC00961-encoded SPAR polypeptide. 査読有 *Nature* 541, 228-232 (2017)

Matsumoto, M., Matsuzaki, F., Oshikawa, K., Goshima, N., Mori, M., Kawamura Y., Ogawa K., Fukuda, E., Nakatsumi, H., Natsume, T., Fukui, K., Horimoto, K., Nagashima, T., Funayama, R., Nakayama, K., Nakayama, K.I. A large-scale targeted proteomics assay resource based on an in vitro human proteome. 査読有 *Nature Methods* 14, 251-258 (2017)

Cui, L., Nakano, K., Obchoei, S., Setoguchi, K., Matsumoto, M., Yamamoto, T., Obika, S., Shimada K., Hiraoka, N. Small nucleolar noncoding RNA SNORA23, up-regulated in human pancreatic ductal adenocarcinoma, regulates expression of spectrin repeat-containing nuclear envelope 2 to promote growth and metastasis of xenograft tumors in mice. 査読有 *Gastroenterology* 153, 292-306 (2017)

Kita, K., Shiota, M., Tanaka, M., Otsuka, A., Matsumoto, M., Kato, M., Tamada, S., Iwao, H., Miura, K., Nakatani, T., Tomita, S. Heat shock protein 70 inhibitors suppress androgen receptor expression in LNCaP95 prostate cancer cells. 査読有 *Cancer Sci.* 108, 1820-1827 (2017)

Yaguchi, H., Yabe, I., Takahashi, H., Watanabe, M., Nomura, T., Kano, T., Matsumoto, M., Nakayama, K.I., Watanabe, M., Hatakeyama, S. Sez6l2 regulates phosphorylation of ADD and neuritogenesis. 査読有 *Biochem Biophys Res Commun.* 494, 234-241 (2017)

Robotic crowd biology with Maholo LabDroids. Yachie, N. Robotic Biology consortium (include Matsumoto, M.), and Natsume, T. 査読有 *Nature Biotechnol.* 35, 310-312 (2017)

Nakatsumi, H., Matsumoto, M., and Nakayama, K.I. Noncanonical pathway for regulation of CCL2 expression by an mTORC1-FOXK1 axis promotes recruitment of tumor-associated macrophages. 査読有 *Cell Rep.* 21, 2471-2486 (2017)

Morita, M., Sato, T., Nomura, M., Sakamoto, Y., Inoue, Y., Tanaka, R., Ito, S., Kurosawa, K., Yamaguchi, K., Sugiura, Y., Takizaki, H., Yamashita, Y., Katakura, R., Sato, I., Kawai, M., Okada, Y., Watanabe, H., Kondoh, G., Matsumoto, S., Kishimoto, A., Obata, M., Matsumoto, M., Fukuhara, T., Motohashi, H., Suematsu, M., Komatsu, M., Nakayama, K.I., Watanabe, T., Soga, T., Shima, H., Maemondo, M., and Tanuma, N. PKM1 confers metabolic advantages and promotes cell-autonomous tumor cell growth. 査読有 *Cancer Cell* 33,355-367 (2018)

Hosokawa, H., Ungerback, J., Wang, X., Matsumoto, M., Nakayama, K.I., Cohen, S.M., Tanaka, T., Rothenberg, E.V. Transcription Factor PU.1 Represses and Activates Gene Expression in Early T Cells by Redirecting Partner Transcription Factor Binding. 査読有 *Immunity* 48, 1119-1134 (2018)

Watanabe, S., Fujiyama, H., Takafuji, T., Kayama, K., Matsumoto, M., Nakayama, K.I., Yoshida, K., Sugimoto, N., Fujita, M. Glutamate-rich WD40 repeat containing 1 regulates ribosomal protein L23 levels via the ubiquitin-proteasome system. 査読有 *J. Cell Sci.* pii: jcs.213009 (2018)

Kawata, K., Yugi, K., Hatano, A., Kokaji, T., Tomizawa, Y., Fujii, M., Uda, S., Kubota, H., Matsumoto, M., Nakayama, K.I., Kuroda, S. Reconstruction of global regulatory network from signaling to cellular functions using phosphoproteomic data. 査読有 *Genes Cells* 24, 82-93 (2019)

Hada, K., Hirota, K., Inanobe, A., Kako, K., Miyata, M., Araoi, S., Matsumoto, M., Ohta R., Arisawa, M., Daitoku, H., Hanada, T., Fukamizu, A. Tricarboxylic acid cycle activity suppresses acetylation of mitochondrial proteins during early embryonic development in *Caenorhabditis elegans*. 査読有 *J. Biol. Chem.* 294, 3091-3099 (2019)

Honda, H., Matsumoto, M., Shijo, M., Hamasaki, H., Sadashima, S., Suzuki, S.O., Aishima, S., Kai K., Nakayama, K.I., Sasagasako, N., Iwaki, T. Frequent detection of pituitary-derived PrPres in human prion diseases. 査読有 *J. Neuropathol. Exp. Neurol.* 78, 922-929 (2019)

Takii, R., Fujimoto, M., Matsumoto, M., Srivastava, P., Katiyar, A., Nakayama, K.I., Nakai, A. The pericentromeric protein shugoshin 2 cooperates with HSF1 in heat shock response and RNA Pol II recruitment. 査読有 *EMBO J.* 38, e102566 (2019)

Matsuhisa, K., Saito, A., Cai, L., Kaneko, M., Okamoto, T., Sakaue, F., Asada, R., Urano, F., Yanagida, K.,

Okochi, M., Kudo, Y., Matsumoto, M., Nakayama, K.I., Imaizumi, K. Production of BBF2H7-derived small peptide fragments via endoplasmic reticulum stress-dependent regulated intramembrane proteolysis. 査読有 *FASEB J.* 34(1):865-880 (2020)

Oshikawa, K., Matsumoto, M., Kodama, M., Shimizu, H., Nakayama, K.I. A fail-safe system to prevent oncogenesis by senescence is targeted by SV40 small T antigen. 査読有 *Oncogene* 39, 2170-2186 (2020)

Hata, K., Izumi, Y., Hara, T., Matsumoto, M., Bamba, T. In-line sample processing system with an immobilized trypsin-packed fused-silica capillary tube for proteomic analysis of a small number of mammalian cells. 査読有 *Anal. Chem.* 92, 2997-3005 (2020)

Iwamori, T., Iwamori, N., Matsumoto, M., Imai, H., Ono, E. Novel localizations and interactions of intercellular bridge proteins revealed by proteomic profiling. 査読有 *Biol. Reprod.* 102, 1134-1144 (2020)

Takahashi, H., Ranjan, A., Chen, S., Suzuki, H., Shibata, M., Hirose, T., Hirose, H., Sasaki, K., Abe, R., Chen, K., He, Y., Zhang, Y., Takigawa, I., Tsukiyama, T., Watanabe, M., Fujii, S., Iida, M., Yamamoto, J., Yamaguchi, Y., Suzuki, Y., Matsumoto, M., Nakayama, K.I., Washburn, M.P., Saraf, A., Florens, L., Sato, S., Tomomori-Sato, C., Conaway, R.C., Conaway, J.W., Hatakeyama, S. The role of Mediator and Little Elongation Complex in transcription termination. 査読有 *Nature Commun.* 11, 1063 (2020)

Inoue, M., Hada, K., Shiraishi, H., Yatsuka, H., Fujinami, H., Morisaki, I., Nishida, Y., Matsubara, E., Ishitani, T., Hanada, R., Matsumoto, M., Penninger, J.M., Ihara, K., Hanada, T. Tyrosine pre-transfer RNA fragments are linked to p53-dependent neuronal cell death via PKM2. 査読有 *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 525,726-7327 (2020)

Kodama, M., Oshikawa, K., Shimizu, H., Yoshioka, S., Takahashi, M., Izumi, Y., Bamba, T., Tateishi, C., Tomonaga, T., Matsumoto, M., Nakayama, K.I. A shift in glutamine nitrogen metabolism contributes to the malignant progression of cancer. 査読有 *Nature Commun.* 11, 1320 (2020)

Eguchi, T., Sogawa, C., Ono, K., Matsumoto, M., Tran, M.T., Okusha, Y., Lang, B.J., Okamoto, K., Calderwood, S.K. Cell Stress Induced Stressome Release Including Damaged Membrane Vesicles and Extracellular HSP90 by Prostate Cancer Cells. 査読有 *Cells* 9(3):755 (2020)

Kito, Y., Matsumoto, M., Hatano, A., Takami, T., Oshikawa, K., Matsumoto, A., Nakayama, K.I. Cell cycle-dependent localization of the proteasome to chromatin. 査読有 *Sci. Rep.* 10(1):5801 (2020)

Nakagawa, T., Hattori, S., Nobuta, R., Kimura, R., Nakagawa, M., Matsumoto, M., Nagasawa, Y., Funayama, R., Miyakawa, T., Inada, T., Osumi, N., Nakayama, K.I., Nakayama, K. The Autism-Related Protein SETD5 Controls Neural Cell Proliferation through Epigenetic Regulation of rDNA Expression. 査読有 *iScience* 23, (2020)

Fang, Y., Akimoto, M., Mayanagi, K., Hatano, A., Matsumoto, M., Matsuda, S., Yasukawa, T., Kang, D. Chemical acetylation of mitochondrial transcription factor A occurs on specific lysine residues and affects its ability to change global DNA topology. 査読有 *Mitochondrion* 53:99-108 (2020)

Tsukiyama, T., Zou, J., Kim, J., Ogamino, S., Shino, Y., Masuda, T., Merenda, A., Matsumoto, M., Fujioka, Y., Hirose, T., Terai, S., Takahashi, H., Ishitani, T., Nakayama, K.I., Ohba, Y., Koo, B.K. and Hatakeyama, S. A phospho-switch controls RNF43-mediated degradation of Wnt receptors to suppress tumorigenesis. 査読有 *Nature Commun.* Article number: 4586 (2020)

Kokaji T., Hatano A., Ito, Y., Yugi K., Eto M., Morita K., Ohno, S., Fujii, M., Hironaka, K.I., Egami, R., Terakawa, A., Tsuchiya, T., Ozaki, H., Inoue, H., Uda, S., Kubota, H., Suzuki, Y., Ikeda, K., Arita, M., Matsumoto, M., Nakayama, K.I., Hirayama, A., Soga, T., Kuroda, S. Transomics analysis reveals allosteric and gene regulation axes for altered hepatic glucose-responsive metabolism in obesity. 査読有 *Science Signal.* 13, eaaz1236 (2020)

Johmura, Y., Yamanaka, T., Omori, S., Wang, T., Sugiura, Y., Matsumoto, M., Suzuki N., Kumamoto S., Yamaguchi K., Hatakeyama S., Takami T., Yamaguchi R., Shimizu E., Ikeda K., Okahashi N., Mikawa R., Suematsu M., Arita M., Sugimoto M., Nakayama K.I., Furukawa Y., Imoto, S., Nakanishi, M. Senolysis by glutaminolysis inhibition ameliorates various age-associated disorders. 査読有 *Science* 371, 265-270 (2021)

Egami, R., Kokaji, T., Hatano, A., Yugi, K., Eto, M., Morita, K., Ohno, S., Fujii, M., Hironaka, K., Uematsu, S., Terakawa, A., Bai, Y., Pan, Y., Tsuchiya, T., Ozaki, H., Inoue, H., Uda, S., Kubota, H., Suzuki, Y., Matsumoto, M., Nakayama, K.I., Hirayama, A., Soga, T., Kuroda, S. Trans-omic analysis reveals obesity-associated dysregulation of inter-organ metabolic cycles between the liver and skeletal muscle. 査読有 *iScience* in press (2021)

Liu C, Kobashigawa Y, Yamauchi S, Toyota Y, Teramoto M, Ikeguchi Y, Fukuda N, Sato T, Sato Y, Kimura H, Morioka H. Preparation of single-chain Fv antibodies in the cytoplasm of *Escherichia coli* by simplified and systematic chaperone optimization. 査読有 *J Biochem.* 166, 455-462 (2019)

Yamauchi S, Kobashigawa Y, Fukuda N, Teramoto M, Toyota Y, Liu C, Ikeguchi Y, Sato T, Sato Y, Kimura H, Masuda T, Ohtsuki S, Noi K, Ogura T, Morioka H. Cyclization of Single-Chain Fv Antibodies Markedly Suppressed Their Characteristic Aggregation Mediated by Inter-Chain VH-VL Interactions. 査読有 *Molecules.* 24, E2620 (2019)

Kobashigawa Y, Namikawa M, Sekiguchi M, Inada Y, Yamuchi S, Kimoto Y, Okazaki K, Toyota Y, Sato T, and Morioka H. Expression, purification and characterization of CAR/NCOA-1 tethered protein in *E. coli* using maltose-binding protein fusion tag and gelatinized corn starch. 査読有 *Biol. Pharm. Bull.* 44, 125-130 (2021)

Oda, T., Hirabayashi, H., Shikauchi, G., Takamura, R., Hiraga, K., Minami, H., Hashimoto, H., Yamamoto, M., Wakabayashi, K., Shimizu, T. and Sato, M. Structural basis of autoinhibition and activation of the DNA-targeting ADP-ribosyltransferase pierisin-1. 査読有 *J. Biol. Chem.* 292, 15445-15455 (2017)

Konishi, H., Matsubara, M., Mori, K., Tokiwa, T., Arulmozhiraja, S., Yamamoto, Y., Ishikawa, Y., Hashimoto, H., Shigeta, Y., Tokiwa, H. and Manabe, K. Mechanistic Insight into Weak-Base-Catalyzed Generation of Carbon Monoxide from Phenyl Formate and Its Application to Catalytic Carbonylation at Room Temperature without Use of External Carbon Monoxide Gas. 査読有 *Advanced Synthesis & Catalysis* 359, 3592-3601 (2017)

Hara, K., Taharazako, S., Ikeda, M., Fujita, H., Mikami, Y., Kikuchi, S., Hishiki, A., Yokoyama, H., Ishikawa, Y., Kanno, S., Tanaka, K., and Hashimoto, H. Dynamic feature of mitotic arrest deficient 2-like protein 2 (MAD2L2) and structural basis for its interaction with chromosome alignment maintaining phosphoprotein (CAMP). 査読有 *J. Biol. Chem.* 292, 17658-17667 (2017)

Hashimoto, H., Hishiki, A., Hara, K., and Kikuchi, S. Structural basis for the molecular interactions in DNA damage tolerances, 査読有 *Biophys. Physicobiol.* 14, 199-205 (2017)

Hara, K., Uchida, M., Tagata, R., Yokoyama, H., Ishikawa, Y., Hishiki, A. and Hashimoto, H. Structure of proliferating cell nuclear antigen (PCNA) bound to AlkB homolog 2 PCNA-binding motif (APIM) reveals universality of PCNA-interaction. 査読有 *Acta Cryst. F* 74, 214-221 (2018)

Kishimoto, S., Hara, K., Hashimoto, H., Hirayama, Y., Champagne, P. A., Houk, K. N., Tang, Y. and Watanabe, K. Enzymatic one-step ring contraction for quinolone biosynthesis. 査読有 *Nature Commun.* 9, 2826 (2018)

Yokoyama, H., Sawada, J., Sato, K., Ogo, N., Kamei, N., Ishikawa, Y., Hara, K., Asai, A. and Hashimoto, H. Structural and Thermodynamic Basis of the Enhanced Interaction between Kinesin Spindle Protein Eg5 and STLC-type Inhibitors. 査読有 *ACS Omega* 3, 12284-12294 (2018)

Masuda, Y., Mitsuyuki, S., Kanao, R., Hishiki, A., Hashimoto, H. and Masutani, C. Regulation of HLTF-mediated PCNA polyubiquitination by RFC and PCNA monoubiquitination levels determines choice of damage tolerance pathway. 査読有 *Nucleic Acids Res.* 30, 11340-11356 (2018)

Hara, K., Kinoshita, K., Migita, T., Murakami, K., Shimizu, K., Takeuchi, K., Hirano, T. and Hashimoto, H. Structural basis of HEAT-kleisin interactions in the human condensin I subcomplex. 査読有 *EMBO Rep.*, 20, e47183 (2019)

Miyata, R., Sahlan, M., Ishikawa, Y., Hashimoto, H., Honda, S. and Kumazawa, S. Propolis Components from Stingless Bees Collected on South Sulawesi, Indonesia, and Their Xanthine Oxidase Inhibitory Activity. 査読有 *J. Nat. Prod.* 82, 205-210 (2019)

Kishimoto, S., Tsunematsu, Y., Matsushita, T., Hara, K., Hashimoto, H., Tang, Y. and Watanabe, K. Functional and Structural Analyses of trans C-Methyltransferase in Fungal Polyketide Biosynthesis. 査読有 *Biochemistry* 58, 3933-3937 (2019)

Hara, K., Iida, N., Tamafune, R., Ohashi, E., Sakurai, H., Ishikawa, Y., Hishiki, A. and Hashimoto, H. Structure of the RAD9-RAD1-HUS1 checkpoint clamp bound to RHINO sheds light on the other side of the DNA clamp. 査読有 *J. Biol. Chem.* 295, 899-904 (2020)

Hishiki, A., Sato, M. and Hashimoto, H. Structure of HIRAN domain of human HLTF bound to duplex DNA provides structural basis for DNA unwinding to initiate replication fork regression, 査読有 *J. Biochem.* 167, 597-602 (2020)

Yokoyama, H., Suzuki, K., Hara, K., Matsui, I. and Hashimoto, H. Inactive dimeric structure of the protease domain of stomatin operon partner protein. 査読有 *Acta Cryst. D*76, 515-520 (2020)

Hishiki, A., Sato, M. and Hashimoto, H. Structure of the HLTF HIRAN domain and its functional implications in regression of a stalled replication fork. 査読有 *Acta Cryst. D*76, 729-735 (2020)

Matsushita, T., Kishimoto, S., Hara, K., Hashimoto, H. and Watanabe, K. Structural and Functional Analyses of a Spiro-Carbon-Forming, Highly Promiscuous Epoxidase from Fungal Natural Product Biosynthesis. 査読有 *Biochemistry* 59, 4787-4792 (2020)

Sato, M., Kishimoto, S., Yokoyama, M., Jamieson, C. S., Narita, K., Maeda, N., Hara, K., Hashimoto, H., Tsunematsu, Y., Houk, K. N., Tang, Y. and Watanabe, K. Catalytic mechanism and endo-to-exo selectivity reversion of an octalin-forming natural Diels–Alderase. 査読有 *Nature Catalysis* 4, 223–232 (2021)

Li, X., Morita, M., Kikuguchi, C., Takahashi, A., Suzuki, T., Yamamoto, T. Adipocyte-specific disruption of mouse Cnot3 causes lipodystrophy. 査読有 *FEBS Lett* 591, 358-368 (2017)

Yamaguchi, T., Suzuki, T., Sato, T., Takahashi, A., Watanabe, H., Kadowaki, A., Natsui, M., Inagaki, H., Arakawa, S., Nakaoka, S., Koizumi, Y., Seki, S., Adachi, S., Fukao, A., Fujiwara, T., Natsume, T., Kimura, A., Komatsu, M., Shimizu, S., Ito, H., Suzuki, Y., Penninger, J.M., Yamamoto, T., Imai, Y., Kuba, K. The CCR4-NOT deadenylase complex controls Atg7-dependent cell death and heart function. 査読有 *Science Signal* 11, pii: eaan3638. doi: 10.1126/scisignal.aan3638 (2018)

Suzuki, T., Kikuguchi, C., Nishijima, S., Nagashima, T., Takahashi, A., Okada, M., Yamamoto, T. Postnatal liver functional maturation requires Cnot complex-mediated decay of mRNAs encoding cell cycle and immature liver genes. 査読有 *Development* 146, dev168146 (2019)

Morita, M., Siddiqui, N., Katsumura, S., Rouya, C., Larsson, O., Nagashima, T., Hekmatnejad, B., Takahashi, A., Kiyonari, H., Zang, M., St-Arnaud, R., Oike, Y., Giguère, V., Topisirovic, I., Okada-Hatakeyama, M., Yamamoto, T., Sonenberg, N. Hepatic post-transcriptional network comprising of CCR4-NOT deadenylase and FGF21 maintains systemic metabolic homeostasis. 査読有 *Proc. Nat. Acad. Sci. USA* 116, 7973-7981 (2019)

Takahashi, A., Takaoka, S., Kobori, S., Yamaguchi, T., Ferwati, S., Kuba, K., Yamamoto, T., Suzuki, T. The CCR4-NOT deadenylase complex maintains adipocyte identity. 査読有 *Int. J. Mol. Sci.* 20, 5274 (2019)

Baba, M., Yokoyama, K., Seiriki, K., Naka, Y., Matsumura, K., Kondo, M., Yamamoto, K., Hayashida, M., Kasai, A., Ago, Y., Nagayasu, K., Hayata-Takana, A., Takahashi, A., Yamaguchi, S., Mori, D., Ozaki, N., Yamamoto, T., Takuma, K., Hashimoto, R., Hashimoto, H., Nakazawa, T. Psychiatric-disorder-related behavioral phenotypes and cortical hyperactivity in a mouse model of 3q29 deletion syndrome. 査読有 *Neuropsychopharmacology* 44, 2125-2135 (2019)

Mostafa, D., Takahashi, A., Yanagiya, A., Yamaguchi, T., Abe, T., Kureha, T., Kuba, K., Kanegae, Y., Furuta, Y., Yamamoto, T., Suzuki, T. Essential functions of the CNOT7/8 catalytic subunits of the CCR4-NOT complex in mRNA regulation and cell viability. 査読有 *RNA Biology* 17(3), 403-416 (2020)

Takahashi, A., Suzuki, T., Soeda, S., Takaoka, S., Kobori, S., Yamaguchi, T., Mohamed, H., Yanagiya, A., Abe, T., Shigeta, M., Furuta, Y., Kuba, K., and Yamamoto, T. The CCR4-NOT complex maintains liver homeostasis through mRNA deadenylation. 査読有 *Life Science Alliance* 3(5), e201900494 (2020)

Sugawara, S., Kanamaru, Y., Sekine, S., Maekawa, L., Takahashi, A., Yamamoto, T., Watanabe, K., Fujisawa, T., Hattori, K., Ichijo, H. The mitochondrial protein PGAM5 suppresses energy consumption in brown adipocytes by repressing expression of uncoupling protein 1. 査読有 *J. Biol. Chem.* 295(17), 5588-5601 (2020)

Otsuka, H., Fukao, A., Tomohiro, T., Adachi, S., Suzuki, T., Takahashi, A., Funakami, Y., Natsume, T., Yamamoto, T., Duncan, K., Fujiwara, T. ARE-binding Protein ZFP36L1 interacts with CNOT1 to directly repress translation via a deadenylation-independent mechanism. 査読有 *Biochimie* 174, 49-56 (2020)

Norio Miyamura, Shoji Hata, Tohru Itoh, Minoru Tanaka, Miki Nishio, Michiko Itoh, Yoshihiro Ogawa, Shuji Terai, Isao Sakaida, Akira Suzuki, Atsushi Miyajima and Hiroshi Nishina. YAP determines the cell fate of injured mouse hepatocytes *in vivo*. 査読有 *Nature Commun.* 8, 16017 (2017)

Tokiwa Yamasaki, Norie Deki-Arima, Asahito Kaneko, Norio Miyamura, Mamiko Iwatsuki, Masato Matsuoka, Noriko Fujimori-Tonou, Yoshimi Okamoto-Uchida, Jun Hirayama, Jamey D. Marth, Yuji Yamanashi, Hiroshi Kawasaki, Koji Yamanaka, Josef M. Penninger, Shigenobu Shibata and Hiroshi Nishina. Age-dependent motor dysfunction due to neuron-specific disruption of stress-activated protein kinase MKK7. 査読有 *Scientific Reports* 7, 7348 (2017)

Hiroki Goto, Miki Nishio, Yoko To, Tatsuya Oishi, Yosuke Miyachi, Tomohiko Maehama, Hiroshi Nishina, Haruhiko Akiyama, Tak Wah Mak, Yuma Makii, Taku Saito, Akihiro Yasoda, Noriyuki Tsumaki, and Akira Suzuki. Loss of *Mob1a/b* in mice results in chondrodysplasia due to YAP1/TAZ-TEADs-dependent repression of SOX9. 査読有 *Development* 145, dev159244 (2018)

Miki Nishio, Yosuke Miyachi, Junji Otani, Shoji Tane, Hirofumi Omori, Fumihito Ueda, Hideru Togashi, Takehiko Sasaki, Tak Wah Mak, Kazuwa Nakao, Yasuyuki Fujita, Hiroshi Nishina, Tomohiko Maehama and Akira Suzuki. Hippo pathway controls cell adhesion and context-dependent cell competition to influence skin engraftment efficiency. 査読有 *FASEB J* 33, 5548-5560 (2019)

Erika Ishihara, Yuya Nagaoka, Toshiaki Okuno, Satoshi Kofuji, Mari Ishigami-Yuasa, Hiroyuki Kagechika, Kenya Kamimura, Shuji Terai, Takehiko Yokomizo, Yukihiko Sugimoto, Yasuyuki Fujita, Akira Suzuki and Hiroshi Nishina. Prostaglandin E2 and its receptor EP2 trigger signaling that contributes to YAP-mediated cell competition. 査読有 *Genes to Cells* 25, 197-214 (2020)

Tadashi Shin, Yuichi Hiraoka, Tokiwa Yamasaki, Jamey D. Marth, Josef M. Penninger, Masami Kanai-Azuma, Kohichi Tanaka, Satoshi Kofuji & Hiroshi Nishina. MKK7-deficiency in mature neurons impairs parental behavior in mice. 査読有 *Genes to Cells* 26, 5-17 (2021)

Gehring T, Erdmann T, Rahm M, Flatley A, O'Neill TJ., Graß C, Woods S, Meininger I, Karayel O, Kutzner K, Grau M, Shinohara H, Lammens K, Feederle R, Hauck SM., Lenz G, and Krappmann D. MALT1 phosphorylation controls activation of T lymphocytes and survival of ABC DLBCL tumor cells. 査読有 *Cell Reports* 29(4):873-888.e10 (2019)

Chiang S, Shinohara H, Huang JH, Tsai HK, and Okada M. Inferring the transcriptional regulatory mechanism of the signal-dependent gene expression via an integrative computational approach. 査読有 *FEBS Letters* 594(10):1477-1496 (2020)

Michida H, Imoto H, Shinohara H, Yumoto N, Seki M, Umeda M, Hayashi T, Nikaido I, Kasukawa T, Suzuki Y, Okada-Hatakeyama M. The Number of Transcription Factors at an Enhancer Determines Switch-like Gene Expression. 査読有 *Cell Reports* 31(9), 107724 (2020)

Kamino K, Kondo Y, Nakajima A, Honda-Kitahara M, Kaneko K, Sawai S, Fold-change detection and scale invariance of cell-cell signaling in social amoeba. 査読有 *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 114, E4149-E4157 10.1073/pnas.1702181114 (2017)

Fujimori T, Nakajima A, Shimada N, Sawai S, Tissue self-organization based on collective cell migration by contact activation of locomotion and chemotaxis. 査読有 *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 116 (10), 4291-4296

10.1073/pnas.1815063116 (2019)

Senoo H, Kamimura Y, Kimura R, Nakajima A, Sawai S, Sesaki H, Iijima M, Phosphorylated Rho-GDP directly activates mTORC2 kinase towards AKT through dimerization with Ras-GTP to regulate cell migration. 査読有 *Nature Cell Biol.* 21(7) 867 – 878 10.1038/s41556-019-0348-8 (2019)

Ishihara S, Sato T, Du G, Guardavaccaro D, Nakajima A, Sawai S, Kataoka T, Katagiri K, Phosphatidic acid-dependent localization and basal de-phosphorylation of RA-GEFs regulate lymphocyte trafficking. 査読有 *BMC Biol.* 18(1) 75 – 75 査読有 10.1186/s12915-020-00809-0 (2020)

Wakai, M. K., Nakamura, M.J., Sawai, S., Hotta, K., Oka, K., Two-Round Ca²⁺ transient in papillae by mechanical stimulation induces metamorphosis in the ascidian *Ciona intestinalis* type A. 査読有 *Proc Biol Sci.* 288(1945) 20203207 - 20203207 10.1098/rspb.2020.3207 (2021)

Imoto, D., Saito, N., Nakajima, A., Gen Honda, G., Ishida, M., Sugita, T, Ishihara, S., Katagiri, K., Okimura, C., Iwadate, Y., Sawai, S. Comparative mapping of crawling-cell morphodynamics in deep learning-based feature space. 査読有 *Pros Comp Biol.* in press (2021)

Itano K, Ito T, Kawasaki S, Murakami Y, Suzuki T. Mathematical modeling and analysis of ErbB3 and EGFR dimerization process for the gefitinib resistance. 査読有 *JSIAM Letters*, 10: 33-36, (2018)

Ito T, Kasai Y, Kumagai Y, Suzuki D, Ochiai-Noguchi M, Irikura D, Miyake S, Murakami Y. Quantitative analysis of interaction between CADM1 and its binding cell-surface proteins using surface plasmon resonance imaging. 査読有 *Front Cell Dev Biol.* 6: 86, (2018)

Ito T, Kumagai Y, Itano K, Maruyama T, Tamura K, Kawasaki S, Suzuki T, Murakami Y. Mathematical analysis of gefitinib resistance of lung adenocarcinoma caused by MET amplification. 査読有 *Biochem Biophys Res Commun.* 511(3): 544-550, (2019)

Ito T, Nakamura A, Tanaka I, Tsuboi Y, Morikawa T, Nakajima J, Takai D, Fukayama M, Sekido Y, Niki T, Matsubara D, Murakami Y. CADM1 associates with Hippo pathway core kinases; membranous coexpression of CADM1 & LATS2 in lung tumors predicts good prognosis. 査読有 *Cancer Sci.* (2019)

Matsubara D, Yoshimoto T, Soda M, Amano Y, Kihara A, Funaki T, Ito T, Sakuma Y, Shibano T, Endo S, Hagiwara K, Ishikawa S, Fukayama M, Murakami Y, Mano H, Niki T. Reciprocal expression of trefoil factor-1 and thyroid transcription factor-1 in lung adenocarcinomas. 査読有 *Cancer Sci.* 111(6): 2183-2195, (2020)

Murakami F, Tsuboi Y, Takahashi Y, Horimoto Y, Mogushi K, Ito T, Emi M, Matsubara D, Shibata T, Saito M, Murakami Y. Short somatic alterations at the site of copy number variation in breast cancer. 査読有 *Cancer Sci.* 112(1): 444-453, (2021)

Funaki T, Ito T, Tanei ZI, Goto A, Niki T, Matsubara D, Murakami Y. CADM1 promotes malignant features of small-cell lung cancer by recruiting 4.1R to the plasma membrane. 査読有 *Biochem Biophys Res Commun.* 534: 172-178, (2021)

Yuan, T. and Tanaka, G., Robustness of coupled oscillator networks with heterogeneous natural frequencies, 査読有 *Chaos*, 27, 123105 (2017)

Morino, K., Tanaka, G. and Aihara, K. Bifurcation mechanism for emergence of spontaneous oscillations in coupled heterogeneous excitable units, 査読有 *Physical Review E*, 98, 052210 (2018)

Tanaka, G., Dominguez-Huttinger, E., Christodoulides, P., Aihara, K. and Tanaka, R. J. Bifurcation analysis of a mathematical model of atopic dermatitis to determine patient-specific effects of treatments on dynamic phenotypes. 査読有 *Journal of Theoretical Biology*, 448, 66-79 (2018)

Liu, N., Matsumura, H., Kato, T., Ichinose, S., Takada, A., Namiki, T., Asakawa, K., Morinaga, H., Mohri, Y., De Arcangelis, A., Geroges-Labouesse, E., Nanba, D., and Nishimura, E.K. Stem cell competition orchestrates skin homeostasis and ageing. 査読有 *Nature* 568, 344-350 (2019)

Muraguchi, T., Nanba, D., Nishimura, E.K., and Tashiro T. IGF-1R deficiency in human keratinocytes disrupts epidermal homeostasis and stem cell maintenance. 査読有 *J. Dermatol. Sci.* 94, 298-305 (2019)

Hoshikawa, E., Sato, T., Kimori, Y., Suzuki, A., Haga, K., Kato, H., Tabeta, K., Nanba, D., and Izumi, K. Noninvasive measurement of cell/colony motion using image analysis methods to evaluate the proliferative capacity of oral keratinocytes as a tool for quality control in regenerative medicine. 査読有 *J Tissue Eng.* 10, 2041731419881528 (2019)

Kinoshita, K., Munesue, T., Toki, F., Isshiki, M., Higashiyama, S., Barrandon, Y., Nishimura, E.K., Yanagihara, Y., and Nanba D. Automated collective motion analysis validates human keratinocyte stem cell cultures. 査読有 *Sci. Rep.* 9, 18725 (2019)

Sakaue, T., Hamaguchi, M., Aono, J., Nakashiro, KI., Shikata, F., Kawakami, N., Oshima, Y., Kurata, M., Nanba, D., Kobayashi, K., Murata, T., Masumoto, J., Yamaguchi, O., Higashiyama, S., and Izumitani, H. (2020). Valve interstitial cell-specific cyclooxygenase-1 associated with calcification of aortic valves. 査読有 *Ann. Thorac. Surg.* 110, 40-49 (2020)

Toki, F., Nanba, D., Nishimura, E.K., and Matsuzaki K. Evaluation of the proliferative potential of skin keratinocytes and fibroblasts isolated from critical limb ischemia patients. 査読有 *Regen. Ther.* 14, 222-226 (2020)

Matsumura, H., Liu, N., Nanba, D., Ichinose, S., Takada, A., Kurata, S., Morinaga, H., Mohri, Y., De Arcangelis, A., Ohno, S., and Nishimura, E.K. Distinct types of stem cell divisions determine organ regeneration and aging in hair follicles. 査読有 *Nature Aging* 1, 190-204 (2021)

Hirose, T., Kotoku, J., Toki, F., Nishimura, E.K., and Nanba D. Label-free quality control and identification of human keratinocyte stem cells by deep learning-based automated cell tracking. 査読有 *Stem Cells*, in press.

Okada D, Nakamura N, Wada T, Iwasaki A, Yamada R. Extension of Sinkhorn Method: Optimal Movement Estimation of Agents Moving at Constant Velocity. 人工知能学会論文誌 34, p. D-J13_1-7, (2019)

Hatakeyama T, Kiguchi T, Kobayashi D, Nakamura N, Nishiyama C, Hayashida S, Kiyohara K, Kitamura T, Kawamura T, Iwami T. Effectiveness of dispatcher instructions-dependent or independent bystander cardiopulmonary resuscitation on neurological survival among patients with out-of-hospital cardiac arrest. 査読有 *J Cardiol* pii: S0914-5087(19)30266-7, (2019)

Nakamura N, Okada D, Setoh K, Kawaguchi T, Higasa K, Tabara Y, Matsuda F, Yamada R. LAVENDER: latent axes discovery from multiple cytometry samples with non-parametric divergence estimation and multidimensional scaling reconstruction. *bioRxiv*, 673434, (2019)

Okada D, Nakamura N, Setoh K, Kawaguchi T, Higasa K, Tabara Y, Matsuda F, Yamada R. Genome-wide association study of individual differences of human lymphocyte profiles using large-scale cytometry data. 査読有 *J Hum Genet* 66, 557-567, (2021)

Nakamura N, Yamada R, Distance-matrix-based extraction of motility features from functionally heterogeneous cell populations. *Springer Proceedings in Mathematics & Statistics*, in press. (2021)

Akutsu T, Mori T, Nakamura N, Kozawa S, Ueno Y, Sato TN. Tree edit distance with variables. Measuring the similarity between mathematical formulas. *arXiv*: 2105.04802, (2021)

Okimura, C., Sakumura, Y., Shimabukuro, K. and Iwadate, Y. Sensing of substratum rigidity and directional migration by fast-crawling cells. 査読有 *Physical Review E* 97: 052401 (2018)

Okimura, C., Taniguchi, A., Nonaka, S. and Iwadate, Y. Rotation of stress fibers as a single wheel in migrating fish keratocytes. 査読有 *Scientific Reports* 8: 10615 (2018)

Danno, K., Nakamura, T., Okoso, N., Nakamura, N., Iguchi, K., Iwadate, Y., Kenmotsu, T., Ikegawa, M., Uemoto, S., Yoshikawa, K. Cracking pattern of tissue slices induced by external extension provides useful diagnostic information. 査読有 *Scientific Reports* 8: 12167 (2018)

Tsujioka, M., Uyeda, T.Q.P., Iwadate, Y., Patel, H., Shibata, K., Yumoto, T. and Yonemura, S. Actin-binding domains mediate the distinct distribution of two *Dictyostelium* Talins through different affinities to specific

subsets of actin filaments during directed cell migration. 査読有 *PLoS ONE* 14: e0214736 (2019)

Matsuzawa K, Himoto T, Mochizuki Y and Ikenouchi J. α -Catenin Controls the Anisotropy of Force Distribution at Cell-Cell Junctions during Collective Cell Migration. 査読有 *Cell Rep.* 23, 3447-3456 (2018)

Aoki K, Sato S, Harada S, Uchida S, Iwasa Y and Ikenouchi J. Coordinated changes in cell membrane and cytoplasm during maturation of apoptotic bleb. 査読有 *Mol Biol Cell.* 31, 833-844 (2020)

Aoki K, Harada S, Kawaji K, Matsuzawa K, Uchida S and Ikenouchi J. STIM-Orai1 signaling regulates fluidity of cytoplasm during membrane blebbing. 査読有 *Nature Commun.* 12, 480 (2021)

Matsuzawa K, Ohga H, Shigetomi K, Shiiya T, Hirashima M and Ikenouchi J. MAGIs regulate aPKC to enable balanced distribution of intercellular tension for epithelial sheet homeostasis. 査読有 *Commun Biol.* 4, 337 (2021)

Cortes E, Lachowski D, Robinson B, Sarper M, Teppo JS, Thorpe SD, Lieberthal TJ, Iwamoto K, Lee DA, Okada-Hatakeyama M, Varjosalo MT, Del Río Hernández AE. Tamoxifen mechanically reprograms the tumor microenvironment via HIF-1A and reduces cancer cell survival. 査読有 *EMBO Rep.* Jan;20(1):e46557. doi: 10.15252/embr.201846557. (2019)

Arjunan SNV, Miyauchi A, Iwamoto K, Takahashi K. pSpatioocyte: a high-performance simulator for intracellular reaction-diffusion systems. 査読有 *BMC Bioinformatics.* 29;21(1):33. doi: 10.1186/s12859-019-3338-8. (2020)

Imamoto A, Ki S, Li L, Iwamoto K, Maruthamuthu V, Devany J, Lu O, Kanazawa T, Zhang S, Yamada T, Hirayama A, Fukuda S, Suzuki Y, Okada M. Essential role of the Crk family-dosage in DiGeorge-like anomaly and metabolic homeostasis. 査読有 *Life Sci Alliance.* 2020 Feb 10;3(2):e201900635. (2020)

Yaguchi, H., Yabe, I., Takahashi, H., Watanabe, M., Nomura, T., Kano, T., Matsumoto, M., Nakayama, KI., Watanabe, M. and Hatakeyama, S. Sez6l2 regulates phosphorylation of ADD and neuritogenesis. 査読有 *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, 494, 234-241, (2017)

Yabe, I., Yaguchi, H., Kato, Y., Miki, Y., Takahashi, H., Tanikawa, S., Shirai, S., Takahashi, I., Kimura, M., Hama, Y., Matsushima, M., Fujioka, S., Kano, T., Watanabe, M., Nakagawa, S., Kunieda, Y., Ikeda, Y., Hasegawa, M., Nishihara, H., Ohtsuka, T., Tanaka, S., Tsuboi, Y., Hatakeyama, S., Wakabayashi, K., Sasaki, H. Mutations in bassoon in individuals with familial and sporadic progressive supranuclear palsy-like syndrome. 査読有 *Sci. Rep.*, 8, 819, (2018)

Yaguchi, H., Yabe, I., Takahashi, H., Watanabe, M., Nomura, T., Kano, T., Watanabe, M., and Hatakeyama, S.: Anti-Sez6l2 antibody, detected in a patient with immune-mediated cerebellar ataxia, inhibits complex formation of GluR1 and Sez6l2. 査読有 *J. Neurol.*, 265(4), 962-965, (2018)

Matsumoto, J., Takada, S., Kinugawa, S., Furihata, T., Nambu, H., Kakutani, N., Tsuda, M., Fukushima, A., Yokota, T., Tanaka, S., Takahashi, H., Watanabe, M., Hatakeyama, S., Matsumoto, M., Nakayama, KI., Otsuka, Y., Sabe, H., Tsutsui, H., Anzai, T.: Brain-Derived Neurotrophic Factor Improves Limited Exercise Capacity in Mice With Heart Failure. 査読有 *Circulation*, 138(18):2064-2066, (2018)

Yanagi, T., Watanabe, M., Hata, H., Kitamura, S., Imafuku, K., Yanagi, H., Homma, A., Wang, L., Takahashi, H., Shimizu, H., and Hatakeyama, S.: Loss of TRIM29 promotes cell invasion in squamous cell carcinoma via alterations in keratin distribution. 査読有 *Cancer Res*, 15;78(24):6795-6806, (2018)

Takahashi, H., Ranjan, A., Chen, S., Suzuki, H., Shibata, M., Hirose, T., Hirose, H., Sasaki, K., Abe, R., Chen, K., He, Y., Zhang, Y., Takigawa, I., Tsukiyama, T., Watanabe, M., Fujii, S., Iida, M., Yamamoto, J., Yamaguchi, Y., Suzuki, Y., Matsumoto, M., Nakayama, KI., Washburn, MP., Saraf, A., Florens, L., Sato, S., Tomomori-Sato, C., Conaway, RC., Conaway, JW., Hatakeyama, S.: The role of Mediator and Little Elongation Complex in transcription termination. 査読有 *Nature Commun.* 11(1):1063, (2020)

Watanabe, M., Saeki, Y., Takahashi, H., Ohtake, F., Yoshida, Y., Kasuga, Y., Kondo, K., Yaguchi, H., Suzuki, M., Ishida, H., Tanaka, K. and Hatakeyama, S.: A substrate-trapping strategy to find E3 ubiquitin ligase substrates identifies Parkin and TRIM28 targets, 査読有 *Commun. Biol.*, 3, 592, (2020)

- Nakazono, A., Nakamaru, Y., Ramezanzpour, M., Kondo, T., Watanabe, M., Hatakeyama, S., Kimura, S., Honma, A., Wormald, P.J., Vreugde, S., Suzuki, M. and Homma, A.: Fluticasone propionate suppresses Poly(I:C)-induced ACE2 in primary human nasal epithelial cells. 査読有 *Front. Cell. Infect. Microbiol.*, 26, (2021)
- Hori, Y., Hirayama, S., Kikuchi, K. Development of cyanine probes with dinitrobenzene quencher for rapid fluorogenic protein labelling. 査読有 *Philos. Trans. A Math. Phys. Eng. Sci.* 375, 20170018. doi: 10.1098/rsta.2017.0018, (2017)
- Hori, Y., Otomura, N., Nishida, A., Nishiura, M., Umeno, M., Suetake, I., Kikuchi, K. Synthetic-Molecule/Protein Hybrid Probe with Fluorogenic Switch for Live-Cell Imaging of DNA Methylation. 査読有 *J. Am. Chem. Soc.* 140, 1686-1690 (2018)
- Benson, S., Fernandez, A., Barth, N. D., de Moliner, F., Horrocks, M. H., Herrington, C. S., Abad, J. L., Delgado, A., Kelly, L., Chang, Z., Feng, Y., Nishiura, M., Hori, Y., Kikuchi, K. Vendrell, M. SCOTfluors: Small, Conjugatable, Orthogonal, and Tunable Fluorophores for In Vivo Imaging of Cell Metabolism. 査読有 *Angew. Chem. Int. Ed.* 58, 6911-6915 (2019)
- Gao, J., Hori, Y., Nishiura, M., Bordy, M., Hasserodt, J., Kikuchi, K. Engineered Protein-Tag for Rapid Live-Cell Fluorogenic Visualization of Proteins by Anionic Probes. *Chem. Lett.* 49, 232-235 (2020)
- Kumar, N., Hori, Y., Nishiura, M., Kikuchi, K. Rapid no-wash labeling of PYP-tag proteins with reactive fluorogenic ligands affords stable fluorescent protein conjugates for long-term cell imaging studies. 査読有 *Chem. Sci.* 11, 3694-3701 (2020)
- Gao, J., Hori, Y., Shimomura, T., Bordy, M., Hasserodt, J., Kikuchi, K. Development of Fluorogenic Probes for Rapid High-Contrast Imaging of Transient Nuclear Localization of Sirtuin 3. 査読有 *Chembiochem.* 21, 656-662 (2020)
- Gao, J., Hori, Y., Takeuchi, O., Kikuchi, K. Live-Cell Imaging of Protein Degradation Utilizing Designed Protein-Tag Mutant and Fluorescent Probe with Turn-Off Switch. 査読有 *Bioconjug. Chem.* 31, 577-583 (2020)
- Torii, K., Hori, Y., Watabe, K., Kikuchi, K. Development of Photoswitchable Fluorescent Molecules Using Arylazopyrazole. 査読有 *Bull. Chem. Soc. Jpn.* 93, 821-824 (2020)
- Hori, Y., Nishiura, M., Tao, T., Baba, R., Bull, S. D., Kikuchi, K. Fluorogenic probes for detecting deacylase and demethylase activity towards post-translationally-modified lysine residues. 査読有 *Chem. Sci.* 12, 2498-2503 (2021)
- Dumont V, Tolvanen TA, Kuusela S, Wang H, Nyman TA, Lindfors S, Tienari J, Nisen H, Suetsugu S, Plomann M, Kawachi H, Lehtonen S. PACSIN2 accelerates nephrin trafficking and is up-regulated in diabetic kidney disease. 査読有 *FASEB J.* 31, 3978-3990 (2017)
- Takemura K, Hanawa-Suetsugu K, Suetsugu S, Kitao A. Salt Bridge Formation between the I-BAR Domain and Lipids Increases Lipid Density and Membrane Curvature. 査読有 *Sci Rep* 7, 6808 (2017)
- Tachikawa M, Morone N, Senju Y, Sugiura T, Hanawa-Suetsugu K, Mochizuki A, Suetsugu S. Measurement of caveolin-1 densities in the cell membrane for quantification of caveolar deformation after exposure to hypotonic membrane tension. 査読有 *Sci Rep* 7, 7794 (2017)
- Hanawa-Suetsugu K, Itoh Y, Ab Fatah M, Nishimura T, Takemura K, Takeshita K, Kubota S, Miyazaki N, Wan Mohamad Noor WNI, Inaba T, Nguyen NTH, Hamada-Nakahara S, Oono-Yakura K, Tachikawa M, Iwasaki K, Kohda D, Yamamoto M, Kitao A, Shimada A, Suetsugu S. Phagocytosis is mediated by two-dimensional assemblies of the F-BAR protein GAS7. 査読有 *Nature Commun.* 10:4763 (2019)
- Matsuo, R., Takatori, Y., Hamada, S., Koyanagi, M., Matsuo, Y. Expression and light-dependent translocation of beta-arrestin in the visual system of the terrestrial slug *Limax valentianus*. 査読有 *J Exp. Biol.* 220(Pt 18), 3301-3314 (2017)

- Nagata, T., Koyanagi, M., Lucas, R. and Terakita, A. An all- trans -retinal-binding opsin peropsin as a potential dark-active and light-inactivated G protein-coupled receptor. 査読有 *Sci. Rep.* 8(1), 3535 (2018)
- Gerrard, E., Mutt, E., Nagata, T., Koyanagi, M., Flock, T., Lesca, E., Schertler, G.F.X., Terakita, A., Deupi, X. and Lucas, R.J. Convergent evolution of tertiary structure in rhodopsin visual proteins from vertebrates and box jellyfish. 査読有 *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A* 115(24) 6201-6206 (2018)
- Wada, S., Shen, B., Kawano-Yamashita, E., Nagata, T., Hibi, M., Tamotsu, S., Koyanagi, M. and Terakita, A. Color opponency with a single kind of bistable opsin in the zebrafish pineal organ. 査読有 *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A* 115(44) 11310-11315 (2018)
- Hara, Y., Yamaguchi, K., Onimaru, K., Kadota, M., Koyanagi, M., (18 authors) and Kuraku S. Shark genomes provide insights into elasmobranch evolution and the origin of vertebrates. 査読有 *Nature Ecol. Evol.* 2(11) 1761-1771 (2018)
- Ehrenberg, D., Varma, N., Deupi, X., Koyanagi, M., Terakita, A., Schertler, G.F.X., Heberle, J. and Lesca, E. The Two-Photon Reversible Reaction of the Bistable Jumping Spider Rhodopsin-1. 査読有 *Biophys. J* 116(7), 1248-1258 (2019)
- Nagata, T., Koyanagi, M., Tsukamoto, H., Mutt, E., Schertler, G.F.X., Deupi, X. and Terakita, A. The counterion-retinylidene Schiff base interaction of an invertebrate rhodopsin rearranges upon light activation. 査読有 *Commun. Biol.* 2, 180 (2019)
- Saito, T., Koyanagi, M., Sugihara, T., Nagata, T., Arikawa, K. and Terakita, A. Spectral tuning mediated by helix III in butterfly long wavelength-sensitive visual opsins revealed by heterologous action spectroscopy. 査読有 *Zoological Lett.* 5, 35 (2019)
- Duchatelet, L., Sugihara, T., Delroisse, J., Koyanagi, M., Rezsöházy, R., Terakita, A. and Malfet, J. From extraocular photoreception to pigment movement regulation: a new control mechanism of the lanternshark luminescence. 査読有 *Sci. Rep.* 10(1), 10195 (2020)
- Shen, B., Wada, S., Nishioka, H., Nagata, T., Kawano-Yamashita, E., Koyanagi, M. and Terakita, A. Functional identification of an opsin kinase underlying inactivation of the pineal bistable opsin parapinopsin in zebrafish. 査読有 *Zoological Lett.* 7(1), 1 (2021)
- Wada, S., Kawano-Yamashita, E., Sugihara, T., Tamotsu, S., Koyanagi, M. and Terakita, A. Insights into the evolutionary origin of the pineal color discrimination mechanism from the river lamprey. 査読有 *BMC Biology* 19: 188 (2021).
- Murai, S., Yamaguchi, Y., Shirasaki, Y., Yamagishi, M., Shindo, R., Hildebrand, J.Y., Miura R., Nakabayashi, O., Totsuka, M., Tomida, T., Satomi, Adachi-Akahane, Uemura, S., Silke, J., Yagita, H., Miura, M., Nakano, H. A FRET biosensor for necroptosis uncovers two different modes of the release of DAMPs. 査読有 *Nature Commun.* 58, 35-46 (2018)
- Tatebayashi, K., Yamamoto, K., Tomida, T., Nishimura, A., Takayama, T., Oyama, M., Kozuka-Hata H., Adachi-Akahane, S., Tokunaga, Y., and Saito, H. Osmostress enhances activating phosphorylation of Hog1 MAP kinase by mono-phosphorylated Pbs2 MAP2K. 査読有 *EMBO Journal.* 39(5), e103444 査読有 (2020)
- Yoshizawa, R., Umeki, N., Yanagawa, M., Murata, M., and Sako, Y. Single-molecule fluorescence imaging of RalGDS on cell surfaces during signal transduction to Ras to Ral. 査読有 *Biophys. Physicobiol.* 14, 75-84 (2017)
- Nakamura, Y., Umeki, N., Abe, M., and Sako, Y. Mutation-specific mechanisms of hyperactivation of Noonan syndrome SOS molecules detected with single-molecule imaging in living cells. 査読有 *Sci. Rep.* 7, 14153 (2017)
- Magi, S., Iwamoto, K., Yumoto, N., Hiroshima, M., Nagashima, T., Ohki, R., Garcia-Munoz, A., Volinsky, N., Von Kriegsheim, A., Sako, Y., Takahashi, K., Kimura, S., Kholodenko, B. N., and Okada-Hatakeyama, M. Transcriptionally inducible Pleckstrin homology-like domain family A member 1 attenuates ErbB receptor activity by inhibiting receptor oligomerization. 査読有 *J. Biol. Chem.* 293, 2206-2218 (2018)

- Maeda, R., Sato, T., Okamoto, K., Yanagawa, M., and Sako, Y. Lipid-protein interplay in dimerization of the juxtamembrane domains of epidermal growth factor receptor. 査読有 *Biophys. J.* 114, 893-903 (2018)
- Hiroshima, M., Pack, C.-g., Kaizu, K., Takahashi, K., Ueda, M., and Sako, Y. Transient acceleration of epidermal growth factor receptor dynamics produces higher-order signaling clusters. 査読有 *J. Mol. Biol.* 430, 1386-1401 (2018)
- Shindo, Y., Kondo, Y., and Sako, Y. Inferring a nonlinear biochemical network model from a heterogeneous single-cell time course data. 査読有 *Sci. Rep.* 8, 6790 (1-10) (2018)
- Maeda, R., Hiroshima, M., Yamashita, T., Wada, A., Sako, Y., Shichida, Y., and Imamoto, Y. Shift in conformational equilibrium induces constitutive activity of G-Protein coupled receptor, rhodopsin. 査読有 *J. Phys. Chem. B* 122, 4838-4843 (2018)
- Yasui, M., Hiroshima, M., Kozuka, J., Sako, Y., and Ueda, M. Automated single-molecule imaging in living cells. 査読有 *Nature Commun.* 9, 3061 (1-11) (2018)
- Yanagawa, M., Hiroshima, M., Togashi, Y., Yamashita, T., Shichida, Y., Murata, M., Ueda, M., and Sako, Y. Single-molecule diffusion-based estimation of GPCR activity. 査読有 *Science Sig.* 11, eaaa01917 (1-16) (2018)
- Okamoto, K. and Sako, Y. Single-molecule Förster resonance energy transfer measurement reveals dynamic partially ordered structure of the epidermal growth factor receptor C-tail domain. 査読有 *J. Chem. Phys. B* 123, 571-581 (2019)
- Okamoto, K., Hibino, K., and Sako, Y. In-cell single-molecule FRET measurements reveal three conformational state changes in RAF protein. 査読有 *Biochim. Biophys. Acta Gen. Subj.* 1864, 129358 (2019)
- Miyagi, H., Hiroshima, M., and Sako, Y. Cell-to-cell diversification in ERBB-RAS-MAPK signal transduction that produces cell-type specific growth factor responses. 査読有 *Biosystems* 19, 104293 (1-10) (2021)
- Yoshizawa, R., Umeki, N., Yamamoto, A., Murata, M., and Sako, Y. Biphasic spatiotemporal regulation of GRB2 dynamics by p52SHC for transient RAS activation. 査読有 *Biophys. Physicobiol.* 18, 1-12 (2021)
- Mii, Y., Nakazato, K., Pack, C.-G., Sako, Y., Mochizuki, A., Takada, S., and Taira, M. Quantitative analysis reveal extracellular dynamics of Wnt ligands in *Xenopus* embryos. 査読有 *eLife* in press.
- Nanaura, H., Kawamukai, H., Fujiwara, A., Uehara, T., Nakanishi, M., Shiota, T., Hibino, M., Aiba, Y., Wiriyasermkul, P., Kikuchi, S., Nagata, R., Matsubayashi, M., Nagamori, S., Shoji, O., Ishimori, K., Matsumura, H., Sugie, K., Saio, T., Yoshizawa, T., Mori, E. Toxic PR poly-dipeptides encoded by the C9orf72 repeat expansion target Kap β 2 and dysregulate phase separation of low-complexity domains. *bioRxiv* doi: 10.1101/812099 (2019)
- Okumura M, Noi K, Kanemura S, Kinoshita M, Saio T, Inoue Y, Hikima T, Akiyama S, Ogura T, Inaba K. Dynamic assembly of protein disulfide isomerase in catalysis of oxidative folding. 査読有 *Nature Chem Biol.* 15, 499-509 (2019)
- Taguchi Y, Saio T, Kohda D. Distance Distribution between Two Iodine Atoms Derived from Small-Angle X-ray Scattering Interferometry for Analyzing a Conformational Ensemble of Heavy Atom-Labeled Small Molecules. 査読有 *J Phys Chem Lett.* 11, 5451-5456 (2020)
- Inoue R, Oda T, Nakagawa H, Tominaga T, Saio T, Kawakita Y, Shimizu M, Okuda A, Morishima K, Sato N, Urade R, Sato M, Sugiyama M. Dynamics of proteins with different molecular structures under solution condition. 査読有 *Sci Rep.* 10, 21678 (2020)
- Rizzolo K, Yu AYH, Ologbenla A, Kim SR, Zhu H, Ishimori K, Thibault G, Leung E, Zhang YW, Teng M, Haniszewski M, Miah N, Phanse S, Minic Z, Lee S, Caballero JD, Babu M, Tsai FTF, Saio T, Houry WA. Functional cooperativity between the trigger factor chaperone and the ClpXP proteolytic complex. 査読有 *Nature Commun.* 12, 281 (2021)

Okumura M, Kanemura S, Matsusaki M, Kinoshita M, Saio T, Ito D, Hirayama C, Kumeta H, Watabe M, Amagai Y, Lee YH, Akiyama S, Inaba K. A unique leucine-valine adhesive motif supports structure and function of protein disulfide isomerase P5 via dimerization. 査読有 *Structure*. S0969-2126, 00114-3 (2021)

Nanaura, H, Kawamukai, H., Fujiwara, A., Uehara, T., Aiba, Y., Nakanishi, M., Shiota, T., Hibino, M., Wiriyaerkmul, P., Kikuchi, S., Nagata, R., Matsubayashi, M., Shinkai, Y., Niwa, T., Mannen, T., Morikawa, N., Naohiko, I., Kiriyama, T., Morishima, K., Inoue, R., Sugiyama, M., Oda, T., Kodera, N., Toma-Fukai, S., Sato, M., Taguchi, H., Nagamori, S., Shoji, O., Ishimori, K., Matsumura, H., Sugie, K., Saio, T., Yoshizawa, T., Mori, E. C9orf72-derived arginine-rich poly-dipeptides impede phase modifiers. 査読有 *Nature Commun* in press (2021).

Imai, S., Yokomizo, T., Kofuku, Y., Shiraishi, Y., Ueda, T., Shimada, I. Structural equilibrium underlying ligand-dependent activation of β_2 -adrenoreceptor. 査読有 *Nature Chem. Biol.* 16, 430-439 (2020)

Terashima, Y., Toda, E., Itakura, M., Otsuji, M., Yoshinaga, S., Okumura, K., Shand, F.H.W., Komohara, Y., Takeda, M., Kokubo, K., Chen, M.C., Yokoi, S., Rokutan, H., Kofuku, Y., Ohnishi, K., Ohira, M., Iizasa, T., Nakano, H., Okabe, T., Kojima, H., Shimizu, A., Kanegasaki, S., Zhang, M.R., Shimada, I., Nagase, H., Terasawa, H., Matsushima, K. Targeting FROUNT with disulfiram suppresses macrophage accumulation and its tumor-promoting properties. 査読有 *Nature Commun.* 11, 609 (2020)

Mizumura, T., Kondo, K., Kurita, M., Kofuku, Y., Natsume, M., Imai, S., Shiraishi, Y., Ueda, T., Shimada, I. Activation of adenosine A_{2A} receptor by lipids from docosahexaenoic acid revealed by NMR. 査読有 *Science Adv.* 6, eaay8544 (2020)

Jang MS, Toyoshima Y, Tomioka M, Kunitomo H, Iino Y. Multiple sensory neurons mediate starvation-dependent aversive navigation in *Caenorhabditis elegans*. 査読有 *Proc Natl Acad Sci U S A* 116(37):18673-18683 (2019)

Nagashima T, Iino Y, Tomioka M. DAF-16/FOXO promotes taste avoidance learning independently of axonal insulin-like signaling. 査読有 *PLoS Genet* 15(7): e1008297 (2019)

Ota R, Ide T, Michiue T. A novel cell segmentation method for developing embryos using machine learning. *Dev. Growth. Diff.* doi:10.1111/dgd.12747 (2021)

Munezane H., Oizumi H., Wakabayashi T., Nishio S., Hirasawa T., Sato T., Harada A., Yoshida T., Eguchi T., Yamanashi Y., Hashimoto T., Iwatsubo T. Roles of Collagen XXV and Its Putative Receptors PTP σ/δ in Intramuscular Motor Innervation and Congenital Cranial Dysinnervation Disorder. 査読有 *Cell Rep.* 29, 4362-4376 (2019)

Eguchi T., Tezuka T., Fukudome T., Watanabe Y., Sagara H., Yamanashi Y. Overexpression of Dok-7 in skeletal muscle enhances neuromuscular transmission with structural alterations of neuromuscular junctions: Implications in robustness of neuromuscular transmission. 査読有 *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 523, 214-219 (2020)

Webster RG., Vanhaesebrouck AE., Maxwell SE., Cossins JA., Liu W., Ueta R., Yamanashi Y., Beeson DMW. Effect of salbutamol on neuromuscular junction function and structure in a mouse model of DOK7 congenital myasthenia. 査読有 *Hum. Mol. Genet.* 29, 2325-2336 (2020)

Ueta R., Sugita S., Minegishi Y., Shimotoyodome A., Ota N., Ogiso N., Eguchi T., Yamanashi Y. DOK7 Gene Therapy Enhances Neuromuscular Junction Innervation and Motor Function in Aged Mice. 査読有 *iScience* 23, 101385 (2020)

Obara, K., Kotani, T., Nakatogawa, H., Kihara, A., and Kamura, T. N-glycosylation of Rim21 at an Unconventional Site Fine-tunes Its Behavior in the Plasma Membrane. 査読有 *Cell Struct Funct.* 45(1):1-8. doi: 10.1247/csf.19021. (2020)

Okumura, F., Fujiki, Y., Oki, N., Osaki, K., Nishikimi, A., Fukui, Y., Nakatsukasa, K., and Kamura, T. Cul5-type Ubiquitin Ligase KLHDC1 Contributes to the Elimination of Truncated SELENOS Produced by Failed UGA/Sec Decoding. 査読有 *iScience.* 23(3):100970. doi: 10.1016/j.isci.2020.100970. (2020)

Obara, K., Higuchi, M., Ogura, Y., Nishimura, K., and Kamura, T. Rapid turnover of transcription factor Rim101

confirms a flexible adaptation mechanism against environmental stress in *Saccharomyces cerevisiae*. 査読有 *Genes Cells*. 25(10):651-662. doi: 10.1111/gtc.12801. (2020)

Nishimura, K., Yamada, R., Hagihara, S., Iwasaki, R., Uchida, N., Kamura, T., Takahashi, K., Torii, K., and Fukagawa, T. A super-sensitive auxin-inducible degron system with an engineered auxin-TIR1 pair. 査読有 *Nucleic Acids Res*. 48(18):e108. doi: 10.1093/nar/gkaa748. (2020)

Bulzu, P. A., Andrei, A. Ş., Salcher, M. M., Mehrshad, M., Inoue, K., Kandori, H., Béjà, O., Ghai, R. and Banciu, H. L. Casting light on Asgardarchaeota metabolism in a sunlit microoxic niche. 査読有 *Nature Microbiol*. 4, 1129-1137 (2019)

Tahara, S., Singh, M., Kuramochi, H., Shihoya, W., Inoue, K., Nureki, O., Béjà, O., Mizutani, Y., Kandori, H. and Tahara, T. Ultrafast dynamics of heliorhodopsins. 査読有 *J. Phys. Chem. B* 123, 2507-2512 (2019)

Nishimura, N., Mizuno, M., Kandori, H. and Mizutani, Y. Distortion and a strong hydrogen bond in the retinal chromophore enable sodium-ion transport by the sodium-ion pump KR2. 査読有 *J. Phys. Chem. B* 123, 3430-3440 (2019)

Inoue, K., Del Carmen Marín, M., Tomida, S., Nakamura, R., Nakajima, Y., Olivucci, M. and Kandori, H. Red-shifting mutation of light-driven sodium-pump rhodopsin. 査読有 *Nature Commun*. 10, 1993 (2019)

Yamauchi, Y., Konno, M., Yamada, D., Yura, K., Inoue, K., Béjà, O. and Kandori, H. Engineered functional recovery of microbial rhodopsin without retinal-binding lysine. 査読有 *Photochem. Photobiol*. 95 (5), 1116-1121 (2019)

Katayama, K., Nakamura, S., Sasaki, T., Imai, H. and Kandori, H. Role of Gln114 in spectral tuning of a long-wavelength sensitive visual pigment. 査読有 *Biochemistry* 58, 2944-2952 (2019)

Onoue, Y., Iwaki, M., Shinobu, A., Nishihara, Y., Iwatsuki, H., Terashima, H., Kitao, A., Kandori, H. and Homma, M. Essential ion binding residues for Na⁺ flow in stator complex of the *Vibrio* flagellar motor. 査読有 *Sci. Rep.* 9, 11216 (2019)

Morizumi, T., Ou, W. L., Van Eps, N., Inoue, K., Kandori, H., Brown, L. S. and Ernst, O. P. X-ray crystallographic structure and oligomerization of *Gloeobacter* Rhodopsin. 査読有 *Sci. Rep.* 9, 11283 (2019)

Katayama, K., Imai, H. and Kandori, H. FTIR study of S180A mutant of primate red-sensitive pigment. 査読有 *Chem. Lett*. 48, 1142-1144 (2019)

Kataoka, C., Inoue, K., Katayama, K., Béjà, O. and Kandori, H. Unique photochemistry observed in a new microbial rhodopsin. 査読有 *J. Phys. Chem. Lett*. 10, 5117-5121 (2019)

Shigemura, S., Hososhima, S., Kandori, H. and Tsunoda, S. P. Ion channel properties of a cation channelrhodopsin, Gt₂CCR4. 査読有 *Appl. Sci*. 9, 3440 (2019)

Shihoya, W., Inoue, K., Singh, M., Konno, M., Hososhima, S., Yamashita, K., Ikeda, K., Higuchi, A., Izume, T., Okazaki, S., Hashimoto, M., Mizutori, R., Tomida, S., Yamauchi, Y., Abe-Yoshizumi, R., Katayama, K., Tsunoda, S. P., Shibata, M., Furutani, Y., Pushkarev, A., Béjà, O., Uchihashi, T., Kandori, H. and Nureki, O. Crystal structure of heliorhodopsin. 査読有 *Nature* 574, 132-136 (2019)

Mizuno, M., Shimoo, Y., Kandori, H. and Mizutani, Y. Effect of a bound anion on the structure and dynamics of halorhodopsin from *Natronomonas pharaonica*. 査読有 *Struct. Dynamics* 6, 054703 (2019)

Singh, M., Katayama, K., Béjà, O. and Kandori, H. Anion binding to mutants of the Schiff base counterion in heliorhodopsin 48C12. 査読有 *Phys. Chem. Chem. Phys.* 21, 23663-23671 (2019)

Chang, C. F., Kuramochi, H., Singh, M., Abe-Yoshizumi, R., Tsukuda, T., Kandori, H. and Tahara, T. Acid-base equilibrium of the chromophore counterion results in distinct photoisomerization reactivity in the primary event of proteorhodopsin. 査読有 *Phys. Chem. Chem. Phys.* 21, 25728-25734 (2019)

Katayama, K., Suzuki, K., Suno, R., Tsujimoto, H., Iwata, S., Kobayashi, T. and Kandori, H. Ligand Binding-Induced Structural Changes in the M2 Muscarinic Acetylcholine Receptor Revealed by Vibrational

Spectroscopy. 査読有 *J. Phys. Chem. Lett.* 10, 7270-7276 (2019)

Otomo, A., Mizuno, M., Inoue, K., Kandori, H. and Mizutani, Y. Allosteric Communication with the Retinal Chromophore upon Ion Binding in a Light-Driven Sodium Ion-Pumping Rhodopsin. 査読有 *Biochemistry* 59, 520-529 (2020)

Inoue, K., Tsunoda, S. P., Singh, M., Tomida, S., Hososhima, S., Konno, M., Nakamura, R., Watanabe, H., Bulzu, P. A., Banciu, H. L., Andrei, A. Ş., Uchihashi, T., Ghai, R., Bèjà, O. and Kandori, H. Schizorhodopsins: A family of rhodopsins from Asgard archaea that function as light-driven inward H⁺ pumps. 査読有 *Science Adv.* 6, eaaz2441 (2020)

Iwaki, M., Refaeli, B., Dijk, L. van, Hiller, R., Giladi, M., Kandori, H. and Khananshvil, D. Structure-affinity insights into the Na⁺ and Ca²⁺ interactions with multiple sites of a sodium-calcium exchanger. 査読有 *FEBS J.* 287 (21), 4678-4695 (2020)

Tomida, S., Ito, S., Mato, T., Furutani, Y., Inoue, K. and Kandori, H. Infrared spectroscopic analysis on structural changes around the protonated Schiff base upon retinal isomerization in light-driven sodium pump KR2. 査読有 *Biochim. Biophys. Acta* 1861, 148190 (2020)

Sugiura, M., Tsunoda, S. P., Hibi, M. and Kandori, H. Molecular Properties of New Enzyme Rhodopsins with Phosphodiesterase Activity. 査読有 *ACS Omega.* 5, 10602-10609 (2020)

Harris, A., Lazaratos, M., Siemers, M., Watt, E., Hoang, A., Tomida, S., Schubert, L., Saita, M., Heberle, J., Furutani, Y., Kandori, H., Bondar, A. N. and Brown, L. S. Mechanism of Inward Proton Transport in an Antarctic Microbial Rhodopsin. 査読有 *J. Phys. Chem. B* 124, 4851-4872 (2020)

Inatsu, Y., Karasuyama, M., Inoue, K., Kandori, H. and Takeuchi, I. Active Learning of Bayesian Linear Models with High-Dimensional Binary Features by Parameter Confidence-Region Estimation. 査読有 *Neural Comput.* 32, 1998-2031 (2020)

Nagasaka, Y., Hososhima, S., Kubo, N., Nagata, T., Kandori, H., Inoue, K. and Yawo, H. Gate-keeper of ion transport—a highly conserved helix-3 tryptophan in a channelrhodopsin chimera, C1C2/ChRWR. 査読有 *Biophys. Physicobiol.* 17, 59-70 (2020)

Nonaka, Y., Hanai, S., Katayama, K., Imai, H. and Kandori, H. Unique Retinal Binding Pocket of Primate Blue-Sensitive Visual Pigment. 査読有 *Biochemistry* 59, 2602-2607 (2020)

Tanaka, T., Singh, M., Shihoya, W., Yamashita, K., Kandori, H. and Nureki, O. Structural basis for unique color tuning mechanism in heliorhodopsin. 査読有 *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 553, 262-267 (2020)

Katayama, K., Takeyama, Y., Enomoto, A., Imai, H. and Kandori, H. Disruption of Hydrogen-Bond Network in Rhodopsin Mutations Cause Night Blindness. 査読有 *J. Mol. Biol.* 432, 5378-5389 (2020)

Iwata, T., Yamada, D., Mikuni, K., Agata, K., Hitomi, K., Getzoff, E. D. and Kandori, H. ATP binding promotes light-induced structural changes to the protein moiety of Arabidopsis cryptochrome 1. 査読有 *Photochem. Photobiol. Sci.* 19 (10), 1326-1331 (2020)

Hashimoto, M., Katayama, K., Furutani, Y. and Kandori, H. Zinc Binding to Heliorhodopsin. *J.* 査読有 *Phys. Chem. Lett.* 11 (20), 8604-8609 (2020)

Ikuta, T., Shihoya, W., Sugiura, M., Yoshida, K., Watari, M., Tokano, T., Yamashita, K., Katayama, K., Tsunoda, S. P., Uchihashi, T., Kandori, H. and Nureki, O. Structural insights into the mechanism of rhodopsin phosphodiesterase. 査読有 *Nat. Commun.* 5605 (2020)

Konno, M., Yamauchi, Y., Inoue, K. and Kandori, H. Expression analysis of microbial rhodopsin-like genes in *Guillardia theta*. 査読有 *PLoS ONE* 15, 12, e0243387 (2020)

Tsunoda, S. P., Sugiura, M. and Kandori, H. Molecular Properties and Optogenetic Applications of Enzymehodopsins. 査読有 *Adv. Exp. Med. Biol.* 1293, 153-165 (2021)

- Hanai, S., Katayama, K., Imai, H. and Kandori, H. Light-induced difference FTIR spectroscopy of primate blue-sensitive visual pigment at 163 K. 査読有 *Biophys. Physicobiol.* 18, 40-49 (2021)
- Tashiro, R., Sushmita, K., Hososhima, S., Sharma, S., Kateriya, S., Kandori, H. and Tsunoda, S. P. Specific residues in the cytoplasmic domain modulate photocurrent kinetics of channelrhodopsin from *Klebsormidium nitens*. 査読有 *Commun. Biol.* 4, 235 (2021)
- Kataoka, C., Sugimoto, T., Shigemura, S., Katayama, K., Tsunoda, S. P., Inoue, K., Bèjà, O. and Kandori, H. TAT rhodopsin is a UV-dependent environmental pH sensor. 査読有 *Biochemistry* 60, 12, 899–907 (2021)
- Inoue, K., Karasuyama, M., Nakamura, R., Konno, M., Yamada, D., Mannen, K., Nagata, T., Inatsu, Y., Yawo, H., Yura, K., Beja, O., Kandori, H. and Takeuchi, I. Exploration of natural red-shifted rhodopsins using a machine learning-based Bayesian experimental design. 査読有 *Commun. Biol.* 4, 362 (2021)
- Oda, K., Nomura, T., Nakane, T., Yamashita, K., Inoue, K., Ito, S., Vierock, J., Hirata, K., Maturana, Andrés D., Katayama, K., Ikuta, T., Ishigami, I., Izume, T., Umeda, R., Eguma, R., Oishi, S., Kasuya, G., Kato, T., Kusakizako, T., Shihoya, W., Shimada, H., Takatsuji, T., Takemoto, M., Taniguchi, R., Tomita, A., Nakamura, R., Fukuda, M., Miyauchi, H., Lee, Y., Nango, E., Tanaka, R., Tanaka, T., Sugahara, M., Kimura, T., Shimamura, T., Fujiwara, T., Yamanaka, Y., Owada, S., Joti, Y., Tono, K., Ishitani, R., Hayashi, S., Kandori, H., Hegemann, P., wata, S., Kubo, M., Nishizawa, T. and Nureki, O. Time-resolved serial femtosecond crystallography reveals early structural changes in channelrhodopsin. 査読有 *Elife* 10, e62389 (2021)
- Suzuki, K., Katayama, K., Sumii, Y., Nakagita, T., Suno, R., Tsujimoto, H., Iwata, S., Kobayashi, T., Shibata, N. and Kandori, H. Vibrational Analysis of Acetylcholine Binding to the M2 Receptor. 査読有 *RSC Adv.* 11, 12559-12567 (2021)
- Higuchi, A., Shihoya, W., Konno, M., Ikuta, T., Kandori, H., Inoue, K. and Nureki, O. Crystal structure of schizorhodopsin reveals mechanism of inward proton pumping. 査読有 *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 118, 14, e2016328118 (2021)
- Sugimoto, T., Katayama, K. and Kandori, H. Role of Thr82 for the unique photochemistry of TAT rhodopsin. 査読有 *Biophys. Physicobiol.* in press (2021)
- Kano H, Toyama Y, Imai S, Iwahashi Y, Mase Y, Yokogawa M, Osawa M, Shimada I. Structural mechanism underlying G protein family-specific regulation of G protein-gated inwardly rectifying potassium channel 査読有 *Nature Commun.* 10, 1-13 (2019)
- Kato Y, Kunimasa K, Takahashi M, Harada A, Nagasawa I, Osawa M, Sugimoto Y, Tomida A. GZD824 Inhibits GCN2 and Sensitizes Cancer Cells to Amino Acid Starvation Stress 査読有 *Mol Pharmacol.* 98(6):669-676 (2020)
- Iwahashi Y, Toyama Y, Imai S, Itoh H, Osawa M, Inoue M, Shimada I. Conformational equilibrium shift underlies altered K⁺ channel gating as revealed by NMR 査読有 *Nature Commun.* 11(1):5168 (2020)
- Matsumura K, Shimomura T, Kubo Y, Oka T, Kobayashi N, Imai S, Yanase N, Akimoto M, Fukuda M, Yokogawa M, Ikeda K, Kurita J, Nishimura Y, Shimada I, Osawa M. Mechanism of hERG inhibition by gating-modifier toxin, APETx1, deduced by functional characterization 査読有 *BMC Mol. Cell Biol.* 22:3 (2021)
- Shimizu Y, Yonezawa T, Sakamoto J, Furuya T, Osawa M, Ikeda K. Identification of novel inhibitors of Keap1/Nrf2 by a promising method combining protein-protein interaction-oriented library and machine learning 査読有 *Sci. Rep.* 7420 (2021)
- Hasegawa, D., Ohnishi, Y., Koyama, E., Matsunaga, S., Ohtani, S., Nakanishi, A., Shiga, T., Chambers, J.K., Uchida, K., Yokoi, N., Fukata, Y. and Fukata, M. Deleted in colorectal cancer (netrin-1 receptor) antibodies and limbic encephalitis in a cat with hippocampal necrosis. 査読有 *J. Vet. Intern. Med.* 33, 1440-1445 (2019)
- Kanadome, T., Yokoi, N., Fukata, Y. and Fukata, M. Systematic Screening of Depalmitoylating Enzymes and Evaluation of Their Activities by the Acyl-PEGyl Exchange Gel-Shift (APEGS) Assay. 査読有 *Methods Mol. Biol.* 2009, 83-98 (2019)
- Boncompain, G., Herit, F., Tessier, S., Lescure, A., Del Nery, E., Gestraud, P., Staropoli, I., Fukata, Y., Fukata,

- M., Brelot, A., Niedergang, F. and Perez, F. Targeting CCR5 trafficking to inhibit HIV-1 infection. 査読有 *Science Adv.* 5, eaax0821 (2019)
- Cao, Y., Qiu, T., Kathayat, R., Azizi, S.A., Fukata, Y., Fukata, M., Rice, P., Dickinson, B.C. ABHD10 is an S-depalmitoylase affecting redox homeostasis through peroxiredoxin-5. 査読有 *Nature Chem. Biol.* 15, 1232-1240 (2019)
- Sada, R., Kimura, H., Fukata, Y., Fukata, M., Yamamoto, H. and Kikuchi, A. Dynamic palmitoylation determines microdomain localization of two DKK1 receptors, CKAP4 and LRP6, and regulates DKK1 signaling. 査読有 *Science Signaling* 12, eaat9519 (2019)
- Kornau, H.C., Kreye, J., Stumpf, A., Fukata, Y., Parthier, D., Sammons, R.P., Imbrosci, B., Kurpjuweit, S., Kowski, A.B., Fukata, M., Prüss, H, and Schmitz D. Human CSF monoclonal LGI1 autoantibodies increase neuronal excitability. 査読有 *Ann. Neurol.* 87, 405-418 (2020)
- Oda, Y., Sugawara, T., Fukata, Y., Izumi, Y., Otani, Y., Higashi, T., Fukata, M. and Furuse M. The extracellular domain of angulin-1 and palmitoylation of its cytoplasmic region are required for angulin-1 assembly at tricellular contacts. 査読有 *J. Biol. Chem.* 295, 4289-4302 (2020)
- Watanabe, H., Sano, H., Chiken, S., Kobayashi, K., Fukata, Y., Fukata, M., Mushiake, H. and Nambu, A. Forelimb movements evoked by optogenetic stimulation of the macaque motor cortex. 査読有 *Nature Commun.* 11, 3253 (2020)
- Nakamoto, C., Goto, Y., Tomizawa, Y., Fukata Y., Fukata, M., Harpsoe, K., Gloriam, D.E., Aoki, K. and Takeuchi T. A genetically encoded red fluorescence dopamine biosensor enables dual imaging of dopamine and norepinephrine. *bioRxiv* doi.org/10.1101/2020.05.25.115162. (2020)
- Kreye, J., Wright, S.K., van Casteren, A., Machule, M.L., Reincke, M.S., Nikolaus, M., Stöffler, L., van Hoof, S., Sanchez-Sendin, E., Kornau, H.C., Kaindl, A.M., Wilson, M.A., Greenhill, S., Woodhall, G., Turko, P., Vida, I., Garner, C.C., Wickel, J., Geis, C., Fukata, Y., Fukata, M. and Prüss, H. Encephalitis patient derived monoclonal GABA_A receptor antibodies cause catatonia and epileptic seizures. *bioRxiv* doi.org/10.1101/2021.01.28.428602. (2021)
- Yoshida, T., Yamagata, A., Imai, A., Kim, J., Izumi, H., Nakashima, S., Shiroshima, T., Maeda, A., Iwasawa-Okamoto, S., Azechi, K., Osaka, F., Saitoh, T., Maenaka, K., Shimada, T., Fukata, Y., Fukata, M., Matsumoto, J., Nishijo, H., Takao, K., Tanaka, S., Okabe, S., Tabuchi, K., Uemura, T., Mishina, M., Mori, H. and Fukai S. Canonical versus non-canonical transsynaptic signaling of neuroligin 3 tunes development of sociality in mice. 査読有 *Nature Commun.* 12, 1848 (2021)
- Fukata, Y., Chen, X., Chiken, S., Hirano, Y., Yamagata, A., Inahashi, H., Sanbo, M., Sano, H., Goto, T., Hirabayashi, M., Kornau, H.C., Prüss, H., Nambu, A., Fukai, S., Nicoll, R.A. and Fukata M. LGI1-ADAM22-MAGUK configures trans-synaptic nanoalignment for synaptic transmission and epilepsy prevention. 査読有 *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 118, e2022580118 (2021)
- Imai, S., Yokomizo, T., Kofuku, Y., Shiraiishi, Y., Ueda, T., Shimada, I. Structural equilibrium underlying ligand-dependent activation of β_2 -adrenoreceptor. 査読有 *Nature Chem. Biol.* 16, 430-439 (2020)
- Mizumura, T., Kondo, K., Kofuku, Y., Natsume, M., Imai, S., Ueda, T., Shimada, I. Activation of adenosine A_{2A} receptor by lipids from docosahexaenoic acid revealed by NMR. 査読有 *Science Adv.* 6, eaay8544 (2020)
- Yamada M, Nagasaki SC, Ozawa T, and Imayoshi I. Light-mediated Control of Gene Expression in Mammalian Cells. 査読有 *Neurosci. Res.* 152, 66-77 (2020)
- Petrungaro, G., Uriu, K. and Morelli, L.G. Synchronization dynamics of mobile oscillators in the presence of coupling delays. 査読有 *Phys. Rev. E* 99, 062207 (2019)
- Uriu, K., Liao, B.K., Oates, A.C. and Morelli, L.G. From local resynchronization to global pattern recovery in the zebrafish segmentation clock. 査読有 *Elife* 10, e61358 (2021)
- Uriu, K. and Tei, H. Complementary phase responses via functional differentiation of dual negative feedback loops. 査読有 *PLoS Comput. Biol.* 17, e1008774 (2021)

- Liu, C., Trush, O., Han, X., Wang, M., Takayama, R., Yasugi, T., Hayashi, T., Sato, M. Dscam1 establishes the columnar units through lineage-dependent repulsion between sister neurons in the fly brain. 査読有 *Nature Commun.* 11 4067 (2020)
- Ziang, M., Nagaosa, K., Nakai, Y., Yasugi, T., Kushihiki, M., Rahmatika, D., Sato, M., Shiratsuchi, A., Nakanishi, Y. Role for phagocytosis in the prevention of neoplastic transformation in *Drosophila*. 査読有 *Genes to Cells* 25(10) 675-684 (2020)
- Ei, S.-I., Ishii, H., Sato, M., Tanaka, Y., Wang, M., Yasugi, T. A continuation method for spatially discretized models with nonlocal interactions conserving size and shape of cells and lattices. 査読有 *Journal of Mathematical Biology* 81(4-5) 981-1028 (2020)
- Wang, M., Han, X., Liu, C., Takayama, R., Yasugi, T., Ei, S.-I., Nagayama, M., Tanaka Y., Sato, M. Intracellular trafficking of Notch orchestrates temporal dynamics of Notch activity in the fly brain. 査読有 *Nature Commun.* 12 2083 (2021)
- Magi, S., Ki, S., Ukai, M., Hüttinger, E.D., Naito, A.T., Suzuki, Y., Okada M. Mathematical modeling and transcriptome identifying multiple trajectories for resistant subtypes in tamoxifen-treated breast cancer cells. DOI: 10.21203/rs.3.rs-136924/v1
- Nishio, M., Miyachi, Y., Otani, J., Tane, S., Omori, H., Ueda, F., Togashi, H., Sasaki, T., Mak, TW., Nakao, K., Fujita, Y., Nishina, H., Maehama, T., and Suzuki, A. Hippo pathway controls cell adhesion and context-dependent cell competition to influence skin engraftment efficiency 査読有 *The FASEB Journal* 33, 5548-5560 (2019)
- Kato, W., Nishio, M., To, Y., Togashi, H., Mak, TW., Takada, H., Ohga, S., Maehama., T., and Suzuki, A. MOB 1 regulates thymocyte egress and T cell survival in mice in a YAP 1-independent manner. 査読有 *Genes to Cells.* 24, 485-495 (2019)
- Carrillo, JA., Murakawa, H., Sato, M., Togashi, H., and Trush, O. A population dynamics model of cell-cell adhesion incorporating population pressure and density saturation. 査読有 *J. Theor. Biol.* 474, 14-24 (2019)
- Mohammad, RZ., Murakawa, H., Svadlenka, K., and Togashi, H. A level set-based approach for modeling cellular rearrangements in tissue morphogenesis. Research Square, Pre-print (2020)
- Sato, M., Miyata, K., Tian, Z., Kadomatsu, T., Ujihara, Y., Morinaga, J., Horiguchi, H., Endo, M., Zhao, J., Zhu, S., Sugizaki, T., Igata, K., Muramatsu, M., Minami, T., Ito, T., Bianchi, M.E., Mohri, S., Araki, K., Node, K., and Oike, Y. Loss of Endogenous HMGB2 Promotes Cardiac Dysfunction and Pressure Overload-Induced Heart Failure in Mice. 査読有 *Circ.J.* 83, 368-78 (2019)
- Minami, T., Muramatsu, M., and Kume, T. Organ/Tissue-Specific Vascular Endothelial Cell Heterogeneity in Health and Disease. 査読有 *Biol. Pharma. Bull.* 42, 1609-19 (2019)
- Muramatsu, M., Nakagawa, S., Osawa, T., Toyono, T., Uemura, A., Kidoya, H., Takakura, N., Usui, T., Ryeom, S., and Minami, T. Loss of Down Syndrome Critical Region-1 Mediated-Hypercholesterolemia Accelerates Corneal Opacity Via Pathological Neovessel Formation. 査読有 *Arterio.Thromb.Vasc.Biol.* 40, 2425-39 (2020)
- Masashi Muramatsu, Takeshi Ito, Hokuto Shimoji, Miko Komiya, Yuri Miyamura, Koichi Nishiyama, Takashi Suzuki, Takashi Minami. NFAT indicates nucleocytoplasmic damped oscillation via its feedback modulator. 査読有 *Biochem Biophys Res Commun.* 2021 Sep 24;571:201-209. Doi: 10.1016/j.bbrc.2021.07.072. (2021)
- Muramatsu, M., Osawa, T., Miyamura, Y., Nakagawa, S., Tanaka, T., Kodama, T., Aburatani, H., Sakai, J., Ryeom, S. and Minami, T. Loss of Down syndrome critical region-1 leads to cholesterol metabolic dysfunction that exaggerates hypercholesterolemia in ApoE-null background. 査読有 *J.Biol.Chem.* (in press)
- Ohguchi, H., Park-P, M.C., Wang, T., Gryder, B. E., Ogiya, D., Kurata, K., Zhang, X., Li, D., Pei, C., Masuda, T., Johansson, C., Wimalasena, V. K., Kim, Y., Hino, S., Usuki, S., Kawano, Y., Samur, M.K., Tai, Yu-Tzu., Munshi, N. C., Matsuoka, M., Ohtsuki, S., Nakao, M., Minami, T., Lauberth, S., Khan, J., Oppermann, U., Durbin, A.D., Anderson, K.C., Hideshima, T., and Qi, J. Lysine Demethylase 5A is Required for MYC Driven Transcription in Multiple Myeloma. 査読有 *Blood Cancer Discovery* (in press).

Takagi, A., Isomura, A., Yoshioka-Kobayashi, K., Kageyama, R. Dynamic Delta-like1 expression in presomitic mesoderm cells during somite segmentation. 査読有 *Gene Expression Patterns* 35, 119094 (2020)

Yoshioka-Kobayashi, K., Matsumiya, M., Niino, Y., Isomura, A., Kori, H., Miyawaki, A., Kageyama, R. Coupling delay controls synchronized oscillation in the segmentation clock. 査読有 *Nature* 580, 119 – 12 (2020)

Takashi, Y., Kosako, H., Sawatsubashi, S., Kinoshita, Y., Ito, N., Tsoumpra, M.K., Nangaku, M., Abe, M., Matsuhisa, M., Kato, S., Matsumoto, T. and Fukumoto, S. Activation of unliganded FGF receptor by extracellular phosphate potentiates proteolytic protection of FGF23 by its O-glycosylation. 査読有 *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 116, 11418-11427 (2019)

Koyano, F., Yamano, K., Kosako, H., Tanaka, K. and Matsuda, N. Parkin recruitment to impaired mitochondria for nonselective ubiquitylation is facilitated by MITOL. 査読有 *J. Biol. Chem.* 294, 10300-10314 (2019)

Yoshinaka, T., Kosako, H., Yoshizumi, T., Furukawa, R., Hirano, Y., Kuge, O., Tamada, T. and Koshiba, T. Structural basis of mitochondrial scaffolds by Prohibitin complexes: insight into a role of the coiled-coil region. 査読有 *iScience* 19, 1065-1078 (2019)

Koyano, F., Yamano, K., Kosako, H., Kimura, Y., Kimura, M., Fujiki, Y., Tanaka, K. and Matsuda, N. Parkin-mediated ubiquitylation redistributes MITOL/March5 from mitochondria to peroxisomes. 査読有 *EMBO Rep.* 20, e47728 (2019)

Yokoyama, T., Yukuhiro, M., Iwasaki, Y., Tanaka, C., Sankoda, K., Fujiwara, R., Shibuta, A., Higashi, T., Motoyama, K., Arima, H., Yoshida, K., Sugimoto, N., Morimoto, H., Kosako, H., Ohshima, T. and Fujita, M. Identification of candidate molecular targets of the novel antineoplastic antimetabolic NP-10. 査読有 *Sci. Rep.* 9, 16825 (2019)

Ohigashi, I., Tanaka, Y., Kondo, K., Fujimori, S., Kondo, H., Palin, A.C., Hoffmann, V., Kozai, M., Matsushita, Y., Uda, S., Motosugi, R., Hamazaki, J., Kubota, H., Murata, S., Tanaka, K., Katagiri, T., Kosako, H. and Takahama, Y. Trans-omics impact of thymoproteasome in cortical thymic epithelial cells. 査読有 *Cell Rep.* 29, 2901-2916.e6 (2019)

Kitakaze, K., Taniuchi, S., Kawano, E., Hamada, Y., Miyake, M., Oyadomari, M., Kojima, H., Kosako, H., Kuribara, T., Yoshida, S., Hosoya, T. and Oyadomari, S. Cell-based HTS identifies a chemical chaperone for preventing ER protein aggregation and proteotoxicity. 査読有 *eLife* 8, e43302 (2019)

Yamazaki, H., Kosako, H. and Yoshimura, S.H. Quantitative proteomics indicate a strong correlation of mitotic phospho-/dephosphorylation with non-structured regions of substrates. 査読有 *Biochim. Biophys. Acta Proteins Proteom.* 1868, 140295 (2020)

Kondo, H., Matsumura, T., Kaneko, M., Inoue, K., Kosako, H., Ikawa, M., Takahama, Y. and Ohigashi, I. PITHD1 is a proteasome-interacting protein essential for male fertilization. 査読有 *J. Biol. Chem.* 295, 1658-1672 (2020)

Kido, K., Yamanaka, S., Nakano, S., Motani, K., Shinohara, S., Nozawa, A., Kosako, H., Ito, S. and Sawasaki, T. AirID, a novel proximity biotinylation enzyme, for analysis of protein-protein interactions. 査読有 *eLife* 9, e54983 (2020)

Hashimoto, E., Okuno, S., Hirayama, S., Arata, Y., Goto, T., Kosako, H., Hamazaki, J. and Murata, S. Enhanced O-GlcNAcylation mediates cytoprotection under proteasome impairment by promoting proteasome turnover in cancer cells. 査読有 *iScience* 23, 101299 (2020)

Motani, K. and Kosako, H. BioID screening of biotinylation sites using the avidin-like protein Tamavidin 2-REV identifies global interactors of stimulator of interferon genes (STING). 査読有 *J. Biol. Chem.* 295, 11174-11183 (2020)

Okumoto, K., El Shermely, M., Natsui, M., Kosako, H., Natsuyama, R., Marutani, T. and Fujiki, Y. The peroxisome counteracts oxidative stresses by suppressing catalase import via Pex14 phosphorylation. 査読有 *eLife* 9, e55896 (2020)

Chida, J., Hara, H., Uchiyama, K., Takahashi, E., Miyata, H., Kosako, H., Tomioka, Y., Ito, T., Horiuchi, H., Matsuda, H., Kido, H. and Sakaguchi, S. Prion protein signaling induces M2 macrophage polarization and protects from lethal influenza infection in mice. 査読有 *PLoS Pathog.* 16, e1008823 (2020)

Yamashita, K., Tamura, S., Honsho, M., Yada, H., Yagita, Y., Kosako, H. and Fujiki, Y. Mitotic phosphorylation of Pex14p regulates peroxisomal import machinery. 査読有 *J. Cell Biol.* 219, e202001003 (2020)

Kojima, W., Yamano, K., Kosako, H., Imai, K., Kikuchi, R., Tanaka, K. and Matsuda, N. Mammalian BCAS3 and C16orf70 associate with the phagophore assembly site in response to selective and non-selective autophagy. 査読有 *Autophagy* 1-26 (2021)

Takehara, Y., Yashiroda, H., Matsuo, Y., Zhao, X., Kamigaki, A., Matsuzaki, T., Kosako, H., Inada, T. and Murata, S. The ubiquitination-deubiquitination cycle on the ribosomal protein eS7A is crucial for efficient translation. 査読有 *iScience* 24, 102145 (2021)

Maruoka, M., Zhang, P., Mori, H., Imanishi, E., Packwood, D.M., Harada, H., Kosako, H. and Suzuki, J. Caspase cleavage releases a nuclear protein fragment that stimulates phospholipid scrambling at the plasma membrane. 査読有 *Mol. Cell* 81, 1397-1410 (2021)

Sasai, M., Ma, J.S., Okamoto, M., Nishino, K., Nagaoka, H., Takashima, E., Pradipta, A., Lee, Y., Kosako, H., Suh, P.G. and Yamamoto, M. Uncovering a novel role of PLCb4 in selectively mediating TCR signaling in CD8⁺ but not CD4⁺ T cells. 査読有 *J. Exp. Med.* 218, e20201763 (2021)

Pradipta, A., Sasai, M., Motani, K., Ma, J.S., Lee, Y., Kosako, H. and Yamamoto, M. Cell-autonomous *Toxoplasma* killing program requires Irgm2 but not its microbe vacuolar localization. 査読有 *Life Sci. Alliance* 4, in press (2021)

Daijiro Konno, Chiaki Kishida, Kazumitsu Maehara, Yasuyuki Ohkawa, Hiroshi Kiyonari, Seiji Okada, Fumio Matsuzaki. Dmrt factors determine the positional information of cerebral cortical progenitors via differential suppression of homeobox genes. 査読有 *Development* 146(15) (2019)

Mohamed Osama Ali Abdalla, Tatsuro Yamamoto, Kazumitsu Maehara, Jumpei Nogami, Yasuyuki Ohkawa, Hisashi Miura, Rawin Poonperm, Ichiro Hiratani, Hideki Nakayama, Mitsuyoshi Nakao, Noriko Saitoh. The Eleanor ncRNAs activate the topological domain of the ESR1 locus to balance against apoptosis. 査読有 *Nature Commun.* 10(1) 3778-3778 (2019)

Shoko Sato, Yasuhiro Arimura, Tomoya Kujirai, Akihito Harada, Kazumitsu Maehara, Jumpei Nogami, Yasuyuki Ohkawa, Hitoshi Kurumizaka. Biochemical analysis of nucleosome targeting by Tn5 transposase. 査読有 *Open biology* 9(8) 190116-190116 (2019)

Sumiaki Fukuda, Akihiro Kaneshige, Takayuki Kaji, Yu-Taro Noguchi, Yusei Takemoto, Lidan Zhang, Kazutake Tsujikawa, Hiroki Kokubo, Akiyoshi Uezumi, Kazumitsu Maehara, Akihito Harada, Yasuyuki Ohkawa, So-Ichiro Fukada. Sustained expression of HeyL is critical for the proliferation of muscle stem cells in overloaded muscle. 査読有 *eLife* 8 (2019)

Hanna Witwicka, Jumpei Nogami, Sabriya A Syed, Kazumitsu Maehara, Teresita Padilla-Benavides, Yasuyuki Ohkawa, Anthony N Imbalzano. Calcineurin Broadly Regulates the Initiation of Skeletal Muscle-Specific Gene Expression by Binding Target Promoters and Facilitating the Interaction of the SWI/SNF Chromatin Remodeling Enzyme. 査読有 *Molecular and Cellular Biology* 39(19) (2019)

Masahiro Oka, Sonoko Mura, Mayumi Otani, Yoichi Miyamoto, Jumpei Nogami, Kazumitsu Maehara, Akihito Harada, Taro Tachibana, Yoshihiro Yoneda, Yasuyuki Ohkawa. Chromatin-bound CRM1 recruits SET-Nup214 and NPM1c onto HOX clusters causing aberrant HOX expression in leukemia cells. 査読有 *eLife* 8 (2019)

Tetsuya Handa, Akihito Harada, Kazumitsu Maehara (共同筆頭), Shoko Sato, Masaru Nakao, Naoki Goto, Hitoshi Kurumizaka, Yasuyuki Ohkawa, Hiroshi Kimura. Chromatin integration labeling for mapping DNA-binding proteins and modifications with low input. 査読有 *Nature Protocols* 15(10) 3334-3360 (2020)

Qianmei Wu, Takeru Fujii, Akihito Harada, Kosuke Tomimatsu, Atsuko Miyawaki-Kuwakado, Masatoshi Fujita, Kazumitsu Maehara, Yasuyuki Ohkawa. Genome-wide analysis of chromatin structure changes upon MyoD

binding in proliferative myoblasts during the cell cycle. 査読有 *Journal of Biochemistry* (2021)

Sjoerd J D Tjalsma, Mayako Hori, Yuko Sato, Aurelie Bousard, Akito Ohi, Ana Cláudia Raposo, Julia Roensch, Agnes Le Saux, Jumpei Nogami, Kazumitsu Maehara, Tomoya Kujirai, Tetsuya Handa, Sandra Bagés-Arnal, Yasuyuki Ohkawa, Hitoshi Kurumizaka, Simão Teixeira da Rocha, Jan J Żylicz, Hiroshi Kimura, Edith Heard. H4K20me1 and H3K27me3 are concurrently loaded onto the inactive X chromosome but dispensable for inducing gene silencing. 査読有 *EMBO Reports* 22(3) e51989 (2021)

Hiroaki Tachiwana, Mariko Dacher, Kazumitsu Maehara, Akihito Harada, Yosuke Seto, Ryohei Katayama, Yasuyuki Ohkawa, Hiroshi Kimura, Hitoshi Kurumizaka, Noriko Saitoh. Chromatin structure-dependent histone incorporation revealed by a genome-wide deposition assay. 査読有 *eLife* 10:e66290, (2021)

Kazumitsu Maehara, Kosuke Tomimatsu, Akihito Harada, Kaori Tanaka, Shoko Sato, Seiji Okada, Tetsuya Handa, Hitoshi Kurumizaka and Hiroshi Kimura. Modeling population size independent tissue epigenomes by ChIL-seq with single-thin section. 査読有 *Molecular Systems Biol.* in press.

Takeru Fujii, Kazumitsu Maehara, Masatoshi Fujita, Yasuyuki Ohkawa. Discriminative feature of cells characterizes cell populations of interest by a small subset of genes. 査読有 *PLoS Comp. Biol.* in press.

(2) 学会発表

【計画研究】

Mutsuhiro Takekawa. MCRIP1, a novel ERK substrate, mediates ERK-induced epigenetic gene silencing during epithelial-to-mesenchymal transition. 15th Karolinska Institute Cancer Retreat, 2016/9/26-27, Stockholm, Sweden.

Mutsuhiro Takekawa. Regulation of cell-fate decisions by MAPK signaling pathways and its failure in cancer. OIST seminar 2016年4月6日 OIST, 沖縄

武川睦寛. ストレス顆粒形成によるストレス誘導アポトーシスの制御と活性酸素によるその破綻 第67回日本電気泳動学会総会 特別講演 2016/8/27-28, 釧路

武川睦寛. TIA1 oxidation inhibits stress granule assembly and sensitizes cells to stress-induced apoptosis. 第一回 RNA 顆粒/RNA タンパク質複合体研究会 2016/07/16-17, 岡崎

武川睦寛. MAP キナーゼ情報伝達経路の活性制御機構と疾患. 東京医科歯科大学大学院セミナー 2016年6月17日 東京

武川睦寛. MAP キナーゼ情報伝達経路の活性制御機構と疾患. 第53回日本臨床分子医学会学術集会シンポジウム 2016/4/15-16, 東京

武川睦寛. フィードバック・リン酸化による ERK シグナルと発癌の制御. 第39回日本分子生物学会年会シンポジウム 2016/11/30-12/02, 横浜

武川睦寛. Dysregulation of cell signaling pathways in cancer. 第75回日本癌学会学術総会「がん研究入門コース1」教育講演、2016/10/6-8, 横浜

武川睦寛. ストレス顆粒形成によるストレス応答の制御と疾患. Science Medical Frontier Forum 2016年12月8日 品川

Moriizumi Hisashi, Takanori Nakamura and Mutsuhiro Takekawa. Functional analysis of feedback-phosphorylation of MKK4 by MAPKs. 第75回日本癌学会学術総会. 2016/10/6-8, 横浜

Naoki Hijiya, Yoshiyuki Tsukamoto, Chisato Nakata, Tomoki Kai, Keiko Matsuura, Masafumi Inomata, Kuniaki Shirao, Hiromu Mori, Masao Seto, Masahiro Aoki, Mutsuhiro Takekawa and Masatsugu Moriyama. DUSP4 の発現低下は腭上皮内癌から浸潤癌への進展に参与する. 第75回日本癌学会学術総会. 2016/10/6-8, 横浜

Takanori Nakamura and Mutsuhiro Takekawa. Molecular mechanisms that maintain the numerical integrity of centrosomes. American Society of Cell Biology (ASCB) annual meeting. 2016/12/3-7, San Francisco, USA.

Moriizumi Hisashi, Takanori Nakamura and Mutsuhiro Takekawa. Functional analysis of feedback-phosphorylation of MKK4 by MAPKs. IARU International Symposium of Aging, longevity and Health. 2016/9/26, 東京

守山正胤、泥谷直樹、塚本善之、柴田浩平、猪股雅史、森宣、白尾國昭、竹内一郎、瀬加大、青木正博、武川睦寛. 腭上皮内癌が浸潤癌へ進展するメカニズムの解明. 第 27 回日本消化器癌発生学会総会 2016/9/15-16, 鹿児島

木下英司、木下恵美子、久保田裕二、武川睦寛. 小池透フォスタグ技術とプロテオミクス情報を活用した細胞内 MEK1 リン酸化ダイナミクスのプロファイリング. 第 39 回日本分子生物学会年会. 2016/11/30-12/2, 横浜

Zizheng Li and Mutsuhiro Takekawa. Comprehensive analysis of stress granule components. IMSUT G2 retreat. 2016/11/14-15, 千葉

Yuta Nakano and Mutsuhiro Takekawa. Identification of ERK-inducible long non-coding RNAs that are highly expressed in cancer. IMSUT G2 retreat. 2016/11/14-15, 千葉

Zizheng Li and Mutsuhiro Takekawa. Comprehensive analysis of stress granule components. 第 9 回 CBMS 英語論文発表会. 2016/7/25, 東京

Mayu Sugisaki and Mutsuhiro Takekawa. Molecular mechanism by which PLK4 is recruited to centrosomes. 第 9 回 CBMS 英語論文発表会. 2016/7/25, 東京

西住（渡海）紀子、中村貴紀、武川睦寛. ストレス応答 MAPK 経路依存的に発現調節される miRNA の同定. 第 39 回日本分子生物学会年会 2016 年 11 月 30 日、横浜

大江星菜、久保田裕二、武川睦寛. 酵母 Three Hybrid 法による新規 ERK 基質分子の同定と生理機能の解明. 第 39 回日本分子生物学会年会 2016 年 11 月 30 日、横浜

木下英司、木下恵美子、久保田裕二、武川睦寛、小池透. フォスタグ技術とプロテオミクス情報を活用した細胞内 MEK1 リン酸化ダイナミクスのプロファイリング. 第 39 回日本分子生物学会年会 2016 年 11 月 30 日、横浜

高木祐輔、久保田裕二、川邊庸介、武川睦寛. ERK 経路の異常活性化により発現変化する新規遺伝子の機能解析. 第 53 回日本臨床分子医学会学術集会 2016 年 4 月 16 日、東京

川邊庸介、久保田裕二、武川睦寛. 新規 ERK 応答性 long non-coding RNA の同定およびその機能解析. 第 53 回日本臨床分子医学会学術集会 2016 年 4 月 16 日、東京

Yusuke Takagi, Yuji Kubota, Masaaki Oyama, Hiroko Kozuka-Hata, Mutsuhiro Takekawa. Identification of a novel gene that is induced by hyperactivation of the ERK pathway. 平成 28 年度医科学研究所 研究成果発表会 2016 年 6 月 4 日

Moe Matsushita, Takanori Nakamura and Mutsuhiro Takekawa. Identification of a novel redox-sensor that mediates activation of stress-responsive MAPK pathways. 平成 28 年度医科学研究所 研究成果発表会 2016 年 6 月 4 日

石谷隆一郎. 膜輸送体の分子メカニズム・アミノ酸排出輸送体の機能構造解析 (1AS14 次世代構造生物学へ向けて). 分子生物学会第 39 回年会 2016 年

上野 匡. アクチン骨格の制御・可視化による細胞機能の理解. 第 9 回ナノバイオネットワークシンポジウム 2016 年

井上 大輝、上野 匡、浦野 泰照. 可視光領域で機能する Activatable 型の新規光反応性基の開発. 第 14 回次世代を担う若手のためのフィジカル・ファーマフォーラム 2016 年

石谷隆一郎. 膜輸送体の分子メカニズム・アミノ酸排出輸送体の機能構造解析 (IAS14 次世代構造生物学へ向けて). 分子生物学会第39回年会 2016年

Mutsuhiro Takekawa. Aberrant post-translational modifications of the MEK MAPKK in cancer. OIST seminar, 2017/2/22, OIST, 沖縄

Takekawa M. Aberrant regulation of MAPK signaling pathways in cancer. The 48th international symposium of the Princess Takamatsu cancer research fund, Tokyo (Japan), 2017.11.7-9

武川睦寛 数理解析に基づく MAPK シグナルと生命機能制御機構の解明 札幌医科大学医学部同窓会・学術講演会 2017.7.8、札幌.

武川睦寛 数理解析を活用した生命・医科学研究 数学教育学会 2017 夏季研究会、2017.7.29、東京.

武川睦寛 数理解析を活用した中心体複製制御機構の解明 2017 年度生命科学系学会合同年次大会 (ConBio2017) ワークショップ、2017.12.6. 神戸

武川睦寛 数理解析を活用した中心体複製制御機構の解明 第1回 MMDS/IMSUT/CBM 合同ワークショップ、2018.2.3. 大阪

武川睦寛 ERK シグナルによる癌抑制遺伝子のエピゲノム・サイレンシングと発がん 東京生化学研究会 2017 年度研究報告会、2018.3.2 東京

Yuji Kubota, Ko Fujioka and Mutsuhiro Takekawa. A novel method for the detection of O-GlcNAc-modified proteins: WGA-based lectin affinity gel electrophoresis (WGA-SDS-PAGE). プロテイン・アイランド松山、2017.9.13 愛媛大学

Daichi Fujikawa, Takanori Nakamura and Mutsuhiro Takekawa. Comprehensive analysis of stress granule components CIMR (Cambridge Institute for Medical Research)-University of Tokyo Student Symposium 2017, 2017.9.18, Cambridge, UK

Daichi Fujikawa, Takanori Nakamura and Mutsuhiro Takekawa. Comprehensive analysis of stress granule components. Dundee-Tokyo PhD Student Symposium 2017, 2017.9.22, Dundee, UK

Hisashi Moriizumi, Takanori Nakamura and Mutsuhiro Takekawa. Functional analysis of feedback-phosphorylation of MKK4 by MAPKs. AACR Annual Meeting 2017, 2017.4.1-5., Washington D.C., USA

Yuji Kubota, Ko Fujioka and Mutsuhiro Takekawa. A novel method for the detection of O-GlcNAc-modified proteins: WGA-based lectin affinity gel electrophoresis (WGA-SDS-PAGE) プロテイン・アイランド松山、2017.9.13., 愛媛

Takanori Nakamura and Mutsuhiro Takekawa The molecular mechanisms that maintain the numerical integrity of centrosomes under stress. EMBO Conference "Centrosomes and Spindle Pole Bodies", 2017.9.24-27., Heidelberg, Germany.

Jane Weng, Takanori Nakamura and Mutsuhiro Takekawa. Functional analysis of a novel ERK substrate, MCRIP1. 24th East Asia Joint Symposium on Biomedical Research, 2017.10.17-18, Ohtsu, Japan.

Jane Weng, Takanori Nakamura and Mutsuhiro Takekawa. Epigenetic regulation of pulmonary surfactant protein expression by MCRIP1: a novel mouse model for respiratory distress syndrome 12th International Symposium of the institute Network, 2017.11.28-29. Tokyo

中村貴紀、西住(渡海)紀子、中澤嵩、鈴木貴、武川睦寛. 中心体複製開始を司る PLK4 中心体局在機構の解. 2017 年度生命科学系学会合同年次大会 (ConBio2017)、2017.12.9. 神戸

Moe Matsushita, Takanori Nakamura and Mutsuhiro Takekawa. Identification of a novel redox-sensor that mediates delayed activation of stress-responsive MAPKs by oxidative stress. G2 リトリート、2017.9.25-26. 検見川

Sae Uchida, Yuji Kubota, Mutsuhiro Takekawa. Identification and phosphorylation analysis of a novel MAPK substrate G2 リトリート、2017.9.25-26. 検見川

藤川大地、中村貴紀、武川睦寛 ストレス顆粒の形成機構および生理機能の解明. 新学術領域研究

数理シグナル 第1回若手ワークショップ、2017.8.6-8. 静岡

森泉寿士、中村貴紀、武川睦寛. 癌抑制遺伝子 MKK4 のフィードバック・リン酸化の機能解析. 新学術領域研究 数理シグナル 第1回若手ワークショップ、2017.8.6-8. 静岡

久保田裕二、武川睦寛. 癌および先天性 Ras/MAPK 症候群における MEK 変異体の異常活性化機構の解明と特異的阻害剤の同定. 新学術領域研究 数理シグナル 第1回若手ワークショップ、静岡、2017.8.6-8.

広瀬思帆、久保田裕二、武川睦. ERK 経路の異常活性化に伴いエクソソーム中に蓄積する「がん特異的 miRNA」の同定およびその早期診断マーカーとしての応用. GLAFS 研究進捗状況報告会、静岡、2017年8月

Shiho Hirose, Yuji Kubota and Mutsuhiro Takekawa. Early Cancer Diagnosis. GLAFS 研究進捗状況報告会 (Core Seminar Presentation), 東京、2018年2月

藤岡興、久保田裕二、武川睦寛. 蛋白質 O-GlcNAc 化による MAPK 経路の新たな制御メカニズムの解明 第54回日本臨床分子医学会学術集会、東京、2017.4.14-15

中野雄太、久保田裕二、武川睦寛. ERK シグナルの異常活性化によって発現誘導される長鎖非コード RNA の同定 第54回日本臨床分子医学会学術集会、東京、2017.4.14-15

Seina Ohe, Yuji Kubota and Mutsuhiro Takekawa. Identification of novel ERK substrates by yeast three hybrid screening. 東京大学生命科学シンポジウム、東京、2017年4月

Hisashi Moriizumi, Takanori Nakamura and Mutsuhiro Takekawa. Functional analysis of feedback-phosphorylation of MKK4 by MAPKs. 第76回日本癌学会学術総会、横浜、2017.9.28-30

Yusuke Takagi, Yuji Kubota and Mutsuhiro Takekawa. Identification of a novel protein that is induced by hyperactivation of the ERK pathway. 第76回日本癌学会学術総会、横浜、2017.9.29

Ko Fujioka, Yuji Kubota and Mutsuhiro Takekawa. Analysis of a novel O-GlcNAc protein involved in the MAPK pathway. 第76回日本癌学会学術総会、横浜、2017.9.28-30

Yuji Kubota, Tomoyuki Tsuchiya and Mutsuhiro Takekawa. Negative regulation of the ERK pathway by caspase-mediated cleavage of MEK1 during apoptosis. 第76回日本癌学会学術総会、横浜、2017.9.28-30

松下萌恵、中村貴紀、武川睦寛. ストレス応答キナーゼ MTK1 による新たなストレス感知・応答機構. 2017年度生命科学系学会合同年次大会 (ConBio2017)、神戸、2017.12.6.

高木祐輔、久保田裕二、武川睦寛. ERK 経路の異常活性化により発現が亢進する新規遺伝子の同定と機能解析. 2017年度生命科学系学会合同年次大会 (ConBio2017)、神戸、2017.12.6.

中野雄太、久保田裕二、武川睦寛. ERK 経路の異常活性化によって発現誘導される長鎖非コード RNA の同定と機能解析. 2017年度生命科学系学会合同年次大会 (ConBio2017)、神戸、2017.12.6.

久保田裕二、藤岡興、武川睦寛. 蛋白質 O-GlcNAc 化を定量的かつ簡便に検出する新たな解析方法の開発. 2017年度生命科学系学会合同年次大会 (ConBio2017)、神戸、2017.12.7.

渡海紀子、中村貴紀、武川睦寛. ストレス応答 MAPK 経路によって制御される miRNA の機能解析. 2017年度生命科学系学会合同年次大会 (ConBio2017)、神戸、2017.12.7.

中村貴紀、西住(渡海)紀子、中澤嵩、鈴木貴、武川睦寛. 中心体複製開始を司る PLK4 中心体局在機構の解明. 2017年度生命科学系学会合同年次大会 (ConBio2017)、神戸、2017.12.8

Jane Weng、中村貴紀、武川睦寛. 新規 ERK 基質分子 MCRIP1 の生理機能解析. 2017年度生命科学系学会合同年次大会 (ConBio2017)、神戸、2017.12.8.

森泉寿士、中村貴紀、武川睦寛. 癌抑制遺伝子 MKK4 のフィードバック・リン酸化の機能解析 第1回 MMDS、医科学研究所、新領域創成科学研究科合同ワークショップ、大阪、2018.2.3.

久保田裕二、武川睦寛. フィードバック・リン酸化による ERK シグナル制御機構の数理シミュレー

ション解析. 第 1 回 MMDS、医科学研究所、新領域創成科学研究科合同ワークショップ, 大阪, 2018.2.3.

森泉寿士, 中村貴紀, 武川睦寛. 癌抑制遺伝子MKK4のフィードバック・リン酸化の機能解析.新学術領域 数理シグナル 第二回 公開シンポジウム, 東京, 2018. 2.10.

上野 匡. 生細胞におけるアクチン骨格の制御・可視化による機能の理解. 第一回公開シンポジウム「数理シグナル」学術領域の創出 2017 年

上野 匡. 条件認識能を有する光親和性標識試薬の開発. 第 10 回ナノバイオネットワークシンポジウム 2017 年

粕谷 有沙, 上野 匡, 浦野 泰照. mTOR の局在制御を可能とする機能性小分子の開発. ケミカルバイオロジー学会第十二回年会 2017 年

粕谷 有沙 上野 匡, 浦野 泰照. キナーゼの細胞内局在制御を可能にする機能性小分子の開発. バイオ関連化学部会シンポジウム 2017 年

上野 匡. 有機小分子を利用した細胞内シグナル伝達の急速摂動法の開発と応用 2017 年度生命科学系合同年次大会. 2017 年

Tasuku Ueno. Small Molecule-Based Signal Perturbation Systems. Core to core-symposium 2018 EPFL-UDMT-u-Tokyo 2017 年

Takekawa M. Regulation of cell-fate decisions by stress-responsive p38/JNK MAPK signaling pathways, OIST seminar, Apr. 18, 2018, Okinawa

Takekawa M. Spatio-temporal dynamics of SAPKK regulates cell fate decisions under stress conditions. OIST seminar, Jan. 1, 2019, Okinawa

Takekawa M. Spatio-temporal regulation of JNK signaling during cell fate decisions. 1st International symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks. Feb.1-2, 2019, Tokyo.

武川 睦寛. 新規ストレス・センサーによるストレス応答 MAPK シグナルとサイトカイン産生の制御 第 91 回日本生化学会シンポジウム 2018 年 9 月 26 日、京都

中村 貴紀、西住 紀子、中澤 嵩、森 竜樹、鈴木 貴、武川 睦寛. 数理解析を用いた中心体複製の開始制御機構の解明. 日本応用数理学会、2018 年 9 月 5 日、名古屋

久保田 裕二、藤岡 興、武川 睦寛. O-GlcNAc 化蛋白質の検出と定量解析を可能にするレクチン親和性ゲル電気泳動法の開発と応用、第 69 回日本電気泳動学会総会シンポジウム、2018 年 8 月 8 日-9 日、相模原

Nakamura T, Nishizumi-Tokai N, Nakazawa T, Mori T, Suzuki T and Takekawa M. Mathematical modeling of the recruitment of centriole biogenesis regulators to mother centrioles in centriole duplication phase. Core-to-core meeting, 2019/3/21, Bordeaux, France

Wu J, Sakurai Y, Kang S-I, Yoshizaki R, Kamesawa A, Nakano K, Yoshioka D, Kaneko K, Lin C-H, Funaki T, Hirose S, Ito K, Fujisaki M, Sugawara I, Nihei M, Miura T, Yabu K, Mori T, Ifukube T and Okata J. Design Implications and Methodology Based on the Potential Needs of Seniors for Home Monitoring Systems. Asian Conference on Design and Digital Engineering (ACDDE) 2018, 2018/11/1, Yomitanon (Okinawa), Japan

Nakamura T, Nishizumi-Tokai N, Nakazawa T, Mori T, Suzuki T and Takekawa M. Mathematical modeling of the recruitment of centriole biogenesis regulators to mother centrioles in centriole duplication phase. Core-to-core meeting, 2019/3/21-22, Bordeaux, France

Moriizumi H, Nakamura T, Youngmin C, Suzuki T and Takekawa M. Mathematical analysis of the spatio-temporal regulation of SAPK pathway. Core-to-core meeting, 2019/3/21-22, Bordeaux, France

Kubota Y, Takagi Y and Takekawa M. Quantitative gene expression analysis in cells that express cancer- or congenital Ras/MAPK syndrome-derived MEK mutants. 1st International symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks. Feb.1-2, 2019, Tokyo

Nakamura T, Nishizumi-Tokai N, Nakazawa T, Mori T, Suzuki T and Takekawa M. The molecular mechanism that recruits centriole biogenesis regulators to mother centrioles in centriole duplication phase. 1st International symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks. Feb.1-2, 2019, Tokyo

森泉 寿士、中村 貴紀、曹 永旻、鈴木 貴、武川 睦寛. 数理解析を活用した SAPK シグナル時空間制御機構の解明. 応用数理学会 2019 年研究部会連合発表会 2019 年 3 月 5 日、筑波

森泉 寿士、中村 貴紀、曹 永旻、鈴木 貴、武川 睦寛. 数理解析を活用した SAPK シグナル時空間制御機構の解明. 新学術領域「数理シグナル」第 2 回若手ワークショップ、2018 年 8 月 31 日、大津

中村 貴紀、西住 紀子、中澤 嵩、森 竜樹、鈴木 貴、武川 睦寛. 数理解析を用いた中心体複製の開始制御機構の解明. 新学術領域「数理シグナル」第 2 回若手ワークショップ、2018 年 9 月 1 日、大津

Shiho Hirose, Yuji Kubota, Zhang Yao-zhong, Seiya Imoto, Mutsuhiro Takekawa. Identification of exosomal microRNAs induced by oncogenic activation of the ERK pathway. G2 plus リトリート、2018 年 11 月 12 日、三浦

Daichi Fujikawa, Takanori Nakamura, Mutsuhiro Takekawa. Formation of stress granules suppresses apoptosis by sequestering proapoptotic proteins. G2 plus リトリート、2018 年 11 月 12 日、三浦

Shiho Hirose, Yuji Kubota, Zhang Yao-zhong, Seiya Imoto, Mutsuhiro Takekawa. Oncogenic activation of the ERK pathway alters miRNA expression profiles in exosomes. 平成 30 年度 東京大学医科学研究所 研究成果発表会、2018 年 5 月 31 日、東京

Daichi Fujikawa, Takanori Nakamura, Mutsuhiro Takekawa. Formation of stress granules suppresses apoptosis by sequestering proapoptotic proteins. 平成 30 年度 東京大学医科学研究所 研究成果発表会、2018 年 5 月 31 日、東京

森泉 寿士、中村 貴紀、武川 睦寛. 数理解析を活用した SAPK シグナル時空間制御機構の解明. 第 18 回東京大学 生命科学シンポジウム 2018 年 6 月 9 日、東京

久保田 裕二、藤岡 興、武川 睦寛. O-GlcNAc 化蛋白質の検出と定量解析を可能にするレクチン親和性ゲル電気泳動法の開発と応用. 第 91 回日本生化学会大会、2018 年 9 月 25 日、京都

渡海 紀子、中村 貴紀、武川 睦寛. ストレス応答 MAP キナーゼ p38, JNK によるアポトーシス関連 miRNA の発現抑制. 第 77 回日本癌学会学術総会 2018 年 9 月 27 日、大阪

久保田 裕二、高木 祐輔、松原 大祐、Ashwini Patil、木下 英司、中井 謙太、武川 睦寛. 癌および先天性 Ras/MAPK 症候群で見出される MEK 突然変異体の解析. 第 77 回日本癌学会学術総会 2018 年 9 月 27 日、大阪

高木 祐輔、久保田 裕二、武川 睦寛. ERK 経路の異常活性化により発現誘導される遺伝子の同定と機能解析. 第 77 回日本癌学会学術総会 2018 年 9 月 27 日、大阪

広瀬 思帆、久保田 裕二、武川 睦寛. ERK 経路の異常活性化に伴いエクソソームに蓄積する miRNA の解析、および早期がん診断マーカーへの応用. 第 77 回日本癌学会学術総会 2018 年 9 月 27 日、大阪

森泉 寿士、中村 貴紀、曹 永旻、鈴木 貴、武川 睦寛. 数理解析を活用した SAPK シグナル時空間制御機構の解明. 第 41 回日本分子生物学会年会 2018 年 11 月 28 日、横浜

大江 星菜、久保田 裕二、武川 睦寛. ERK 新規基質分子による転写伸長反応制御機構の解明. 第 41 回日本分子生物学会年会 2018 年 11 月 28 日、横浜

高木 祐輔、久保田 裕二、高橋 宏隆、澤崎 達也、武川 睦寛. ERK 経路の異常活性化により発現が亢進する新規遺伝子の同定と機能解析. 第 41 回日本分子生物学会年会 2018 年 11 月 28 日、横浜

渡海 紀子、中村 貴紀、武川 睦寛. ストレス応答 MAP キナーゼによるアポトーシス抑制性 miRNA の発現制御. 第 41 回日本分子生物学会年会 2018 年 11 月 28 日、横浜

中村 貴紀、西住 紀子、中澤 嵩、森 竜樹、鈴木 貴、武川 睦寛. 数理解析を駆使した中心体複製開始を制御する分子機構の解明. 第 41 回日本分子生物学会年会 2018 年 11 月 29 日、横浜

藤川 大地、中村 貴紀、武川 睦寛. ストレス顆粒形成によるアポトーシス抑制機構の解明. 第 41 回日本分子生物学会年会 2018 年 11 月 29 日、横浜

広瀬 思帆、久保田 裕二、武川 睦寛. ERK 経路の活性化依存的にエクソソームに蓄積する癌関連 miRNA の網羅的探索. 第 41 回日本分子生物学会年会 2018 年 11 月 29 日、横浜

小森 満美子、久保田 裕二、武川 睦寛. 炎症性サイトカインによる MTK1 活性化機構の解析. 第 41 回日本分子生物学会年会 2018 年 11 月 30 日、横浜

田口 真梨、中村 貴紀、武川 睦寛. ストレス顆粒を構成する新規因子の同定とその機能解析. 第 41 回日本分子生物学会年会 2018 年 11 月 30 日、横浜

久保田 裕二、武川 睦寛. ERK 経路の異常活性化により誘発される新規癌増殖シグナル機構の解明. 第 41 回日本分子生物学会年会 2018 年 11 月 30 日、横浜

石谷隆一郎. 浸透圧感受性チャネルの立体構造解析. 日本顕微鏡学会第 74 回学術講演会@久留米シティプラザ 2018 年

石谷隆一郎. 炎症応答に関わる因子の構造生物学 (3S05a] 異分野連携が拓くシグナル伝達と疾患研究のフロンティア). 第 91 回日本生化学会大会@国立京都国際会館 2018 年

粕谷 有沙, 上野 匡, 浅沼 大祐, 並木 繁行, 廣瀬 謙造, 浦野 泰照. Bioorthogonal な可逆的 CID システムの開発. 一細胞内シグナル伝達の繰り返し制御— 日本薬学会第 138 年会 2018 年

上野 匡. 有機小分子を利用した細胞内情報伝達系摂動法の開発と応用. 11 回ナノバイオネットワークシンポジウム 2018 年

高木太尊, 上野匡, 野村悠介, 浅沼大祐, 浦野泰照. 新規 F アクチン結合性蛍光小分子の機能精査及びその応用. 第 13 回分子イメージング学会学術集会 2018 年

粕谷 有沙, 上野 匡, 浅沼 大祐, 並木 繁行, 廣瀬 謙造, 浦野 泰照. 細胞内シグナル伝達を繰り返し摂動可能な CID system の開発. 第 13 回日本分子イメージング学会学術集会 2018 年

粕谷 有沙, 上野 匡, 浅沼 大祐, 並木 繁行, 廣瀬 謙造, 浦野 泰照. 細胞内シグナル伝達を繰り返し摂動可能な可逆的 CID System の開発. ケミカルバイオロジー学会第十三回年会 2018 年

粕谷 有沙, 上野 匡, 浅沼 大祐, 並木 繁行, 廣瀬 謙造, 浦野 泰照. 細胞内シグナル伝達を繰り返し摂動可能な小分子系の開発. 第 41 回分子生物学会年会 2018 年

石谷隆一郎. 浸透圧感受性チャネルの立体構造解析. 日本顕微鏡学会第 74 回学術講演会@久留米シティプラザ 2018 年

石谷隆一郎. 炎症応答に関わる因子の構造生物学. 異分野連携が拓くシグナル伝達と疾患研究のフロンティア) 第 91 回日本生化学会大会@国立京都国際会館 2018 年

Mutsuhiro Takekawa. Regulation of stress-activated p38/JNK MAPK signaling pathways under oxidative stress conditions. Cold Spring Harbor Asia Conference “Kinase and Phosphatase Signaling”, Dec 9-13 2019, Suzhou, China

Mutsuhiro Takekawa. Spatio-temporal regulation of stress-activated MAPK signaling and its role in cytokine production. Symposium for “Interface between Immunology & Quantitative Biology”, May 20, 2019, Tokyo

武川睦寛. 数理科学を活用した JNK シグナルと細胞運命制御機構の解明. 第 92 回日本生化学会大会シンポジウム、2019 年 9 月 26-28 日、京都

武川睦寛. 新規ストレス・センサーによるストレス応答シグナルと炎症性サイトカイン産生の制御. 第 14 回日本臨床ストレス応答学会シンポジウム、2019 年 11 月 2-3 日、大阪

武川睦寛. ストレス顆粒形成によるストレス誘導神経細胞死の制御と活性酸素によるその破綻. 第

38 回日本認知症学会学術集会シンポジウム、2019 年 11 月 7-9 日、東京

Mutsuhiro Takekawa. Regulation of stress-induced apoptotic cell death by stress granule formation. 第 42 回日本分子生物学会年会ワークショップ、2019 年 12 月 3-6 日、博多

久保田 裕二、武川 睦寛. レクチンアフィニティーゲル電気泳動法を利用した O-GlcNAc 化タンパク質の解析. 日本プロテオーム学会 2019 年大会/第 70 日本電気泳動学会総会・合同大会シンポジウム、2019 年 7 月 24-26 日、宮崎

S. Kang, R. Yoshizaki, K. Nakano, T. Okatani, A. Kamesawa, D. Yoshioka, J. Wu, Y. Sakurai, K. Ito, M. Fujisaki-Sueda-Sakai, I. Sugawara, M. Nihei, T. Miura, K. Yabu, T. Mori, T. Ifukube, J. Okata: "Design and Implementation of Age-Friendly Activity for Supporting Elderly's Daily Life by IoT.", 21st International Conference on Human-Computer Interaction, 2019.07.26-31, Florida, USA

K. Nakano, Y. Sakurai, S. Kang, R. Yoshizaki, T. Okatani, A. Kamesawa, D. Yoshioka, J. Wu, K. Ito, M. Fujisaki-Sueda-Sakai, I. Sugawara, M. Nihei, T. Miura, K. Yabu, T. Mori, T. Ifukube, J. Okata: "How the Elderly Accept the Concept of IoT as Assistive Technology: Interventional Study of the Attitude to IoT by Workshop." 11th International Association of Gerontology and Geriatrics Asia/Oceania Regional Congress, 2019.10.23-27, Taipei, Taiwan

中村 貴紀、渡海 紀子、中澤 嵩、森 竜樹、鈴木 貴、武川 睦寛. 数理解析を活用した中心体複製開始を制御する分子機構の解明. 第 78 回日本癌学会総会、2019 年 9 月 28 日、京都

中村 貴紀、西住(渡海) 紀子、中澤 嵩、森 竜樹、鈴木 貴、武川 睦寛. 中心体複製初期に起こる PLK4 の中心体輸送機構. 第 19 回日本蛋白質科学年会・第 71 回日本細胞生物学会 合同年次大会、2019 年 6 月 24 日、神戸

高木 祐輔、久保田 裕二、高橋 宏隆、澤崎 達也、武川 睦寛. ERK 経路の異常活性化により発現誘導される新規遺伝子の同定および機能解析. 新学術領域研究「数理シグナル」 第 3 回若手ワークショップ、2019 年 9 月 1 日、松山

Yukari Shiozaki and Mutsuhiro Takekawa. Regulatory mechanism of the DNA-damaging agents-induced activation of the stress-activated MAPK (SAPK) pathways. G2 Plus Retreat、2019 年 11 月 15 日、静岡

Daisuke Yoshioka and Mutsuhiro Takekawa. Proteomic screening for SG components and their functional analysis. G2 Plus Retreat、2019 年 11 月 15 日、静岡

橋本 夏葉、中村 貴紀、武川 睦寛. ストレス顆粒形成を制御する分子機構の解析. 第 42 回日本分子生物学会年会、2019 年 12 月 3 日、博多

川瀧 紗英子、久保田 裕二、武川 睦寛. ERK 経路とストレス応答 MAPK 経路のクロストーク機構の解明. 第 42 回日本分子生物学会年会、2019 年 12 月 4 日、博多

塩崎 ゆかり、久保田 裕二、武川 睦寛. DNA 損傷によるストレス応答 MAPK 経路活性化機構の解析. 第 42 回日本分子生物学会年会、2019 年 12 月 5 日、博多

高木 祐輔、久保田 裕二、高橋 宏隆、澤崎 達也、武川 睦寛. ERK 経路の異常活性化により発現誘導される新規遺伝子の同定および機能解析. 第 42 回日本分子生物学会年会、2019 年 12 月 6 日、博多

渡海 紀子、中村 貴紀、武川 睦寛. ストレス応答 MAP キナーゼによる miRNA の発現調節とアポトーシス誘導機構の解明. 第 78 回日本癌学会総会、2019 年 9 月 28 日、京都

久保田 裕二、藤岡 興、武川 睦寛. タンパク質 O-GlcNAc 化異常による増殖シグナルの活性化. 第 78 回日本癌学会総会、2019 年 9 月 28 日、京都

大江 星菜、久保田 裕二、武川 睦寛. Elucidation of the regulatory mechanism for transcription elongation by a novel ERK substrate. 第 92 回日本生化学会大会、2019 年 9 月 20 日、横浜

高木 祐輔、久保田 裕二、武川 睦寛. ERK 経路の異常活性化により発現誘導される新規遺伝子の同定および機能解析. 新学術領域研究「数理シグナル」 領域推進会議、2019 年 6 月 6 日、東京

久保田 裕二、藤岡 興、武川 睦寛. 「Warburg 効果による糖鎖修飾異常と癌増殖シグナルの活性化」. 第 56 回日本臨床分子医学会学術集会 2019 年 4 月 26 日、名古屋

大江 星菜、久保田 裕二、武川 睦寛. Elucidation of the regulatory mechanism for transcription elongation by a novel ERK substrate. 令和元年医科学研究所研究成果発表会、2019 年 5 月 30 日、東京

森泉 寿士、中村 貴紀、曹 永旻、鈴木 貴、武川 睦寛. Mathematical analysis of the spatio-temporal regulation of the SAPK pathway. 令和元年医科学研究所研究成果発表会、2019 年 5 月 30 日、東京

Tasuku Ueno. A Functional Small Molecule-Based Signal Perturbation System. 1st International Symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks. 2019 年

高木太尊、上野匡、野村悠介、浅沼大祐、浦野泰照. 新規 F アクチン結合性蛍光小分子の機能精査及びその応用. 日本化学会第 99 春季年会 2019 年

上野 匡. アクチン繊維結合小分子の発見と可視化・操作技術への応用. 第 92 回日本生化学会大会 2019 年

高木太尊、上野匡、野村悠介、浅沼大祐、浦野泰照. 新規小分子プローブによるアクチン繊維の可視化と光操作 第 57 回日本生物物理学会年会 2019 年

高木太尊、上野匡、野村悠介、浅沼大祐、浦野泰照. 新規小分子プローブによるアクチン繊維の可視化と光操作 第 13 回バイオ関連化学シンポジウム 2019 年

高木太尊、上野匡、野村悠介、浅沼大祐、浦野泰照. 新規小分子プローブによるアクチン繊維の可視化と光操作 第 42 回日本分子生物学会年会 2019 年

上野 匡. アクチン繊維結合小分子の発見と可視化・操作技術への応用 第 12 回 ナノバイオ若手シンポジウム 2019 年

Mutsuhiro Takekawa. Spatio-temporal dynamics of SAPKK regulates cell fate decisions under stress conditions. JSPS Core-to-Core Program “Establishing International Research Network of Mathematical Oncology”, 2020/10/28, オンライン

Takanori Nakamura, Noriko Nishizumi-Tokai, Takashi Nakazawa, Tatsuki Mori, Takashi Suzuki, Mutsuhiro Takekawa. Mathematical modeling of the recruitment of centriole biogenesis regulators to mother centrioles in the S-phase. JSPS Core-to-Core Program “Establishing International Research Network of Mathematical Oncology”, 2020/10/26, オンライン

武川 睦寛. 新規酸化ストレスセンサー分子による p38/JNK シグナルとサイトカイン産生の制御. 第 43 回日本分子生物学会年会、2020 年 12 月 4 日、オンライン

Saeko Kawataki, Yuji Kubota, Mutsuhiro Takekawa. Elucidation of the molecular mechanism underlying oncogene-induced activation of the p38 and JNK pathways. G2 plus Retreat, 2020/12/18, online

塩崎 ゆかり、久保田 裕二、武川 睦寛. DNA 損傷に応答する SAPK シグナル伝達機構の解析. 第 79 回日本癌学会学術総会 2020 年 10 月 1 日～3 日 オンライン

久保田裕二、武川睦寛. カスパーゼ依存的蛋白質切断による ERK シグナル抑制機構. 第 79 回日本癌学会学術総会 2020 年 10 月 1 日～3 日 オンライン

川瀧紗英子、久保田裕二、武川睦寛. 癌遺伝子によるストレス応答シグナル伝達経路の活性化機構の解析. 第 20 回東京大学生命科学シンポジウム、2020 年 10 月 30 日～31 日、オンライン

久保田裕二、武川睦寛. カスパーゼ依存的な蛋白質切断を介した ERK シグナルの新規活性制御機構. 第 71 回日本電気泳動学会総会 2020 年 11 月 12 日～13 日 オンライン

高木祐輔、久保田裕二、武川睦寛. ERK 経路の異常活性化により発現誘導される新規遺伝子の同定および機能解析. 第 71 回日本電気泳動学会総会 2020 年 11 月 12 日～13 日 オンライン

川瀧 紗英子、久保田裕二、武川睦寛. 発癌シグナルによる p38/JNK 経路活性化の分子機構の解明. 第 71 回日本電気泳動学会総会、2020 年 11 月 12 日～13 日 オンライン

吉岡 大介、中村 貴紀、武川 睦寛. ストレス顆粒の新規構成因子およびその生理機能の解析. 第 43 回日本分子生物学会年会、2020 年 12 月 3 日、オンライン

柳下淳, 上野匡, 梅田泉, 土原一哉, 浦野泰照. 8-アミノ BODIPY を用いた青色 ALDH 蛍光プローブの開発 日本薬学会第 140 回年会 2020 年

中田 絵麻、上野 匡、柳下 淳、浦野 泰照 新規 Aldehyde dehydrogenase 活性検出プローブの開発 日本薬学会第 140 回年会 2020 年

粕谷 有沙, 上野 匡, 浅沼 大祐, 並木 繁行, 廣瀬 謙造, 浦野 泰照 細胞内シグナル伝達の振動を再構築する摂動法の開発 第 20 回東京大学生命科学シンポジウム 2020 年

田口祐、井上純一郎 RANKL 刺激依存的な受容体 RANK の internalization と、破骨細胞分化における役割 第 34 回日本骨代謝学会学術集会 2016

弓桁洋、田口祐、井上純一郎 破骨細胞分化における細胞融合とアクチンリング形成の TRAF6 依存性分機構の解明 第 34 回日本骨代謝学会学術集会 2016

井上純一郎、柴田佑里 HTLV-1 Tax 誘導性の IKK 複合体活性化機構の解析 第 3 回日本 HTLV-1 学会学術集会 2016

徳永文稔 直鎖状ユビキチン鎖による炎症・免疫シグナル制御とその破綻による疾患 第 67 回日本電気泳動学会総会 2016

山本瑞生、井上純一郎 TRAF6 は乳腺上皮細胞の維持および乳腺上皮細胞の細胞死抑制によって妊娠期の乳腺発達を促進する 先端モデル動物支援 若手技術講習会 2016

真鍋英里香、上松篤史、城戸康希、竹田浩之、高橋宏隆、山本瑞生、井上純一郎、澤崎達也 乳がんを標的とした新規 NF- κ B 阻害剤の探索 第 89 回日本生化学会大会 2016

徳永文稔 筋萎縮性側索硬化症(ALS)における直鎖状ユビキチン鎖の寄与 第 89 回日本生化学会大会 2016

山本瑞生、井上純一郎 乳腺発達と乳がん悪性化における転写因子 NF- κ B の役割の相違 第 75 回日本癌学会学術総会 2016

徳永文稔 炎症・免疫シグナルのユビキチン鎖による制御と疾患 第 54 回数理解医学研究会 2016

及川大輔、中澤世識、石井亮平、綾木孝、石谷隆一郎、伊東秀文、濡木理、徳永文稔 Optineurin 遺伝子変異に伴う ALS 発症における直鎖状ポリユビキチン鎖の寄与 第 494 回大阪市医学会 2016

関崇生、田口祐、井上純一郎. 一細胞イメージングによる非古典的 NF- κ B 活性化経路のダイナミクスと遺伝子発現制御. 第 39 回日本分子生物学会年会 2016

山本瑞生、井上純一郎. TRAF6 は乳腺上皮細胞の維持および乳腺上皮細胞の細胞死抑制によって妊娠期の乳腺発達を促進する. 第 39 回日本分子生物学会年会 2016

坂根康太、山本瑞生、井上純一郎. Basal-like 乳がんモデルマウスにおける CRISPR/Cas9 システムを利用したがん抑制遺伝子の探索. 第 39 回日本分子生物学会年会 2016

柴田佑里、井上純一郎 ポリユビキチン鎖を介した HTLV-1 Tax 誘導性の IKK 複合体活性化機構の解析. 第 39 回日本分子生物学会年会 2016

古賀涼子、Mohamed O, Radwa 江島智彦、金丸陽亮、柴田佑里、田口祐、井上純一郎、大塚雅巳、藤田美歌子 亜鉛結合性低分子化号物による TRAF6 および下流シグナル経路に対する影響 第 39 回日本分子生物学会年会 2016

弓桁洋、田口祐、井上純一郎 破骨細胞分化の細胞融合における TRAF6 依存性分子機構の解明 第 39 回日本分子生物学会年会 2016

田口祐、平山榕子、井上純一郎 受容体 RANK の internalization とその破骨細胞分化における役割 第 39 回日本分子生物学会年会 2016

徳永文稔 Optineurin の直鎖状ユビキチン鎖結合性と筋萎縮性側索硬化症 第 39 回日本分子生物学会年会 2016

中島達朗、高橋宏隆、徳永文稔、澤崎達也 コムギ無細胞ヒト 20,000 種プロテインアレイを基盤とした直鎖状ポリユビキチン鎖結合タンパク質の探索 第 39 回日本分子生物学会年会 2016

桑田翔平、岡田健吾、高橋宏隆、後藤栄治、徳永文稔、澤崎達也 コムギ無細胞系を基盤としたヒトの脱ユビキチン化酵素(DUB)プロテインアレイを用いたポリユビキチン基質特異性解析 第 39 回日本分子生物学会年会 2016

高橋宏隆、桑田翔平、後藤栄治、徳永文稔、澤崎達也 コムギ無細胞タンパク質アレイ解析によって見出された NEMO 結合性新規 DUB の NF- κ B 制御機構の解析 第 39 回日本分子生物学会年会 2016

山本瑞生、井上純一郎 TRAF6 は乳腺上皮細胞の維持および乳腺上皮細胞の細胞死抑制によって妊娠期の乳腺発達を促進する 先端モデル動物支援プラットフォーム 2017

葛谷早喜子、及川大輔、徳永文稔 マイトファジー受容体のユビキチン結合性は NF- κ B と細胞死制御に関与する バイオインターフェース先端マテリアルの創生 第 7 回シンポジウム 2017

井上純一郎 ヒト T 細胞白血病ウイルスの発癌タンパクの発癌タンパク質 Tax による NF- κ B 活性化機構 金沢大学がん進展制御研究所共同利用・共同研究拠点シンポジウム 2017

Yuri Shibata, Ginga Komatsu, Jun-ichiro Inoue. HTLV-1 Tax Induces K63-and M1-linked Hybrid Polyubiquitin Chains to Activate the IKK Complex. 18th International Conference on Human Retrovirology HTLV & Related Viruses 2017

井上純一郎 膜融合によるウイルス感染を阻止する化合物のハイスループットスクリーニング系の確立. 新興・再興感染症制御プロジェクト 新興再興事業・J-GRID 合同シンポジウム「感染症研究連携のフロンティア」2017

Mizuki Yamamoto Establishment of a high-throughput screening assay for antiviral agents using cell-based fusion assay. CAS-IMSUT Workshop on Infectious Diseases 2017

及川大輔、徳永文稔 マイトファジー受容体のユビキチン結合性は NF- κ B と細胞死制御に関与する 第 64 回日本生化学会 近畿支部例会 2017

田口祐、井上純一郎 新規スクリーニングシステムによる破骨細胞分化阻害薬の同定 第 35 回日本骨代謝学会学術集会 2017

弓桁洋、田口祐、井上純一郎 破骨細胞形成の細胞融合における TRAF6 依存性分子機構の解明 第 35 回日本骨代謝学会学術集会 2017

井上純一郎 NF- κ B シグナルによる Triple negative 乳がんの悪性化 第 4 回包括的緩和医療科化学術研究会・第 5 回 Tokyo 疼痛緩和次世代研究 2017

後藤栄治、徳永文稔 NF- κ B 制御に関わる新規脱ユビキチン化酵素の探索 第 22 回病態プロテアーゼ学会学術集会 2017

山本瑞生、井上純一郎 トリプルネガティブ乳癌における上皮-間葉-腫瘍内双方向転換の制御機構 第 76 回日本癌学会学術総会 2017

及川大輔、花田和希、寺脇正剛、葛谷早喜子、菅原弘二、鶴田大輔、坂本信二、徳永文稔 直鎖状ユビキチン鎖生成酵素(LUBAC)に対する新規阻害剤による NF- κ B 制御と疾患応用を目指した基礎解析 第 12 回臨床ストレス応答学会 2017

Mizuki Yamamoto, Jun-ichiro Inoue Intratumoral bidirectional transitions between epithelial and mesenchymal cells in triple-negative breast cancer Advances in Breast Cancer Research 2017

山本瑞生、後藤典子、井上純一郎 Basal-like 乳癌における腫瘍内上皮間葉転換機構の解析 金沢大学がん進展制御研究所 共同利用・共同研究拠点シンポジウム 2017

井上純一郎 非古典的 NF- κ B 経路の 1 細胞ライブイメージング ConBio2017 第 40 回日本分子生物学会年会・第 90 回日本生化学会大会 2017

関崇生、田口祐、井上純一郎 I κ B α と p100 によって RelB のダイナミクスは制御されている ConBio2017 第 40 回日本分子生物学会年会・第 90 回日本生化学会大会 2017

弓桁洋、田口祐、井上純一郎 破骨細胞形成の細胞融合における TRAF6 依存性分子機構の解明 ConBio2017 第 40 回日本分子生物学会年会・第 90 回日本生化学会大会 2017

葛谷早喜子、及川大輔、徳永文稔 NDP52 のユビキチン結合性は NF- κ B と細胞死制御に関与する ConBio2017 第 40 回日本分子生物学会年会・第 90 回日本生化学会大会 2017

及川大輔、葛谷早喜子、花田和希、寺脇正剛、鶴田大輔、坂本信二、徳永文稔 直鎖状ユビキチン鎖生成酵素(LUBAC)に対する新規阻害剤の細胞・生化学機構と疾患治療への応用 ConBio2017 第 40 回日本分子生物学会年会・第 90 回日本生化学会大会 2017

阿部貴則、後藤栄治、及川大輔、高橋宏隆、堀居拓郎、寺脇正剛、畑田出穂、澤崎達也、徳永文稔 LUBAC 活性を制御する新規 RING 型ユビキチンリガーゼの機能解析 ConBio2017 第 40 回日本分子生物学会年会・第 90 回日本生化学会大会 2017

後藤栄治、徳永文稔 Jurkat ヒト T 細胞株における LUBAC の機能解析 ConBio2017 2017

後藤栄治、阿部貴則、徳永文稔 NF- κ B 活性制御に関わる新規 OTU 型脱ユビキチン化酵素の同定 ConBio2017 第 40 回日本分子生物学会年会・第 90 回日本生化学会大会 2017

長尾和哉、中島達朗、高橋宏隆、徳永文稔、澤崎達也 コムギ無細胞人プレテインアレイを基盤とした新規直鎖状ユビキチン結合タンパク質の探索と機能解析 ConBio2017 第 40 回日本分子生物学会年会・第 90 回日本生化学会大会 2017

桑田翔平、山中総士、岡田健吾、後藤栄治、徳永文稔、高橋宏隆、澤崎達也 85 種類のヒト脱ユビキチン化酵素(DUB)の完全超組換えタンパク質を用いたポリユビキチン鎖特異性決定と DUB 阻害評価系の構築 ConBio2017 第 40 回日本分子生物学会年会・第 90 回日本生化学会大会 2017

阿部智帆、山本瑞生、井上純一郎 ゲノム編集技術 CRISPR/Cas9 システムを利用した Basal-like 乳癌モデルマウスの開発 先端モデル動物支援プラットフォーム 成果発表会 2018

Daisuke Oikawa, Kazuya Hanada, Seigo Terawaki, Shinji Sakamoto, Fuminori Tokunaga Characterization of a novel LUBAC inhibitor, HOIPIN-1 Keystone Symposia-ubiquitin signaling 2018

山本瑞生、井上純一郎 Basal-like 乳癌における自発的上皮間葉転換 (EMT)と MET の機構解析 先端モデル動物支援プラットフォーム・若手支援技術講習会 2018

阿部智帆、山本瑞生、井上純一郎 Basal-like 乳癌モデルマウスにおけるゲノム編集技術 CRISPR-Cas9 を利用した癌抑制遺伝子評価系の確立 先端モデル動物支援プラットフォーム・若手支援技術講習会 2018

及川大輔、花田和希、菅原弘二、寺脇正剛、水上裕加里、鶴田大輔、坂本信二、徳永文稔 新規 LUBAC 阻害剤、HOIPIN-1 の作用機序と病態抑制効果 第 65 回日本生化学会近畿支部例会 2018

井上純一郎 TRAF6 を介する NF- κ B シグナルの生理的病理的な役割 第 91 回日本生化学会大会 2018

後藤栄治、浜田大輔、及川大輔、鈴木貴、徳永文稔 T 細胞受容体を介した NF- κ B シグナル制御の数理シミュレーション 第 91 回日本生化学会大会 2018

及川大輔、駒倉啓大、徳永文稔 オートファジーアダプターNDP52 による新規 NF- κ B・細胞死制御機構 第 91 回日本生化学会大会 2018

山本瑞生、井上純一郎 トリプルネガティブ乳癌における EMT/MET 相互転換機構の解析 第 77 回日本癌学会学術集会 2018

阿部智帆、山本瑞生、井上純一郎 Basal-like 乳癌モデルマウスにおける、ゲノム編集技術 CRISPR-Cas9 を利用した癌抑制遺伝子評価系の確立 第 77 回日本癌学会学術集会 2018

及川大輔、花田和希、勝矢健、菅原弘二、水上裕加里、鶴田大輔、坂本信二、徳永文稔 直鎖状ユビキチン鎖生成酵素(LUBAC)に対する新規阻害剤の開発と炎症病態抑制 第 13 回臨床ストレス応答学会大会 2018

塩田正之、田中昌子、鰐淵英機、徳永文稔 HSP72 複合体の単離による血中微量タンパク質の同定 第 13 回臨床ストレス応答学会大会 2018

駒倉啓大、後藤栄治、及川大輔、阿部貴則、徳永文稔 自然免疫制御に関わる新規脱ユビキチン化酵素 (OTUD1) の同定と生理機能解析 第 13 回臨床ストレス応答学会大会 2018

山本瑞生、井上純一郎 TRAF6 は乳腺上皮幹細胞の維持および乳腺上皮細胞の増殖と生存の促進によって妊娠期の乳腺発達を促進する 第 41 回日本分子生物学会年会 2018

阿部智帆、山本瑞生、井上純一郎 The CRISPR-Cas9 mediated gene knockout system to identify tumor suppressor genes in basal-like breast cancer mouse model 第 41 回日本分子生物学会年会 2018

後藤栄治、浜田大輔、及川大輔、鈴木貴、徳永文稔 TCR シグナルにおける直鎖状ユビキチン化の数理モデル解析 第 41 回日本分子生物学会年会 2018

及川大輔、花田和希、勝矢健、菅原弘二、水上裕加里、鶴田大輔、坂本信二、徳永文稔 新規 LUBAC 阻害剤の探索と機能評価 第 41 回日本分子生物学会年会 2018

駒倉啓大、後藤栄治、及川大輔、阿部貴則、徳永文稔 OTUD1 は自然免疫制御に関わる脱ユビキチン化酵素である 第 41 回日本分子生物学会年会 2018

阿部貴則、及川大輔、寺脇正剛、後藤栄治、高橋宏隆、大竹史明、川原裕之、堀居拓郎、畑田出穂、佐伯泰、田中啓二、澤崎達也、徳永文稔 自然免疫制御に関わる新規 RING 型 E3(RNF126)の同定と機能解析 第 41 回日本分子生物学会年会 2018

高橋宏隆、山中聡士、栗田翔平、後藤栄治、今井賢一郎、富井健太郎、佐藤裕介、深井周也、徳永文稔、澤崎達也 コムギ無細胞系を用いて作製した脱ユビキチン化酵素(DUB)プロテインアレイによるポリユビキチン鎖基質特異性と DUB 阻害剤の選択性評価 第 41 回日本分子生物学会年会 2018

Jun-ichiro Inoue. Regulation of the TRAF6-NF- κ B-NFATc1 signal pathway in osteoclastogenesis 1st International Symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks 2019

Fuminori Tokunaga. Cellular mechanism of LUBAC-mediated NF- κ B activation pathway 1st International Symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks 2019

Kazuya Nagano, Hirotaka Takahashi, Fuminori Tokunaga, Tatsuya Sawasaki Screening and analysis of novel linear polyubiquitin chain binding proteins based on wheat cell-free 20K-HUPA 1st International Symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks 2019

Hirotaka Takahashi, Satoshi Yamanaka, Yusuke Sato, Daisuke Oikawa, Shuya Fukai, Fuminori Tokunaga, Tatsuya Sawasaki Subquinocin, a small molecule inhibitor for USPs, promotes NF- κ B signal by stabilization of M1-linked polyubiquitin 1st International Symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks 2019

Daisuke Oikawa, Ken Katsuya, Kazuya Hanada, Shinji Sakamoto, Fuminori Tokunaga Identification and characterization of small-molecule LUBAC inhibitors, HOIPINs 1st International Symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks 2019

Keidai Komakura, Eiji Goto, Daisuke Oikawa, Takanori Abe, Fuminori Tokunaga OTUD1, and OTU family deubiquitinase, is involved in innate immune responses 1st International Symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks. 2019

藤波祐丞、山本瑞生、渡邊亜矢、井上純一郎 Establishment of quantitative membrane fusion assay for Dengue virus 先端モデル動物支援プラットフォーム成果発表会 2019

Mizuki Yamamoto, Jun-ichiro Inoue Intratumoral bidirectional transitions between epithelial and mesenchymal cells in triple-negative breast cancer 11th AACR-JCA Joint Conference. 2019

Chiho Abe, Mizuki Yamamoto, Jun-ichiro Inoue The CRISPR-Cas9 mediated gene knockout system to identify tumor suppressor genes in basal-like breast cancer mouse model 11th AACR-JCA Joint Conference. 2019

井上純一郎 PMDA 科学委員会 医薬品開発部会での検討 日本薬学会第 139 年会 2019

Jun-ichiro Inoue Identification of anti-viral compounds through high through put screening (HTS)

Using split-protein-based cell-cell fusion assay. Asian-African Research Forum on Emerging and Reemerging Infections 2019. 2019

Mizuki Yamamoto, Takeshi Ichinohe, Aya Watanabe, Yusuke Fujinami, Yasushi Kawaguchi, Zene Matsuda, Jun-ichiro Inoue Cell-based membrane fusion assay for flavivirus envelope proteins. Asian-African Research Forum on Emerging and Reemerging Infections 2019. 2019

Yusuke Fujinami, Mizuki Yamamoto, Aya Watanabe, Yasushi Kawaguchi, Zene Matsuda, Jun-ichiro Inoue. Mechanistic analysis of small molecules that inhibit flavivirus E protein-mediated membrane fusion Asian-African Research Forum on Emerging and Reemerging Infections 2019. 2019

Daisuke Oikawa, Ken Katsuya, Kazuya Hanada, Koji Sugawara, Daisuke Tsuruta, Shinji Sakamoto, Fuminori Tokunaga Screening and characterization of novel LUBAC inhibitors, HOIPINs Cold Spring Harbor Laboratory Meeting on Ubiquitin, Autophagy & Disease. 2019

駒倉啓大、徳永文稔 自然免疫制御に関わる新規脱ユビキチン化酵素 OTUD1 の同定と生理機能解析 第 24 回日本病態プロテアーゼ学会学術集会 2019

井上純一郎 Basal-like 乳癌における腫瘍内上皮間葉転換機構の解析 第 92 回 日本生化学会大会 2019

及川大輔、駒倉啓大、阿部貴則、飯尾清誠、小比賀真吾、勝矢健、花田和希、坂本信二、徳永文稔 LUBAC シグナルソームによる自然免疫応答の選択的制御 第 92 回日本生化学会大会 2019

山本瑞生、山口貴世志、古川洋一、井上純一郎 CRISPR/Cas9 システムを用いたトリプルネガティブ乳癌における EMT/MET 可塑性制御機構の解析 第 78 回日本癌学会学術総会 2019

福井優也、村上善則、井上純一郎、坂本毅治 腫瘍関連マクロファージにおける HIF 活性化因子 Mint3 の機能解析 第 78 回日本癌学会学術総会 2019

Jun-ichiro Inoue Role of NF- κ B in mammary gland development and breast cancer progression 26th East Asia joint Symposium on Biomedical Research. 2019

山本瑞生、一戸猛志、渡邊亜矢、藤波祐丞、川口寧、松田善衛、井上純一郎 フラビウイルスエンベロープタンパクのウイルスフリー膜融合アッセイ 第 67 回日本ウイルス学会学術集会 2019

藤波祐丞、山本瑞生、渡邊亜矢、川口寧、松田善衛、井上純一郎 フラビウイルス E タンパク質依存性膜融合に対する低分子阻害剤の作用機構解析 第 67 回日本ウイルス学会学術集会 2019

及川大輔、畑中尚也、鈴木貴、徳永文稔 LUBAC による T 細胞受容体シグナル制御に関する細胞・生化学及び数理モデル解析 第 14 回日本臨床ストレス応答学会 2019

塩田正之、田中昌子、鰐淵英機、徳永文稔 Hsp72 によるがん細胞遊走制御 第 14 回日本臨床ストレス応答学会大会 2019

Mizuki Yamamoto, Kiyoshi Yamaguchi, Yoichi Furukawa, Jun-ichiro Inoue. The CRISPR/Cas9-mediated gene knockout screening to analyze EMT-MET plasticity in triple-negative breast cancer TEMTIA IX. 2019

Takeharu Sakamoto, Yuya Fukui, Motoharu Seiki, Yoshinori Murakami, Jun-ichiro Inoue. Host Mints controls chemotherapy-induced pre-metastatic niche formation. Cell Symposia Hallmarks of Cancer. 2019

Tatsunori Nishimura, Natsuoko Kimura, Takahiko Murayama, Yukino Machida, Daisuke Iejima, Reiko Sakamoto, Mizuki Yamamoto, Naoki Itano, Yusuke Inoue, Masataka Ito. Critical roles of FRS2beta for creating the cytokine-rich precancerous microenvironment for mammary tumorigenesis. 第42回日本分子生物学会年会. 2019

植松崇之、山崎大賀、小林憲忠、井上純一郎、清木元治、坂本毅治 *Listeria monocytogenes* 感染における HIF-1 活性化因子 Mint3 を介した自然免疫応答機構の解析 第42回日本分子生物学会年会 2019

Yusuke Fujinami, Mizuki Yamamoto, Aya Watanabe, Yasushi Kawaguchi, Zene Matsuda, Jun-ichiro Inoue. Mechanistic analysis of small molecules that inhibit flavivirus E protein-mediated membrane fusion 第42回日本分子生物学会年会 2019

福井優也、林哲郎、村上善則、井上純一郎、坂本毅治 腫瘍関連マクロファージにおける HIF 活性化因子 Mint3 の機能解析 第42回日本分子生物学会年会 2019

秦裕子、北村亜矢、廣木朋子、相澤愛子、宮村尚明、小島由紀子、津本浩平、井上純一郎、尾山大明. リシンアセチル化及びユビキチン化が規定する細胞応答ネットワークの時系列プロテオーム解析 第42回日本分子生物学会年会 2019

坂東沙弥、井上純一郎. 破骨細胞分化における RANK シグナルの機能解析 第42回日本分子生物学会年会 2019

山本瑞生、山口貴世志、古川洋一、井上純一郎 CRISPR/Cas9 システムを用いたトリプルネガティブ乳癌における EMT/MET 可塑性制御機構の解析 第42回日本分子生物学会年会 2019

植松崇之、山崎大賀、小林憲忠、井上純一郎、清木元治、坂本毅治 *Listeria monocytogenes* 感染における HIF-1 活性化因子 Mint3 を介した自然免疫応答機構の解析 第42回日本分子生物学会年会 2019

徳永文稔 直鎖状ユビキチン鎖生成を介した炎症シグナル発信と疾患・創薬 第42回日本分子生物学会年会ワークショップ 2019

駒倉啓大、及川大輔、徳永文稔 脱ユビキチン化酵素 OTUD1 による NF- κ B 経路とインターフェロン産生経路の相対的制御 第42回日本分子生物学会年会 2019

高橋宏隆、及川大輔、長尾和哉、岩崎誠、今井祐記、徳永文稔、澤崎達也 直鎖状ポリユビキチン鎖結合タンパク質 ZnUBP ファミリーの NF- κ B 抑制機構の解明 第42回日本分子生物学会年会 2019

及川大輔、駒倉啓大、福士雅也、入江崇、堀居拓郎、畑田出穂、阪口剛正、徳永文稔 LRBA DUF1088 ドメインの自然免疫制御における重要性 第42回日本分子生物学会年会 2019

Jun-ichiro Inoue Nafamostat is an existing drug with multiple possible therapeutic effects on COVID-19 OIST-Univ of Tokyo, Mini-Talk Series 2020

馬場遥香、浄弘裕紀子、堀田純子、徳永文稔、瀬戸俊之 大阪市立大学医学部1年生に対する臨床遺伝教育の試み 第44回日本遺伝カウンセリング学会学術集会 2020

宮下裕久、及川大輔、寺脇正剛、徳永文稔 NDP52 のユビキチン結合性を介した炎症応答・細胞死制御と LUBAC 阻害剤の影響 第93回日本生化学会大会 2020

徳永文稔、及川大輔、畑中尚也、鈴木貴 非定型型直鎖状ユビキチン鎖を足場とする NF- κ B 活性化の細胞機能と数理モデル 第93回日本生化学会大会シンポジウム 2020

高橋宏隆、山中聡士、桑田翔平、檜垣佳奈、佐藤裕介、深井周也、徳永文稔、澤崎達也 ヒト DUB
アレイ技術を用いた USP 特異的阻害剤の開発 第 93 回日本生化学会大会 2020

及川大輔、徳永文稔 HOIPINs による LUBAC 活性抑制と自然免疫応答制御の分子基盤 第 93 回日
本生化学会大会シンポジウム 2020

中林修、高橋宏隆、村井晋、大竹史明、駒澤幸子、土屋勇一、佐伯泰、吉田雪子、山崎創、徳永文
稔、森脇健太、澤崎達也、中野裕康 cFLIP のユビキチン化による新たなアポトーシス抑制機構の解
析 第 93 回日本生化学会大会 2020

山本瑞生、山口貴世志、古川洋一、井上純一郎 CRISPR/Cas9 システムを用いたトリプルネガティ
ブ乳癌における EMT/MET 可塑性制御機構の解析 第 79 回日本癌学会学術総会 2020

Jun-ichiro Inoue, Mizuki Yamamoto. Intratumoral bidirectional transitions between epithelial &
mesenchymal cells in triple-negative breast cancer. Establishing International Research Network of
Mathematical Oncology 2020

Fuminori Tokunaga, Daisuke Oikawa, Naoya Hatanaka, Takashi Suzuki, Mathematical Model of Linear
Ubiquitination-mediated NF- κ B Activation Pathway, JSPS Core-to-Core Program “Establishing International
Research Network of Mathematical Oncology”, 2020

秦裕子、廣木朋子、北村亜矢、相澤愛子、宮村尚明、津本浩平、井上純一郎、尾山大明 ヒトがん
細胞における EGF 刺激依存的ユビキチン化修飾ダイナミクスの高解析度プロテオーム解析 第 43
回日本分子生物学会年会 2020

Mizuki Yamamoto, Jun-ichiro Inoue, Yasushi Kawaguchi and Jin Gohda. The Anticoagulant Nafamostat
Potently Inhibits SARS-CoV-2 S Protein-Mediated Fusion in a Cell Fusion Assay System and Viral Infection in
vitro in a Cell-Type-Dependent Manner 第 43 回日本分子生物学会年会 2020

高橋宏隆、長尾和哉、岩崎誠、佐藤裕介、及川大輔、徳永文稔、澤崎達也 コムギ無細胞系を用い
た直鎖状ユビキチン鎖の新規デコーダー分子の網羅的探索と機能解析 第 43 回日本分子生物学会
年会ワークショップ 2020

徳永文稔、伊東秀文、及川大輔 非定型型直鎖状ユビキチン鎖を足場とした炎症シグナル発信と
プロテインパチー 第 43 回日本分子生物学会年会ワークショップ 2020

安西聖敬、高橋美帆、西川恵三、井上純一郎、西川喜代孝 選択的骨送達能を持つ破骨細胞分化制
御ペプチドの開発 日本薬学会 第 141 回年会 2021

T. Suzuki, Mathematical modeling and analysis for breaking down of dynamical equilibrium of bone
metabolism, invited talk, q-bio Conference, 2016. 7. 29

鈴木貴, 骨代謝モデリング-動的平衡の崩壊, 日本数学会総合分科会, 2017. 9. 14

鈴木貴, 細胞シグナルモデリング-減衰振動の再現性, 日本数学会総合分科会, 山形大学,

2017. 9. 14

鈴木貴, 細胞膜分子相互作用と細胞内シグナル伝達経路解明のための数理的方法, 生命科学系学会
合同年次大会, 2017. 12. 6

鈴木貴, 臨床データと数理モデルを用いた悪性化シグナル経路の解明, 日本がん転移学会学術総会,
2018. 7. 20

畑中尚也, NF- κ B非古典的経路における振動現象の数理的解析, 日本応用数理学会年会, 2018. 9. 5

鈴木貴, 血管新生モデリング-走化性パラドクスの解消, 日本数学会総合分科会, 2018. 9. 24

鈴木貴, NF- κ Bシグナル減衰振動における再現性と非再現性の由来, 日本生化学会大会, 2018. 9. 26

鈴木貴, 数理腫瘍学の方法, 特別講演, 日本数学会年会, 2019. 3. 17

鈴木貴, 数理腫瘍学の方法, 基調講演, 第35回ファジィシステムシンポジウム, 2019. 8. 30

鈴木貴, 数理モデルと逆相蛋白質アレイデータによる肝細胞がん悪性化シグナル経路の解析, 日本生化学会大会, 2019. 9. 19

Uda, S. and Kubota H., Sparse Gaussian Graphical Model with Missing values., The 21st Conference of Open Innovations Association FRUCT. 2017

Uda, S. and Kubota, H., An estimation method of sparse partial correlation matrix for omics data analysis., 11th International Symposium of The Institute Network “Frontiers in Biomedical Sciences”, 2017

Ohashi, K., Fujii, M., Uda, S., Kubota, H., Komada, H., Sakaguchi, K., Ogawa W., and Kuroda, S., Mathematical model analysis for plasma glucose homeostasis regulated by plasma hormones and metabolites in humans., RECOMB/ISCB Conference on Regulatory & Systems Genomics with DREAM 2017

久保田 浩行、宇田 新介、松崎 芙美子、山内 幸代、黒田 真也、インスリンパターンによる生体内シグナル分子の選択的制御、2017年度 生命科学系学会合同年次大会、2017

Kubota H., Uda S., Matsuzaki F. and Kuroda S., Trans-Omic analysis of the acute insulin action in the liver - Toward *in vivo* trans-omic analysis-, The 1st International Symposium for Trans-Omics, 2017

久保田 浩行、トランスオミクス解析を用いたインスリン作用の理解、第22回日本心疾患内分泌代謝学会、2018

久保田 浩行、トランスオミクス解析を用いた生体応答のシステムの理解、科学技術未来戦略ワークショップ、2018

Fumiko Matsuzaki, Shinsuke Uda, Yukiyo Yamauchi, Kazumitsu Maehara, Yasuyuki Ohkawa, Masaki Matsumoto, Keiichi I. Nakayama, Hiroyuki Kubota, TRANSOMICS: Integrated Analysis Through Multiple Molecular Layers, 28th Hot Spring Harbor International Symposium, 2018

Fumiko Matsuzaki, Shinsuke Uda, Yukiyo Yamauchi, Hiroyuki Kubota, TRANSOMICS: Integrated Analysis Through Multiple Molecular Layers, The 19th International Conference on Systems Biology, 2018

松崎芙美子、宇田新介、山内幸代、黒田真也、久保田浩行、時系列トランスオミクス解析、定量生物学の会 第九回年会、2019

Matsuzaki F., Uda S., Yamauchi Y., Matsumoto M., Soga T., Maehara K., Ohkawa Y., Nakayama K. I., Kuroda S., Kubota H., Integrated analysis through multiple molecular layers: transomic network dynamics. The 29th Hot Spring Harbor International Symposium, 2019

Matsuzaki F., Uda S., Yamauchi Y., Matsumoto M., Soga T., Maehara K., Ohkawa Y., Nakayama K. I., Kuroda S., Kubota H., Time Series Transomics: Integrated analysis through multiple molecular layers., The 20th International Conference on Systems Biology, 2019

Miki Eto, Toshiya Kokaji, Atsushi Hatano, Hiroyuki Kubota, Yutaka Suzuki, Masaki Matsumoto, Keiichi I. Nakayama, Akiyoshi Hirayama, Tomoyoshi Soga, and Shinya Kuroda, Trans-omic analysis reveals different responses in the muscle to glucose during obesity., The 20th International Conference on Systems Biology, 2019

Toshiya Kokaji, Atsushi Hatano, Yuki Ito, Katsuyuki Yugi, Miki Eto, Satoshi Ohno, Masashi Fujii, Ken-ichi Hironaka, Riku Egami, Hiroshi Inoue, Shinsuke Uda, Hiroyuki Kubota, Yutaka Suzuki, Kazutaka Ikeda, Makoto Arita, Masaki Matsumoto, Keiichi I. Nakayama, Akiyoshi Hirayama, Tomoyoshi Soga, and Shinya Kuroda., Trans-omic analysis reveals allosteric and gene regulation-axes for altered glucose-responsive liver metabolism associated with obesity., The 20th International Conference on Systems Biology, 2019

Takumi Wada, Mitsutaka Wataya, Masashi Fujii, Ken-ichi Hironaka, Miki Eto, Shinsuke Uda, Daisuke Hoshino, Katsuyuki Kunida, Haruki Inoue, Hiroyuki Kubota, Hiroki Hamaguchi, Yasuro Furuichi, Yasuko Manabe, Nobuharu L. Fujii, Shinya Kuroda., Single-cell information analysis reveals small intracellular and large intercellular variations increase cellular information capacity., The 20th International Conference on Systems Biology, 2019

Riku Egami, Toshiya Kokaji, Atsushi Hatano, Miki Eto, Hiroyuki Kubota, Yutaka Suzuki, Masaki Matsumoto, Keiichi I. Nakayama, Akiyoshi Hirayama, Tomoyoshi Soga, and Shinya Kuroda, Differential trans-omic networks in the liver and muscles between healthy and obese mice., The 20th International Conference on Systems Biology, 2019

松崎芙美子、宇田新介、山内幸代、松本雅記、曾我朋義、前原一満、大川恭行、中山敬一、黒田真也、久保田浩行、時系列トランスオミクス解析、第42回日本分子生物学会年会、2019

Yuki Ito, Shinsuke Uda, Toshiya Kokaji, Akiyoshi Hirayama, Tomoyoshi. Soga, Yutaka Suzuki, Shinya Kuroda and Hiroyuki Kubota, Comparison of hepatic metabolome and transcriptome responses to oral glucose tolerance test between normal and obese mice by information theoretic approach., 第42回日本分子生物学会年会、2019

Hiroaki Kato, Shinsuke Uda, Fumiko Matsuzaki, Hiroyuki Kubota、Quantitative comparison of the Akt signaling pathway in the liver and muscle., 第42回日本分子生物学会年会、2019

久保田浩行、血中インスリンパターンによる生体応答の制御、生物物理リズム若手研究会、2019

Hiroyuki Kubota., Regulation of insulin action by temporal patterns of insulin., JSMB2019 Conference 2019

Hiroyuki Kubota, Selective regulation of the Insulin-AKT pathway by simultaneous processing of blood insulin pattern in the liver., Fusion of Mathematics and Biology, 2019

Yuki Ito, Shinsuke Uda, Toshiya Kokaji, Akiyoshi Hirayama, Tomoyoshi Soga, Yutaka Suzuki, Shinya Kuroda and Hiroyuki Kubota, Comparison of hepatic responses to glucose perturbation between normal and obese mice using edge ontology., Fusion of Mathematics and Biology, 2019

久保田 浩行、トランスオミクス解析を用いた疾患の理解、第46回日本脳卒中学会学術集会、2020

松崎芙美子、宇田新介、山内幸代、松本雅記、曾我朋義、前原一満、大川恭行、中山敬一、黒田真也、久保田浩行、時系列トランスオミクス解析、IIBMP2020、2020

久保田 浩行、松崎芙美子、宇田新介、山内幸代、松本雅記、曾我朋義、前原一満、大川恭行、中山敬一、黒田真也、トランスオミクス解析を用いたマウス肝臓におけるインスリン作用の全体像の理解、第3回日本メディカルAI学会学術集会、2020

高橋 宏隆 コムギ無細胞タンパク質合成系を用いたフラビウイルスタンパク質の宿主相互作用タンパク質の探索 第3回関西ウイルスクラブ 2016

高橋 宏隆 コムギ無細胞系を基盤としたプロテインアレイ技術の開発と応用. AMED-創薬等支援技術基盤プラットフォーム解析拠点-領域間技術交流会 2016

澤崎 達也 医学・農学ケミカルバイオロジーに向けたコムギ無細胞基盤薬剤開発 アグリバイオ工学研究部門公開セミナー2016

澤崎 達也 コムギ無細胞技術を基盤とした研究支援 神戸大学バイオシグナル総合研究センター設置記念シンポジウム 2016

澤崎 達也 コムギ無細胞系を基盤とした蛋白質の合成・機能解析技術 第40回蛋白質と酵素の構造と機能に関する九州シンポジウム 2016

澤崎 達也、高橋 宏隆 プロテオーム大規模解析が切り開く新たな生化学研究：コムギ無細胞系を基盤とした2つの大規模生化学的解析法：ヒト2万種プロテインアレイによるインタラクトーム解析とケミカルバイオロジーに向けた薬剤開発 第89回日本生化学会大会 2016

澤崎 達也 大学・自治体協同による地方大学発バイオベンチャーの生き残り術 平成28年度 地域コトづくりセンター報告会&シンポジウム 2016

Takahashi H, Imamura M, Ito M, Suzuki T, Wakita T, Sawasaki T. Identification of HCV NS4B binding E3 ligases that involved in HCV replication using wheat cell-free protein production system. 第64回ウイルス学会学術集会 2016

高橋 宏隆、桑田 翔平、後藤 栄治、徳永 文稔、澤崎 達也 コムギ無細胞タンパク質アレイによって見出された、NF- κ Bを抑制する新規 DUB の機能解析 第39回日本分子生物学会年会 2016

Takahashi H, Suzuki Y, Sameshima Y, Vasudevan SG, Yamamoto N, Sawasaki T. Identification of host E3 ligases targeting dengue virus nonstructural protein 4B using wheat cell-free based-E3 protein array technology. International Union of Microbiological Societies 2017. 2017

Takahashi H, Sameshima Y, Mitsumori R, Imamura M, Suzuki Y, Vasudevan SG, Suzuki T, Takaji W, Sawasaki T. Functional analysis of a novel host E3 ligase targeting dengue virus nonstructural protein 4B. 24th International Symposium on Hepatitis C Virus and Related Viruses 2017

高橋 宏隆、壽美田 一貴、河口 理紗、小藤 智史、笠原 亜希子、井上 竜也、櫻井 秀敬、和田 直也、久保田一石、佐々木 敦朗、澤崎 達也 GTP 結合タンパク質 PI5P4K β によって制御される、PI(5)P の標的タンパク質の網羅的探索系の構築 2017 年度生命科学系学会合同年次大会(ConBio2017) 2017

澤崎 達也、高橋 宏隆 無細胞プロテオミクス 2017 年度生命科学系学会合同年次大会 (ConBio2017) 2017

野澤 彰、根本 圭一郎、澤崎 達也 花芽形成を制御する薬剤開発 岩手生物工学研究センター第 237 回公開セミナー 2017

澤崎 達也 コムギ無細胞系を基盤とした新規タグ-抗体システムと薬剤探索技術の開発 岩手生物工学研究センター第 237 回公開セミナー 2017

野澤 彰 コムギ無細胞タンパク質合成法の植物産業への利用 Protein Island Matsuyama 2017 産学官交流会 2017

根本 圭一郎、澤崎 達也 Phos-tag®: 生化学的および細胞内タンパク質のリン酸化解析のため最適ツール 第 68 回日本電気泳動学会総会 2017

澤崎 達也 無細胞プロテインアレイを用いたタンパク質の生化学的ビックデータ 第 56 回 数理医学研究会 2017

澤崎 達也 コムギ無細胞系を活用した植物チロシンキナーゼ TAGK の発見と新しいジベレリン応答制御機構の同定 第 22 回 東京大学生物生産工学研究センターシンポジウム 2017

高橋 宏隆 ヒト脱ユビキチン化酵素タンパク質アレイの作製と生化学的解析 第一回 ユビキチン研究会 一般シンポジウム 2018

澤崎 達也 コムギ無細胞プロテインアレイを活用した植物チロシンキナーゼ TAGK の発見と生物学的役割の解析 第 2 回数値シグナル公開シンポジウム 2018

澤崎 達也 コムギ無細胞系を基盤とした薬剤開発技術 第 18 回 日本蛋白質科学会 2018

澤崎 達也 くすりはタンパク質を狙う 第 91 回日本薬理学会年会/第 18 回国際薬理学・臨床薬理学会議 (WCP2018) 市民公開講座 2018

Takahashi H, Iwasaki T, Takeda H, Ito H, Fukuhara T, Suzuki T, Matsuura Y, Sawasaki T Comprehensive in vitro screening to identify the host proteins that binds to HBs protein using wheat cell-free technology. コムギ無細胞系を用いた HBV-S タンパク質に結合する宿主タンパク質の網羅的探索 第 65 回ウイルス学会学術集会 2018

竹田 浩之、澤崎 達也 Acceleration of RNA biology-targeting drug discovery in cancer using cell-free technology 第 77 回日本癌学会学術総会 2018

高橋 宏隆、山中 聡士、栗田 翔平、後藤 栄治、今井 賢一郎、富井 健太郎、佐藤 裕介、深井 周也、徳永 文穂、澤崎 達也 コムギ無細胞系を用いて作製したヒト脱ユビキチン化酵素(DUB)プロテインアレイによるポリユビキチン鎖基質特異性解析と DUB 阻害剤の選択性評価 第 41 回日本分子生物学学会年会 2018

Sawasaki T Cell-free based protein array 1st International symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks 2019

Yamanaka S, Murai H, Saito D, Abe G, Suzuki T, Tamura K, Sawasaki T. Screening system for identification of novel thalidomide-dependent substrates using cell-free protein array. EMBO WORKSHOP: Limb

Development and Regeneration: New Tools for a Classic Model System 2019

坂東 果実、根本 圭一郎、野澤 彰、澤崎 達也 花芽形成を制御する転写因子 FD の DNA 結合能に関する生化学的解析 第 60 回日本植物生理学会年会 2019

江村 祐希、高橋 宏隆、澤崎 達也 コムギ無細胞系を用いた DENV の NS タンパク質並びにポリプロテインの合成と機能解析 第 34 回 中国四国ウイルス研究会 2019

重松 裕樹、岩崎 隆宏、竹田 浩之、鈴木 陽一、高橋 宏隆、澤崎 達也。デングウイルス NS3 と相互作用する新規宿主因子の探索と機能解析 第 34 回 中国四国ウイルス研究会 2019

林 徳宙、岩崎 隆宏、竹田 浩之、入江 崇、高橋 宏隆、澤崎 達也。ウイルス RNA 受容体 MDA5 に結合し、IFN 産生シグナルを抑制する脱ユビキチン化酵素の同定と機能解析 第 34 回 中国四国ウイルス研究会 2019

高橋 宏隆 ユビキチン化酵素タンパク質アレイを用いたユビキチンシグナル解析 ～地方は人と違う道を歩む～ 関西学院大学 理工学部講演会 2019

高橋 宏隆、山中 聡士、後藤 栄治、及川 大輔、佐藤 裕介、深井 周也、徳永 文稔、澤崎 達也 コムギ無細胞タンパク質合成系を基盤としたヒト脱ユビキチン化酵素タンパク質アレイの作製と応用 第 24 回 日本病態プロテアーゼ学会学術集会 2019

山中 聡士、澤崎 達也 無細胞プロテインアレイを用いたサリドマイド依存的基質探索 第 92 回日本生化学会大会 2019

Takahashi H, Suzuki Y, Sameshima Y, Kato F, Hishiki T, Vasudevan SG, Sawasaki T RNF26 is a novel host E3 ligase targeting dengue virus nonstructural protein 4B. 第 67 回 日本ウイルス学会学術集会 2019

Shigematsu Y, Takahashi H, Takeda H, Suzuki Y, Sawasaki T. Identification and functional analysis of host factor proteins targeting DENV NS3. 第 67 回 日本ウイルス学会学術集会 2019

澤崎 達也 アカデミア創薬をひと押しするコムギ無細胞系を基盤とした支援技術 日本農芸化学会 2019 年度大会 2019

澤崎 達也 無細胞系を基盤とした分子標的農薬技術 と 祖先型酵素技術の開発 アグリ・バイオ公開シンポジウム 2019

塩屋 亮平、城戸 康希、中野 祥吾、伊藤 創平、澤崎 達也 AGIAiD : AirID を利用した抗体依存的ビオチン化法の開発 第 19 回日本蛋白質科学会年会 2019

城戸 康希、中野 祥吾、伊藤 創平、澤崎 達也 新規近接依存性ビオチン標識酵素 AirID の開発 第 19 回日本蛋白質科学会年会 2019

澤崎 達也 愛媛大学におけるタンパク質生産・創薬の BINDS 支援の紹介 BINDS 連携セミナー 2019

澤崎 達也 ヒトプロテインアレイを用いた抗体評価技術 第 14 回 日本臨床ストレス応答学会大会 2019

高橋 宏隆、林 徳宙、竹田 浩之、入江 崇、澤崎 達也 ウイルス RNA 受容体 MDA5 に結合し、IFN 産生シグナルを抑制する脱ユビキチン化酵素の同定と機能解析 第 14 回 日本臨床ストレス応答学会大会 2019

野澤 彰、澤崎 達也 コムギ無細胞系を利用したジベレリンアゴニスト化合物の開発 中国四国地区生物系三学会合同大会広島大会 2019

野澤 彰 無細胞系で膜タンパク質をつくる 「細胞を創る」研究会 2019

篠原 颯太、城戸 康希、根本圭一郎、西原 昌宏、野澤 彰、澤崎 達也 コムギ無細胞系を基盤とした AncBirA を用いた植物ホルモンのシグナル伝達に関与するタンパク質探索系の構築 植物化学調節学会 第 54 回大会 2019

野澤 彰、宮崎 瞭子、青木 是直、小林 勇太、小野 充人、大石 峻太郎、穆 迪、酒井 惇平、成山 陸、廣瀬 滯奈、根本 圭一郎、藤田 景子、鈴木 俊二、澤崎達也 コムギ無細胞系を利用したジベレリン受容体アゴニスト化合物の単離とその効果検証 植物化学調節学会 第 54 回大会 2019

城戸 康希、塩屋 亮平、中野 祥吾、伊藤 創平、小迫 英尊、澤崎 達也 新規近接依存性ビオチン標識酵素 AirID の開発と AGIAiD への応用 第 14 回無細胞生命科学研究会 2019

Nemoto K, Nozawa A, Sawasaki T. Identification of new abscisic acid receptor agonists and their characterization FASEB Science Reserch Coference. The Mechanisms in Plant Development Conference 2019

Takahashi H, Shioya R, Matake S, Takeda H, Ono C, Fukuhara T, Matsuura Y, Sawasaki T Development of novel approach to identify HBV receptor proteins based on in vitro protein-protein interaction assay 2019 International HBV Meeting 2019

野澤 彰、谷崎 圭隆、山田 航大、横山 紗里、田中 響久、竹田 浩之、澤崎 達也 無細胞タンパク質合成系を用いたチャンネルタンパク質解析系の構築 第 14 回無細胞生命科学研究会 2019

Takahashi H, Yamanaka S, Sato Y, Goto E, Oikawa D, Fukai S, Tokunaga F, Sawasaki T. Establishment of a protein array system consisted of 90 human recombinant deubiquitinating enzymes (DUBs) proteins for assessment of linkage specificity of each DUB and evaluation of the selectivity of DUB inhibitors. EMBO workshop. The ubiquitin system: Biology, mechanisms and roles in disease. 2019

Yamanaka S, Tokunaga S, Sawasaki T Screening system for chemical compound-dependent binding proteins using cell-free protein array Drug Discovery Chemistry. 2019

高橋 宏隆、及川 大輔、長尾 和哉、岩崎 誠、今井 祐記、徳永 文稔、澤崎 達也 直鎖状ポリユビキチン鎖結合タンパク質 ZnUBP ファミリーの NF- κ B抑制機構の解明 第 42 回 日本分子生物学会年会 2019

林 徳宙、高橋 宏隆、竹田 浩之、入江 崇、澤崎 達也 ウイルス RNA 受容体 MDA5 に結合し、IFN 産生シグナルを抑制する脱ユビキチン化酵素の同定と機能解析 第 42 回 日本分子生物学会年会 2019

谷口 健、高橋 宏隆、入江 崇、澤崎 達也 IRF3 のユビキチン化修飾により IFN シグナル伝達を制御する新規 E3 リガーゼの同定 第 42 回 日本分子生物学会年会 2019

松岡 沙耶、山中 聡士、澤崎 達也 コムギ無細胞系プロテインアレイを用いた CRBN に相互作用するタンパク質の探索と同定 第 42 回 日本分子生物学会年会 2019

庄屋 祐希、山中 聡士、福田 尚代、澤崎 達也 サリドマイド依存的タンパク質分解タグの開発 第 42 回 日本分子生物学会年会 2019

徳永 聡、澤崎 達也 コムギ無細胞を基盤とした抗がん剤 E7820 依存的相互作用タンパク質の探索 第 42 回 日本分子生物学会年会 2019

山中 聡士、村井 英隆、齋藤 大介、阿部 玄武、高橋 宏隆、竹田 浩之、鈴木 孝幸、田村 宏治、澤崎 達也コムギ無細胞プロテインアレイを用いたサリドマイド依存的な CRBN 基質の同定 第 42 回 日本分子生物学会年会 2019

Takahashi H. Biochemical analysis of DENV non-structural proteins using a wheat cell-free protein synthesis system. 5th Peptides and Proteins Symposium Singapore 2019

三好 省吾、徳永 聡、小澤 龍彦、竹田 浩之、青野 光男、三好 孝典、岸 裕幸、村口 篤、清水 伸一、野澤 彰、澤崎 達也 Citrus mosaic virus を検出するウサギモノクローナル抗体の作製 農芸化学会中四国支部第 56 回講演会 2020

三好 省吾、徳永 聡、小澤 龍彦、竹田 浩之、青野 光男、三好 孝典、岸 裕幸、村口 篤、清水 伸一、野澤 彰、澤崎 達也 高感度カンキツウイルス検出系構築に向けたウサギモノクローナル抗体の作成 第 61 回日本植物生理学会年会 2020

檜垣 佳奈、高橋 宏隆、山中 聡士、徳永 文稔、澤崎 達也 コムギ無細胞プロテインアレイ技術を

用いたヒト脱ユビキチン化酵素の特異的阻害剤の開発 第 61 回 日本生化学会中国・四国支部例会 2020 (誌上開催)

山田 航大、谷崎 圭隆、竹田 浩之、野澤 彰、澤崎 達也 コムギ無細胞技術を基盤としたイオンチャンネル解析技術の開発 第 61 回 日本生化学会中国・四国支部例会 2020 (誌上開催)

新規マラリアワクチン候補 GAMA に対する侵入阻害抗体の作製 曾我 郁弥、徳永 聡、小澤 龍彦、長岡 ひかる、高島 英造、岸 裕幸、村口篤、坪井 敬文、澤崎 達也 第 61 回 日本生化学会中国・四国支部例会 2020 (誌上開催)

城戸 康希、澤崎 達也 生体内インタラクトーム解析に適した近位依存性ビオチン化酵素 AirID の開発 第 71 回日本電気泳動学会総会 2020 (web 開催)

高橋 宏隆、山中 聡士、栗田 翔平、檜垣 佳奈、佐藤 裕介、深井 周也、徳永 文稔、澤崎 達也。USP ファミリーの脱ユビキチン化酵素を特異的に阻害する低分子化合物の開発。第 93 回 日本生化学会大会 シンポジウム「ケモテクノロジーが拓くユビキチンニューフロンティア」 2020 (web 開催)

城戸 康希、澤崎 達也 タンパク質分子インタラクトーム解析に向けた新規近接ビオチン化酵素 AirID の開発 第 93 回日本生化学会大会 2020 (web 開催)

村松 ちひろ、野澤 彰、根本 圭一郎、澤崎 達也 植物体で利用可能な新規ケミカルプロテインノックダウン技術の構築 第 55 回植物化学調節学会大会 2020 (web 開催)

堀 凌輔、野澤 彰、佐藤 明子、嶋田 幸久、澤崎 達也 コムギ無細胞系を基盤としたオーキシン依存的 TIR1-IAA 相互作用解析系の構築 第 55 回植物化学調節学会大会 2020 (web 開催)

高橋 宏隆 コムギ無細胞タンパク質アレイ技術を用いたユビキチンシグナル解析。第 6 回日本血管生物学会若手研究会 2020

高橋 宏隆、長尾 和哉、岩崎 誠、佐藤 裕介、及川 大輔、徳永 文稔、澤崎 達也 コムギ無細胞系を用いた直鎖状ユビキチン鎖の新規デコーダー分子の網羅的探索と機能解析。第 43 回 日本分子生物学会年会 ワークショップ「多彩な生理機能を発揮するユビキチンコードのバイオロジー」 2020 (web 開催)

庄屋 祐希、山中聡士、福田尚代、柴田哲男、澤崎達也 標的タンパク質の選択的分解のための IMiD 誘導性 SALL4 デグロンシステム 第 43 回日本分子生物学会年会 2020 (web 開催)

松岡 沙耶、山中 聡士、澤崎 達也 *in vitro* 及び *in cell* における PROTAC 依存的に相互作用する基質探索系の構築 第 43 回日本分子生物学会年会 2020 (web 開催)

山田 航大、城戸 康希、塩屋 亮平、澤崎 達也 タンパク質-タンパク質相互作用解析のための AirID を用いた AGIA タグ依存的近位依存性ビオチン化技術 AGIAiD 第 43 回日本分子生物学会年会 2020 (web 開催)

徳永 聡、長岡 ひかる、小澤 龍彦、岸 裕幸、村口 篤、坪井 敬文、高島 英造、澤崎 達也 新規マラリアワクチン候補 PfRipr により誘導されるウサギモノクローナル抗体の評価 第 43 回日本分子生物学会年会 2020 (web 開催)

Masaaki Oyama. Phosphoproteomics-based Network Analysis of Cancer Cell Signaling Regulation. 8th Asia Oceania Human Proteome Organization Congress (AOHUPO 2016) 2016

坪井 裕見、尾山 大明、秦 裕子、伊藤 彰彦、村上 善則. がん抑制遺伝子 CADM1 による Cbp を介した Src 経路抑制機構の解析. 第 75 回日本癌学会学術総会 2016

橋本 拓磨、斎藤 裕樹、秦 裕子、榎本 敦、堀川 大樹、荒川 和晴、片山 俊明、豊田 敦、尾山 大明、宮川 清、久保 健雄、國枝 武和. 放射線耐性動物クマムシの新規タンパク質によるヒト培養細胞における DNA 傷害の抑制と放射線耐性の向上. 日本放射線影響学会第 59 回大会 2016

秦 裕子、成島 悠太、廣木 朋子、那須 亮、津本 浩平、井上 純一郎、秋山 徹、尾山 大明

高深度定量リン酸化プロテオミクスと大規模インタラクトーム情報を基盤とする膠芽腫幹細胞情報伝達系の統合ネットワーク解析. 第 39 回日本分子生物学会年会 2016

野口 賢太郎、須澤 壮崇、西 賢二、秦 裕子、尾山 大明、程 久美子. ヒト TNRC6A タンパク質の核内相互作用因子の同定と機能解析. 第 39 回日本分子生物学会年会 2016

須澤 壮崇、西 賢二、秦 裕子、尾山 大明、程 久美子. ヒト GW182 ファミリータンパク質のリン酸化による RNA サイレンシング活性の制御. 第 39 回日本分子生物学会年会 2016

國枝 武和、橋本 拓磨、堀川 大樹、近藤 小雪、田中 冨、桑原 宏和、秦 裕子、尾山 大明、榎本敦、宮川 清、原 雄一郎、横堀 伸一、小原 雄治、藤山 秋佐夫、荒川 和晴、片山 俊明、豊田 敦. ヨコヅナクマムシのゲノム解読と新規 DNA 保護タンパク質の発見. 第 2 回クマムシ学研究会 2017

田中 冨、秦 裕子、尾山 大明、田中 順子、三輪 佳宏、豊田 敦、片山 俊明、荒川 和晴、國枝 武和. ヨコヅナクマムシにおけるミトコンドリア局在タンパク質の同定と解析. 第 2 回クマムシ学研究会 2017

朔 あかり、山口 貴世志、池上 恒雄、藤幸 知子、米田 美佐子、秦 裕子、尾山 大明、甲斐 知恵子、古川 洋一. 腫瘍溶解性麻疹ウイルスレセプター PVRL4 の発現調節機構の解明. 第 76 回日本癌学会学術総会 2017

Masaaki Oyama, Hiroko Kozuka-Hata. Comprehensive network analysis of cancer cell signaling through systematic integration of post-translational modification dynamics. 12th International Symposium of the Institute Network 2017

國枝 武和、橋本 拓磨、堀川 大樹、近藤 小雪、田中 冨、柴原 礼良、桑原 宏和、秦 裕子、尾山 大明、榎本 敦、宮川 清、原 雄一郎、横堀 伸一、小原 雄治、藤山 秋佐夫、久保 健雄、荒川 和晴、片山 俊明、豊田 敦. ベールを脱ぎ始めたクマムシの極限環境耐性メカニズム 2017 年度生命科学系学会合同年次大会 (ConBio2017) 2017

小塚 (秦) 裕子、廣木 朋子、北村 亜矢、市倉 慎也、津本 浩平、井上 純一郎、尾山 大明 大規模細胞プロテオームデータを用いた包括的ユビキチン結合モチーフ解析. 2017 年度生命科学系学会合同年次大会 (ConBio2017) 2017

須澤 壮崇、宗像 扶早子、西 賢二、秦 裕子、尾山 大明、程 久美子. ヒト GW182 ファミリータンパク質のリン酸化による microRNA サイレンシング制御機構の解明. 2017 年度生命科学系学会合同年次大会 (ConBio2017) 2017

野口 賢太郎、須澤 壮崇、西 賢二、秦 裕子、尾山 大明、程 久美子. ヒト TNRC6A ノックアウト細胞の作製と核内トランスクリプトーム解析. 2017 年度生命科学系学会合同年次大会 (ConBio2017) 2017

Masaaki Oyama, Hiroko Kozuka-Hata. Systematic discovery of cancer biomarkers by integrative post-translational modification-directed proteomics. Mass Spectrometry and Proteomics 2018 (MSP2018) 2018

小塚 (秦) 裕子、北村 亜矢、廣木 朋子、相澤 愛子、津本 浩平、井上 純一郎、尾山 大明 大規模ユビキチン化及びアセチル化プロテオーム解析によるシグナル伝達制御機構の解明 第 41 回日本分子生物学会年会 2018

須澤 壮崇、Valeriia Volodkina、西 賢二、秦 裕子、尾山 大明、程 久美子. 細胞内局在に依存した TNRC6A の AGO 結合ドメインのリン酸化とその機能解析. 第 41 回日本分子生物学会年会 2018

尾山 大明、秦 裕子. 高精度プロテオミクスによるシグナル伝達制御機構の数理ネットワーク解析. 2018 年度数理腫瘍学研究会 2018

秦 裕子. Proteome-wide analysis of lysine acetylation and ubiquitination reveals critical signaling regulation in cancer cells. 第2回ユビキチン研究会 2019

Masaaki Oyama. Integrative network analysis of phosphorylation-dependent signaling dynamics in cancer cells. JSPS Core to Core meeting 2019

Hiroko Kozuka-Hata. System-wide analysis of lysine modification sites based on large-scale cellular proteome data. JSPS Core to Core meeting2019

秦 裕子、北村 亜矢、廣木 朋子、相澤 愛子、津本 浩平、井上 純一郎、尾山 大明. 翻訳後修飾プロテオミクスによるがん化シグナルネットワーク解析. 第 15 回日本臨床プロテオゲノミクス研究会 2019

田中 彬寛、中野 智美、西郷 永希子、安井 玲太郎、秦 裕子、尾山 大明、國枝 武和. 脱水ストレスにตอบสนองして繊維/液滴状構造を形成するクマムシタンパク質群の同定と解析. 第 42 回日本分子生物学会年会 2019

舘林 和夫、山本 勝良、尾山 大明、秦 裕子、富田 太一郎、徳永 裕二、斎藤 春雄. 高浸透圧がモノリン酸化 Pbs2 MAPK キナーゼによる Hog1 MAP キナーゼのリン酸化を促進することで、高浸透圧刺激特異的 HOG 経路活性化が保障される. 第 42 回日本分子生物学会年会 2019

秦 裕子、北村 亜矢、廣木 朋子、相澤 愛子、宮村 尚明、小嶋 由希子、津本 浩平、井上 純一郎、尾山 大明. リシンアセチル化及びユビキチン化が規定する細胞応答ネットワークの時系列プロテオーム解析. 第 42 回日本分子生物学会年会 2019

宮下 諒太、西山 敦哉、千葉 祥恵、尾山 大明、秦 裕子、中西 真. S 期進行に伴う DNA 維持メチル化因子 PAF15 のクロマチン解離機構の解明. 第 42 回日本分子生物学会年会 2019

尾山 大明、秦 裕子. Pulsed SILAC 法を用いた癌細胞内タンパク質ターンオーバーのプロテオーム解析. 2019 年度数理腫瘍学研究会 2019

Masaaki Oyama, Hiroko Kozuka-Hata. Integrative network analysis of cancer cell signaling by high-resolution proteomics. JSPS Core-to-Core Program “Establishing International Research Network of Mathematical Oncology” 2020

尾山 大明、秦 裕子. 高精度翻訳後修飾プロテオミクスによるシグナルネットワーク解析

第 71 回日本電気泳動学会総会 2020

Hiroko Kozuka-Hata, Tomoko Hiroki, Aya Kitamura, Aiko Aizawa, Naoaki Miyamura, Kouhei Tsumoto, Jun-ichiro Inoue, Masaaki Oyama. High-resolution proteomic analysis of EGF-regulated ubiquitination dynamics in human cancer cells 第 43 回日本分子生物学会年会 2020

秦 裕子、廣木 朋子、北村 亜矢、相澤 愛子、宮村 尚明、津本 浩平、井上 純一郎、尾山 大明. ヒトがん細胞における EGF 刺激依存的プロテオームダイナミクスの高深度動態解析 第 16 回日本臨床プロテオゲノミクス研究会 2020

【公募研究】

Zhikuan Zhang, Umeharu Ohto, Toshiyuki Shimizu Structural studies of Toll-like receptor 7 The 67th Annual Meeting of the American Crystallographic Association (ACA 2017), New Orleans, USA 2017

Umeharu Ohto, Sakiko Maekawa, Toshiyuki Shimizu Crystal structure of the autoinhibited form of NOD2 The 67th Annual Meeting of the American Crystallographic Association (ACA 2017), New Orleans, USA 2017

Shunya Sakurai, Umeharu Ohto, Toshiyuki Shimizu The crystal structure of AhRR/ARNT complex 24th Congress and General Assembly of the International Union of Crystallography, Hyderabad, India 2017

Umeharu Ohto Sperm-egg interaction revealed by the structure of IZUMO1-JUNO complex American Society for Reproductive Medicine (ASRM) 2017 Scientific congress & EXPOSan Antonio, USA 2017

櫻井駿也、大戸梅治、清水敏之 Aryl hydrocarbon receptor の機能発現機構解明に向けた構造生物学的研究 第 17 回日本蛋白質科学会年会, 仙台 2017

櫻井駿也, 大戸梅治, 清水敏之 Aryl hydrocarbon receptor repressor (AhRR)による AhR の転写抑制機構の構造基盤解明 2017年度生命科学系学会合同年次大会, 神戸 2017

Zhikuan Zhang, Umeharu Ohto, Toshiyuki Shimizu Structural analysis reveals ligand recognition mechanism of Toll-like receptor 7 2017年度生命科学系学会合同年次大会, 神戸 2017

櫻井駿也, 清水敏之, 大戸梅治 AhRR-ARNT ヘテロダイマーによる AhR の転写抑制機構の構造基盤 日本薬学会 第138年会, 金沢 2018

Umeharu Ohto, Toshiyuki Shimizu Structural biology of Toll-like receptors 第56回日本生物物理学会 2018

U. Ohto, H. Ishida., T. Shibata, R. Sato, K. Miyake, T. Shimizu The simultaneous binding of two DNA motifs for efficient activation of TLR9 revealed by X-ray Crystallography Toll meeting 2018, Porto, Portugal 2018

Zhikuan Zhang, Umeharu Ohto, Takuma Shibata, Ryota Sato, Sunil A. David, Kensuke Miyake, Toshiyuki Shimizu Ligand recognition mechanism of Toll-like receptor 7 revealed by a large-scale crystallographic study Toll meeting 2018, Porto, Portugal 2018

大戸梅治 ZOO system を用いた自動回折データ収集の実際 第11回 SPring-8 ユーザー共同体 (SPRUC)放射光構造生物学研究会 2019

大戸梅治, 清水敏之 一回膜貫通型 Toll 様受容体のリガンド認識とシグナル伝達機構の構造基盤 第19回日本蛋白質科学会 第71回日本細胞生物学会 合同年次大会 2019

大戸梅治, 清水敏之 自然免疫を担う病原体センサー蛋白質の構造基盤の解明と創薬展開 日本薬学会 第139年会 2019

本田信治 上坂美紀, 横山歩, 本田信治, 山火事の熱と煙で目覚めるアカパンカビ子嚢胞子のシグナル伝達経路網、第91回日本遺伝学会、2019年

本田信治, 山火事の熱と煙で目覚めるアカパンカビ子嚢胞子のシグナル伝達経路網、第45回岡山植物病理セミナー、2019年

Uesaka M, Yokoyama A and Honda S, Ascospores use stress-activation MAP kinase pathway for semi-permanent dormancy in *Neurospora crassa*, 1st International Symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks, 2018

Uesaka M, Yokoyama A and Honda S, Ascospore sleepless-1 and -2 are required for ascospore dormancy in *Neurospora crassa*, Neurospora meeting 2018, 2018

五島剛太 Spindle pole organisation by the microcephaly protein ASPM 神経細胞シンポジウム 「International Symposium on Neural Precursor Cell Fate Determination, Differentiation and Neuronal Circuit Formation」 2017

五島剛太 Spindle pole focusing by the microcephaly protein ASPM. CSH Asia 2017 Conference on Cilia & Centrosomes 2017

五島剛太 Spindle orientation without centrosomes EMBO2017 Frontiers in Cytoskeleton Research Meeting 2017

五島剛太 Microtubules and motors in moss. The 1st IROAST Symposium 「Plant Cell and Developmental Biology: Approaches to Multiscale Biosystems」 2017

五島剛太 Kinesins at the crossroads of microtubule organization and assembly. EMBO | EMBL Symposia 「Microtubules: From Atoms to Complex Systems」 2018

五島剛太 Cell division in plants. 植物研究発表会 2018

五島剛太 Microtubules and cell division in plants. The 7th IMPRS-CMB Students' Symposium 2018

五島剛太 Mechanism of cell division in plants 第41回日本分子生物学会年会 2018

五島剛太 Mitosis in plants. HBIGS WINTER SCHOOL for PhD students 2019: Molecular mechanisms in mitosis 2019

五島剛太 Cell division in moss stem cells 第 60 回日本植物生理学会年会 2019

五島剛太 Consequences of chromosome mis-segregation in moss stem cell. International Symposium: Principles of pluripotent stem cells underlying plant vitality 2019

五島剛太 Functional live imaging of microtubule cytoskeleton in moss. EMBO Practical Course 「Functional live imaging of plants 」 2019

五島剛太 多様な生命現象を司る微小管 -中心体集合システム-. 第 92 回日本生化学学会大会 2019

五島剛太 Spindle and chromosome motility in plant cells. 井上信也先生に捧げる生物物理学会シンポジウム 2020

五島剛太 Cell division without a gene required for cell division. The Biochemical Society and the British Society for Cell Biology -Dynamic Cell IV- 2021

五島剛太 Spindle formation without a gene required for spindle formation. Mitotic spindle: From living and synthetic systems to theory 2021

花房洋 LRRK1 による細胞内トラフィックを介した EGFR シグナル制御 ConBio2017 (生命科学系学会合同年次大会) 2017

花房洋 LRRK1 によるエンドソームから発信される EGFR シグナルの制御 第 91 回日本生化学学会大会シンポジウム 2018

花房洋 ROCO family kinase LRRK1 regulates the transport and maturation of EGFR-containing endosomes BITs 8th Annual Congression of Molecular & Cell Biology 2018

花房洋 小胞体-エンドソームコンタクトサイトにおける EGFR 活性制御機構 第 19 回蛋白質科学会・第 71 回細胞生物学会合同年次大会 2019

花房洋、八木拓也、西岡朋生、貝淵弘三、白壁恭子、松本邦弘 LRRK1 は Rab7 Ser-72 をリン酸化し、エフェクター分子 RILP による EGFR 含有エンドソームの輸送を促進する 第 42 回日本分子生物学会 2019

藤田宏明 “Crucial roles of unexpected interaction between subunits of LUBAC ubiquitin ligase in NF- κ B and cell death regulation” 第 9 回シグナルネットワーク研究会 2017

藤田宏明、徳永輝、岩井一宏 “Crystal structure of trimeric LUBAC reveals essential role of a novel HOIL-1L-SHARPIN interaction in LUBAC formation and function” 第 40 回日本分子生物学会 シンポジウム 2017

藤田宏明 “細胞の生存と死を決定する制御システムの数理モデル化” 第 27 回 がん転移学会 シンポジウム 口頭発表 2018

藤田宏明 “Cooperative domain formation by homologous motifs in HOIL-1L and SHARPIN plays crucial roles in LUBAC stabilization” 第 91 回日本生化学学会 2018

藤田宏明、徳永輝、岩井一宏 “直鎖状ユビキチン鎖を生成する LUBAC の安定な複合体形成機構とその阻害” 第 41 回日本分子生物学会 2018

藤田宏明 “LUBAC 安定化機構の解明と応用” 医科研若手シンポジウム 2019

藤田宏明、 “Mathematical modeling of biological systems that regulate cell survival and death” 数理シグナル 第一回国際シンポジウム 2019

名田茂之、岡田雅人 Regulator は単に Rag の足場なのか？ 第 9 回 TOR 研究会 2019

梶原健太郎、岡田雅人 シグナル伝達の時空間的制御による組織再生とがん進展 蛋白質研究所セ

ミナー「がん研究の新機軸」 2019

Woei-Yaw Chee, Masato Okada. The interconnection between β -catenin and lipid droplets in naked mole rat: thenexus for cellular metabolism and senescence. 27th FAOBMB & 44th MSBMB Conference 2019

梶原健太郎 シグナル伝達の時空間的制御による組織再生とがん進展. 新学術領域研究「数理シグナル」第3回 若手ワークショップ 2019

伊藤静夏、名田茂之、岡田雅人. 腸管上皮における p18-mTORC1 シグナル経路の生理機能の解析. 第42回日本分子生物学会 2019

野下創史、久保祐貴、西田裕毅、岡田雅人. TGF- β 1 刺激がもたらすがん原遺伝子 SRC の転写活性化機構の解明. 第42回日本分子生物学会 2019

池口弘太郎、木村哲也、岡田雅人. 肝細胞における Lamtor1 遺伝子の役割と脂質代謝への影響. 第42回日本分子生物学会 2019

Woei-Yaw Chee, Junhyeong Kim, Kyoko Miura, Tohru Ishitani, Masato Okada. The interconnection between β -catenin and Lipid Droplets in Naked Mole Rat: The Nexus for Cellular Metabolism and Senescence. 第42回日本分子生物学会 2019

河瀬直之、杉原充哉、岡田雅人. HGF 依存的な浸潤現象における CDCP1 の役割. 第42回日本分子生物学会 2019 河瀬直之、杉原充哉、岡田雅人

梶原健太郎、松本邦夫、岡田雅人. 腎臓尿細管の再生におけるシグナル伝達の時空間的制御. 第42回日本分子生物学会 2019

名田茂之、岡田雅人. Ragulator は単に Rag の足場なのか? 2020 年版. 第10回 TOR 研究会 (オンライン TOR 研究会@Zoom) 2020

岡田雅人. Src がん遺伝子産物の機能と制御—電気泳動によるタンパク質化学からのアプローチ—. 第70回日本電気泳動学会シンポジウム 2020

齊藤達哉 オルガネラ損傷により誘導される自然免疫応答の理解と制御 第69回日本細胞生物学会大会, シンポジウム 2017

齊藤達哉 オルガネラ損傷により誘導される自然免疫応答の理解と制御 第1回感覚免疫学研究会 2017

齊藤達哉 オルガネラ損傷により誘導される自然免疫応答の理解と制御 第15回がんとハイポキシア研究会 2017

Tatsuya Saitoh Understanding and manipulation of organelle-mediated innate immune response. The 12th International Symposium of the Institute Network 2017

Michihiro Takahama, Tatsuya Saitoh. The RAB2B-GARIL5 complex promotes cytosolic DNA-induced interferon responses. The 2017 American Society for Cell Biology / EMBO Joint Meeting, 2017

齊藤達哉 生体防御応答を制御するオルガネラ・ゾーンの理解 ConBio2017, ワークショップ 2017

高濱充寛, 審良静男, 齊藤達哉 RAB2B-GARIL5 complex promotes innate immune response against DNA virus 第46回日本免疫学会 2017

王静, Paul Kubes, 齊藤達哉 Tracking the fate of neutrophils in sterile injury using photoactivation and intravital imaging 第46回日本免疫学会 2017

齊藤達哉 細胞外微粒子による炎症応答の誘導機序解明と制御法開発 生化学若い研究者の会「冬のセミナー2018」 2018

齊藤達哉 細胞外微粒子による炎症応答の誘導機序解明と制御法開発 第51回日本痛風・核酸代謝学会総会 2018

齊藤達哉 生体防御応答を司るオルガネラ・ゾーンの理解と制御 日本薬学会第 138 年会 シンポジウム 2018

齊藤達哉 自然免疫機構を介した炎症応答の理解と制御—オミクス研究の観点から—

第 27 回千葉大学大学院薬学研究院 薬友会生涯教育セミナー・宮木高明記念講演会 —創薬と医療薬学の新潮流— 2018

齊藤達哉 自然免疫研究におけるオミクスの有用性 第 2 回質量分析インフォマティクス・ハッカソン・シンポジウム 2018

齊藤達哉 抗ウイルス応答における自然免疫機構の役割の解明 第 1291 回京都大学ウイルス・再生医科学研究セミナー／ウイルス感染症・生命科学先端融合的共同研究拠点セミナー 2018

Tatsuya Saitoh Understanding and controlling organelle-mediated innate immune responses. 15th conference of the Asian Society of Mitochondrial Research and Medicine 2018

齊藤達哉 自然免疫応答と炎症性疾患発症のメカニズム：食との関係 第 43 回健康食品セミナー 2019

齊藤達哉 微粒子による健康被害に対する治療薬・予防薬の開発 創薬シーズ事業化コンペティション 2019

齊藤達哉 オルガネラ連携が仲介する自然免疫応答の制御 第 92 回日本薬理学会年会 2019

齊藤達哉 微粒子が誘導する自然免疫応答の理解と化合物による制御 日本薬学会第 139 年会 シンポジウム 2019

齊藤達哉 自然免疫から読み解く食と病気との関係 第 6 回クリオイル研究会 2019

武村直紀, 松井裕大, 齊藤達哉 Nanaomycin A は NLRP3 インフラマソームの活性化を阻害する フォーラム 2019：衛生薬学・環境トキシコロジー 2019

齊藤達哉 生体防御応答に関わるオルガネラ・ゾーンの理解と制御 第 92 回日本生化学会大会, シンポジウム 2019

松井祐大, 武村直紀, 齊藤達哉 Nanaomycin A は ATP 誘導性の炎症を抑える 第 69 回 日本薬学会 関西支部総会・大会 2019

佐々木稜介, 武村直紀, 齊藤達哉 15d-Prostaglandin J2 はインフラマソームが誘導する炎症を抑制する 第 69 回 日本薬学会関西支部総会・大会 2019

生駒健太, 武村直紀, 齊藤達哉 刺激性微粒子による IL-1 α および IL-1 β の放出を阻害する化合物の探索 第 69 回 日本薬学会関西支部総会・大会 2019

武村直紀, 松井裕大, 齊藤達哉 Nanaomycin A は ATP 誘導性の炎症を抑える 日本薬学会第 140 年会 2020

齊藤達哉 微粒子が誘導するパイロトーシスの機序解明と制御法開発 日本薬学会第 140 年会, シンポジウム 2020

生駒健太, 武村直紀, 齊藤達哉 刺激性微粒子による炎症応答を抑制する生薬由来化合物の解析 日本薬学会第 140 年会 2020

齊藤達哉 オルガネラ膜損傷により誘導される炎症応答の理解と制御 第 93 回日本生化学会大会, シンポジウム オンライン開催 2020

佐々木稜介, 武村直紀, 齊藤達哉 インフラマソーム活性化を抑制するプロスタグランジン類の同定と効果検証 第 70 回日本薬学会関西支部大会 オンライン開催 2020

生駒健太, 武村直紀, 田浦学, 小迫英尊, 齊藤達哉 刺激性微粒子による炎症応答を抑制する生薬由来化合物の解析 第 70 回日本薬学会関西支部大会 オンライン開催 2020

Manabu Taura, Ryosuke Sasaki, Naoki Takemura, Tatsuya Saitoh. 15d-Prostaglandin J2 inhibits noncanonical inflammasome response to ameliorate endotoxin shock 第 94 回薬理学会年会 オンライン開催 2021

武村直紀, 田浦学, 齊藤達哉 シリカナノ粒子による炎症応答ならびに間質性肺炎の解析 日本薬学会 第 141 年会 オンライン開催 2021

生駒健太, 武村直紀, 田浦学, 小迫英尊, 齊藤達哉 刺激性微粒子による炎症応答を阻害する生薬由来化合物の解析 日本薬学会 第 141 年会 オンライン開催 2021

松井祐大, 武村直紀, 田浦学, 齊藤達哉 Nanaomycin A は NLRP3 インフラマソームの活性化を阻害する. 日本薬学会 第 141 年会 オンライン開催 2021

松本雅記 iMPAQT : 組み換えタンパク質を用いたタンパク質絶対定量プラットフォーム 新アミノ酸分析研究会第 7 回学術講演会 2017

松本雅記、次世代定量プロテオミクス による生命システム理解への挑戦、ConBio2017、2017

Masaki Matsumoto, Robotics promotes accurate and reproducible data acquisition in proteomics, RSSB2: Robotics and Semantic Systems for Biology, 2018

松本雅記、iMPAQT ver.2.0: 拡張性と柔軟性を備えたタンパク質絶対定量プラットフォーム、日本プロテオーム学会・日本質量分析学会合同大会、2018

Masaki Matsumoto, New platform for protein absolute quantification: a tool for pathway structure determination, 1st International Symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks. 2019

松本雅記、情報/仮説駆動型プロテオミクス、北里プロテオーム研究会、2019

Masaki Matsumoto, iMPAQT ver.2: New platform for absolute quantification of protein of interest. The 29th Hot Spring Harbor International Symposium, 2020

松本雅記、多重ターゲットプロテオミクスを用いたタンパク質動態解析、第 93 回日本生化学会大会 2020

松本雅記、ペプチド先導型プロテオミクス～精密で信頼性の高いタンパク質定量技術～、CBI 学会 2020

松本雅記、多重化内部標準タンパク質を用いた精密定量プロテオミクス、質量分析東北談話会 2020

松本雅記、タンパク質の精密定量による生命システムの定量的描出 生体コモンスペース研究会 2021

Masaki Matsumoto New platform for protein absolute quantification: iMPAQT ver.2 10th AOHUPO 2021

松本雅記 質量分析計を用いた未開拓プロテオームへの挑戦 日本プロテオーム学会 2021 年大会 2021

Kodai Hara, Shota Taharazako, Asami Hishiki, Yoshinobu Ishikawa, Shin-ichiro Kanno, Kozo Tanaka, Hiroshi Hashimoto Crystallographic structure of Mad2L2-CAMP complex, a regulator of kinetochore-microtubule attachment. SMC proteins 2017

清水聡史、原幸大、砂川陽一、菱木麻美、宮崎雄輔、刀坂泰史、和田啓道、長谷川浩二、橋本博、森本達也 心肥大応答を司る転写因子 GATA4 の結晶構造解析 第 3 回 J-ISCIP 学術集会 2017

鈴木麻里子、原幸大、菱木麻美、石川吉伸、橋本博 PCNA と HLA ペプチドの結晶学的研究 第 63 回日本薬学会東海支部総会・大会 2017

右田智子、原幸大、清水研一郎、平野達也、橋本博 染色体凝縮を担うコンデンシン制御サブユニットの精製と結晶化 第 63 回日本薬学会東海支部総会・大会 2017

原幸大、田原迫熒大、菱木麻美、石川吉伸、菅野新一郎、田中耕三、橋本博 細胞分裂における MAD2L2-CAMP 複合体の構造と相互作用機構の解明 第 63 回日本薬学会東海支部総会・大会 2017

Shinji Kishimoto, Yuta Tsunematsu, Kodai Hara, Hiroshi Hashimoto, Kenji Watanabe CYCLOPENASE, HEMOCYANIN-LIKE ENZYME CONVERTING 6,7-BICYCLO RING OF CYCLOPENIN TO FORM 6,6-QUINOLONE CORE OF VIRIDICATIN-TYPE FUNGAL ALKALOID IUMS 2017

菱木麻美、橋本博 DNA 損傷チェックポイントに関与する TopBP1 と ATR の相互作用解析 新学術領域研究「数理シグナル」第1回若手ワークショップ 2017

横山葵、岸本真治、佐藤道大、原幸大、恒松雄太、橋本博、渡辺賢二 立体選択的な環化反応を触媒する酵素 CghA の反応機構解析 日本生薬学会第64回年会 2017

岸本真治、原幸大、橋本博、Kendall N. Houk、恒松 雄太、渡辺 賢二 シクロペナーゼ AsqI が触媒する反応機構の解明 日本生薬学会第64回年会 2017

岸本 真治、原 幸大、橋本 博、Kendall N. Houk、恒松 雄太、渡辺 賢二 特異な反応を触媒する新規酵素シクロペナーゼの発見と触媒機構の解明 第7回食品薬学シンポジウム 2017

右田智子、原幸大、清水研一郎、平野達也、橋本博 染色体凝縮を担うコンデンシン制御サブユニットの精製と結晶化 平成29年度日本結晶学会年会 2017

Satoshi Shimizu, Kodai Hara, Yoichi Sunagawa, Asami Hishiki, Masafumi Funamoto, Yusuke Miyazaki, Yasufumi Katanasaka, Hiromichi Wada, Koji Hasegawa, Hiroshi Hashimoto, Tatsuya Morimoto The dimerization domain of GATA4 is a therapeutic target for heart failure. 第22回静岡健康・長寿学術フォーラム 2017

清水聡史、原幸大、砂川陽一、菱木麻美、清水果奈、船本雅文、宮崎雄輔、刀坂泰史、和田啓道、長谷川浩二、橋本博、森本達也 心筋細胞肥大に関わる転写因子 GATA4 の二量体形成部位の同定と結晶化 日本病院薬剤師会東海ブロック・日本薬学会東海支部合同学術大会 2017

原幸大、内田雅之、田形梨紗、横山英志、石川吉伸、菱木麻美、橋本博 テンプレートスイッチに関わる ZRANB3 の AlkB homolog 2 PCNA-binding motif (APIM) と PCNA の複合体の構造基盤と相互作用機構の解明 第24回DNA複製・組換え・修復ワークショップ 2017

橋本博 DNA 損傷応答に関わるヘリカーゼの DNA 結合ドメインの結晶構造 第46回結晶成長国内会議 (JCCG-46) 2017

Kodai Hara, Masayuki Uchida, Risa Tagata, Hideshi Yokoyama, Yoshinobu Ishikawa, Asami Hishiki, Hiroshi Hashimoto Structure and interaction of PCNA-APIM complex. 2017 年度生命科学系学会合同年次大会 2017

原幸大、田原迫奨大、池田真教、藤田拓樹、三上嘉子、菊池壮太郎、菱木麻美、横山英志、石川吉伸、菅野新一郎、田中耕三、橋本博 染色体分配に関わる MAD2L2-CAMP 複合体の構造基盤と相互作用機構の解明 第35回染色体ワークショップ 2017

Satoshi Shimizu, Kodai Hara, Yoichi Sunagawa, Asami Hishiki, Masafumi Funamoto, Yusuke Miyazaki, Yasufumi Katanasaka, Hiromichi Wada, Koji Hasegawa, Hiroshi Hashimoto, Tatsuya Morimoto The dimerization domain of GATA4 plays an important role in the development cardiomyocyte hypertrophy 第1回日本循環器基礎研究フォーラム 2018

Asami Hishiki, Kodai Hara, Yuzu Ikegaya, Hideshi Yokoyama, Yoshinobu Ishikawa, Toshiyuki Shimizu, Mamoru Sato, Hiroshi Hashimoto Crystal Structure of a novel DNA-binding domain of HLTf involved in DNA damage tolerance 62nd Annual Meeting Biophysical Society 2018

松下拓磨、岸本真治、山本剛、原幸大、恒松雄太、橋本博、渡辺賢二 PsoF のメチルトランスフェラーゼドメインの構造解析 2017 年度量子ビームサイエンスフェスタ 2018

横山葵、前田直哉、岸本真治、佐藤道大、原幸大、恒松雄太、橋本博、渡辺賢二 新規構造を持つ環化酵素 CghA の X 線結晶構造解析とその立体選択的の反応機構 2017 年度量子ビームサイエンスフェスタ 2018

内田雅之、原幸大、田形梨紗、横山英志、石川吉伸、菱木麻美、橋本博 PCNA と APIM の複合体の構造と機能 2017 年度量子ビームサイエンスフェスタ 2018

右田智子、原幸大、清水研一郎、平野達也、橋本博 染色体凝縮を担うコンデンシン制御サブユニットの精製と結晶化 2017年度量子ビームサイエンスフェスタ 2018

原幸大、田原迫奨大、菱木麻美、石川吉伸、菅野新一郎、田中耕三、橋本博 キネトコアと微小管の接着を制御する MAD2L2-CAMP 複合体の構造解析 2017年度量子ビームサイエンスフェスタ 2018

Satoshi Shimizu, Kodai Hara, Yoichi Sunagawa, Asami Hishiki, Masafumi Funamoto, Yusuke Miyazaki, Yasufumi Katanasaka, Hiromichi Wada, Koji Hasegawa, Hiroshi Hashimoto, Tatsuya Morimoto The dimerization domain of the hypertrophy-responsive transcription factor GATA4 is a therapeutic target for heart failure 第82回日本循環器学会学術集会 2018

清水聡史、原幸大、砂川陽一、菱木麻美、宮崎雄輔、刀坂泰史、船本雅文、Nurmila Sari、清水果奈、和田啓道、長谷川浩二、橋本博、森本達也 心肥大応答を司る転写因子 GATA4 の二量体形成・DNA 結合部位の同定と結晶化 日本薬学会第138年会 2018

Satoshi Shimizu, Kodai Hara, Yoichi Sunagawa, Asami Hishiki, Masafumi Funamoto, Sari Nurmila, Kana Shimizu, Yusuke Miyazaki, Yasufumi Katanasaka, Hiromichi Wada, Koji Hasegawa, Hiroshi Hashimoto, Tatsuya Morimoto GATA4 acetylation site is important for development cardiomyocyte hypertrophy 23rd Annual Scientific Meeting of the International Society of Cardiovascular Pharmacotherapy 2018

Satoshi Shimizu, Kodai Hara, Yoichi Sunagawa, Asami Hishiki, Yusuke Miyazaki, Yasufumi Katanasaka, Masafumi Funamoto, Sari Nurmila, Kana Shimizu, Hiromichi Wada, Koji Hasegawa, Hiroshi Hashimoto, Tatsuya Morimoto Determination and crystallization of GATA4 dimerization domain. IUBMB Focused Meeting on GATA Transcription Factors 2018

村上慧、原幸大、右田智子、清水研一郎、平野達也、橋本博 染色体凝縮を担うコンデンシン制御サブユニットの構造解析 第64回日本薬学会東海支部総会・大会 2018

松本貴宏、原幸大、田原迫奨大、菱木麻美、石川吉伸、橋本博 相同組換えの抑制に関わる PARI の調製と結晶化条件の探索 第64回日本薬学会東海支部 総会・大会 2018

櫻井ひとみ、原幸大、内藤麻里奈、菱木麻美、石川吉伸、横山英志、橋本博 細胞周期チェックポイントに関わる 9-1-1 複合体の調製と生化学的解析 第64回日本薬学会東海支部 総会・大会 2018

トンジャシイン、菱木麻美、山田朋宏、清水逸平、清水裕、齊藤太郎、堀越かおり、水野初、原幸大、豊岡利正、池袋一典、橋本博、轟木堅一郎 X線結晶構造解析による抗 bevacizumab DNA アプタマーの結合様式の解明 第31回バイオメディカル分析科学シンポジウム 2018

菱木麻美、橋本博 DNA 損傷チェックポイントに関与する TopBP1 の相互作用 新学術領域研究「数理シグナル」第2回若手ワークショップ 2018

トンジャシイン、菱木麻美、山田朋宏、清水逸平、清水裕、齊藤太郎、堀越かおり、水野初、原幸大、豊岡利正、池袋一典、橋本博、轟木堅一郎 X線結晶構造解析による抗 bevacizumab DNA アプタマーの結合様式の解明 次世代を担う若手のためのフィジカル・ファーマフォーラム 2018

清水聡史、砂川陽一、原幸大、菱木麻美、宮崎雄輔、刀坂泰史、船本雅文、Nurmila Sari、清水果奈、和田啓道、長谷川浩二、橋本博、森本達也 心肥大反応に関与する転写因子 GATA4 二量体形成ドメインの同定と結晶化 次世代を担う若手のためのフィジカル・ファーマフォーラム 2018

村上慧、原幸大、右田智子、清水研一郎、平野達也、橋本博 染色体凝縮を担うコンデンシン制御サブユニットの構造解析 次世代を担う若手のためのフィジカル・ファーマフォーラム 2018

松本貴宏、原幸大、田原迫奨大、菱木麻美、石川吉伸、橋本博 相同組換えの抑制に関わる PARI の調製と結晶化条件の探索 次世代を担う若手のためのフィジカル・ファーマフォーラム 2018

櫻井ひとみ、原幸大、内藤麻里奈、菱木麻美、石川吉伸、横山英志、橋本博 細胞周期チェックポイントに関わる 9-1-1 複合体の調製と生化学的解析 次世代を担う若手のためのフィジカル・ファーマフォーラム 2018

横山葵、佐藤道大、前田直哉、恒松雄太、原幸大、橋本博、渡辺賢二 酵素-生成物複合体を用いた CghA の立体選択的反応機構の解明 日本生薬学会第 65 回年会 2018

岸本真治、松下拓磨、原幸大、橋本博、恒松雄太、渡辺賢二 ポリケチド鎖をメチル化する PsoF-MT の構造解析とメチル化部位選択性の解明 日本生薬学会第 65 回年会 2018

松下拓磨、岸本真治、山本剛、原幸大、恒松雄太、橋本博、渡辺賢二 PsoF メチルトランスフェラーゼドメインの基質認識機構の解明と酵素機能の改変 日本病院薬剤師会東海ブロック日本薬学会東海支部合同学術大会 2018

前田直哉、恒松雄太、原幸大、橋本博、Christian Hertweck、渡辺賢二 Aspirochlorine 生合成におけるスピロ環骨格形成酵素の発見と機能解析 日本病院薬剤師会東海ブロック日本薬学会東海支部合同学術大会 2018

横山葵、佐藤道大、前田直哉、恒松雄太、原幸大、橋本博、渡辺賢二 酵素-生成物複合体を用いた CghA の立体選択的環化機構の解明 日本病院薬剤師会東海ブロック日本薬学会東海支部合同学術大会 2018

清水聡史、原幸大、砂川陽一、菱木麻美、刀坂泰史、宮崎雄輔、船本雅文、Nurmila Sari、清水果奈、和田啓道、長谷川浩二、橋本博、森本達也 転写因子 GATA4 の C-ZnF の結晶化 日本病院薬剤師会東海ブロック日本薬学会東海支部合同学術大会 2018

青木広樹、杉澤康弘、原幸大、菱木麻美、橋本博、石川吉伸 ハロゲン化クロモンのウレアーゼ阻害能 日本病院薬剤師会東海ブロック日本薬学会東海支部合同学術大会 2018

和泉大樹、速水勇貴、吉田奈々子、橋本博、石川吉伸 1,4'-ビキノリン合成で見出された酸素結合 日本病院薬剤師会東海ブロック日本薬学会東海支部合同学術大会 2018

Satoshi Shimizu, Yoichi Sunagawa, Kodai Hara, Asami Hishiki, Yusuke Miyazaki, Yasufumi Katanasaka, Masafumi Funamoto, Nurmila Sari, Kana Shimizu, Hiromichi Wada, Koji Hasegawa, Hiroshi Hashimoto, Tatsuya Morimoto Inhibition of GATA4 Dimerization Suppresses Cardiac Hypertrophic Responses AHA Scientific Session 2018

Kodai Hara, Masayuki Uchida, Risa Tagata, Hideshi Yokoyama, Yoshinobu Ishikawa, Asami Hishiki, Hiroshi Hashimoto Structure and interaction of PCNA-APIM complex 3R&3C 2018

Satoshi Shimizu, Yoichi Sunagawa, Kodai Hara, Asami Hishiki, Yusuke Miyazaki, Yasufumi Katanasaka, Masafumi Funamoto, Nurmila Sari, Kana Shimizu, Hiromichi Wada, Koji Hasegawa, Hiroshi Hashimoto, Tatsuya Morimoto Inhibition of GATA4 dimerization is a novel target for heart failure therapy The 4th International Conference on Pharma-Food 2018

Satoshi Shimizu, Yoichi Sunagawa, Kodai Hara, Asami Hishiki, Yusuke Miyazaki, Yasufumi Katanasaka, Masafumi Funamoto, Nurmila Sari, Kana Shimizu, Hiromichi Wada, Koji Hasegawa, Hiroshi Hashimoto, Tatsuya Morimoto The acetylation site of GATA4 have an important role for GATA4 dimarization and cardiomyocyte hypertrophy 第 23 回静岡健康・長寿学術フォーラム 2018

Satoshi Shimizu, Yoichi Sunagawa, Kodai Hara, Asami Hishiki, Yusuke Miyazaki, Yasufumi Katanasaka, Masafumi Funamoto, Nurmila Sari, Kana Shimizu, Hiromichi Wada, Koji Hasegawa, Hiroshi Hashimoto, Tatsuya Morimoto Inhibition of GATA4 Dimerization Suppresses Cardiac Hypertrophic Responses 日本循環器学会第 152 回東海・第 137 回北陸合同地方会 2018

原幸大、木下和久、右田智子、村上慧、清水研一郎、竹内康造、平野達也、橋本博 染色体凝縮を担うヒト由来コンデンシン I の CAP-G-H 制御サブユニットの構造基盤 第 36 回染色体ワークショップ 2019

Hiroshi Hashimoto Structural studies on DNA damage tolerance 1st international symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling 2019

飯田奈央、原幸大、櫻井ひとみ、菱木麻美、石川吉伸、橋本博 細胞周期チェックポイントに関わる 9-1-1 と RHINO の複合体の結晶化 2018 年度量子ビームサイエンスフェスタ 2019

石口晃平、原幸大、木下和久、右田智子、村上慧、清水研一郎、竹内康造、平野達也、橋本博 染色体凝縮を担うヒト由来コンデンシン I の CAP-G-H 制御サブユニットの構造基盤 2018 年度量子ビームサイエンスフェスタ 2019

和泉大輝、速水勇貴、吉田奈々子、橋本博、石川吉伸 新規 1,4'-ビキノリン誘導体の創製とその合成中間体の結晶中で観測される酸素結合 日本生薬学会第 139 年会 2019

青木広樹、杉澤康弘、原幸大、菱木麻美、橋本博、石川吉伸 ハロゲン化クロモンのウレアーゼ阻害能の評価 日本生薬学会第 139 年会 2019

Satoshi Shimizu, Yoishi Sunagawa, Kodai Hara, Asami Hishiki, Yusuke Miyazaki, Yasufumi Katanasaka, Masafumi Funamoto, Nurmila Sari, Kana Shimizu, Hiromichi Wada, Koji Hasegawa, Hiroshi Hashimoto, Tatsuya Morimoto Inhibition of GATA4 dimerization has a potential target for heart failure therapy 第 83 回日本循環器学会学術集会 2019

玉舟亮太、飯田奈央、原幸大、櫻井ひとみ、石川吉伸、大橋英治、菱木麻美、橋本博 細胞周期チェックポイントに関わる 9-1-1 と RHINO の相互作用解析を目的とした試料調製 第 17 回次世代を担う若手のためのフィジカル・ファーマフォーラム 2019

玉舟亮太、飯田奈央、原幸大、櫻井ひとみ、石川吉伸、大橋英治、菱木麻美、橋本博 細胞周期チェックポイントに関わる 9-1-1 と RHINO の相互作用解析 第 8 回食品薬学シンポジウム 2019

原幸大、飯田奈央、玉舟亮太、櫻井ひとみ、石川吉伸、大橋英治、菱木麻美、橋本博 ATR-Chk1 経路を担う checkpoint clamp 複合体の構造解析 第 25 回 DNA 複製・組換え・修復ワークショップ 2019

Ryota Tamafune, Nao Iida, Kodai Hara, Hitomi Sakurai, Yoshinobu Ishikawa, Eiji Ohashi, Asami Hishiki, Hiroshi Hashimoto Interaction analysis between RAD9-RAD1-HUS1 heterotrimer and RHINO in ATR-CHK1 checkpoint pathway 第 24 回静岡健康・長寿学術フォーラム 2019

玉舟亮太、飯田奈央、原幸大、櫻井ひとみ、石川吉伸、大橋英治、菱木麻美、橋本博 細胞周期チェックポイントに関わる 9-1-1 と RHINO のゲルろ過カラムを用いた相互作用解析 日本病院薬剤師会東海ブロック・日本薬学会東海支部合同学術大会 2019

飯田奈央、原幸大、櫻井ひとみ、菱木麻美、石川吉伸、橋本博 細胞周期チェックポイントに関わる 9-1-1 と RHINO の複合体の X 線結晶構造解析 日本結晶学会 2019 年度年会 2019

原幸大、飯田奈央、玉舟亮太、櫻井ひとみ、石川吉伸、大橋英治、菱木麻美、橋本博 DNA 損傷チェックポイントの活性化を担うチェックポイントクランプ複合体の構造解析 第 37 回染色体ワークショップ 2019

Takahashi, A, Haytham Mohamed M.A., Yamamoto, T. mRNA degradation induces obese gene expression. Consortium of Biological Sciences 2017, Kobe, Japan, 2017

高橋明格、高岡翔平、山口智和、久場敬司、山本雅 脱アデニル化による mRNA 分解速度と合成活性の調節機構 第 19 回日本 RNA 学会年会 2017

Takahashi, A. Mathematical analysis of the circadian rhythm regulation by mRNA degradation. Conference for Integrative understanding of biological signaling networks based on mathematical science for Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas, The Institute of Medical Science, The University of Tokyo, Japan, 2017

高橋明格 脱アデニル化による mRNA 安定性と転写活性の制御機構 第 9 回シグナルネットワーク研究会 2017

高橋 明格, 高岡 翔平, 山口 智和, Haytham Mohamed, 久場 敬司, 山本 雅 脱アデニル化依存的な細胞死・免疫関連遺伝子の mRNA 分解と転写抑制の破綻が導く致死性肝炎 第 41 回日本分子生物学会大会 2018

Takahashi, A, Mohamed, Haytham M.A., Takaoka, S, Asai, Y, Yamamoto, T. *The importance of mRNA decay in circadian rhythm.* Integrative understanding of biological signaling networks based on mathematical science

- 2nd Young members workshop, Shiga, Japan, 2018

Takahashi, A, Takaoka, S, Mohamed, Haytham M.A., Yamaguchi, T, kuba, k, Yamamoto, T. Deadenylation-dependent mRNA decay regulates mRNA stability and transcription to maintain gene expression in liver. The 20th Annual Meeting of the RNA Society of Japan, Osaka, Japan, 2018

Takahashi, A, Yamamoto, T. Deadenylation-dependent mRNA decay regulates gene expression in liver. The 10th Signal Network Meeting 第10回シグナルネットワーク研究会 2018

高橋明格 CCR4-NOT 複合体を介したmRNA分解による肝臓機能と遺伝子発現の恒常性維持機構の解明 第6回「CCR4-NOT 研究会」 2018

Takahashi, A, Shohei T., Mohamed, Haytham A. M., Yamamoto, T. Deadenylation-dependent mRNA decay is required for liver homeostasis thorough suppression of cell death and inflammatory genes. Joint Annual Meeting of 51st JSDB and 70th JSCB Tokyo, Japan 2018

Hiroshi Nishina. YAP determines the cell fate of injured mouse hepatocytes *in vivo*. 3rd Cell Competition International Symposium, Sapporo, Japan, October 25-29, 2017

Hiroshi Nishina. YAP determines the cell fate of injured mouse hepatocytes *in vivo*. EMBO workshop on the Hippo pathway across species and disciplines, Rome, Italy, October 25-29, 2017

Jun Hirayama. The light-dependent establishment of circadian clock in zebrafish. 8th Asia and Oceania Conference for Photobiology, Seoul, South Korea November 13, 2017

Hiroshi Nishina. YAP determines the cell fate of injured mouse hepatocytes *in vivo*. The 2017 Cold Spring Harboe Asia Conference, Suzhou, China, December 4-8, 2017

Hiroshi Nishina. YAP acts as a stress sensor that induces elimination of injured hepatocytes. FASEB Fundamental Biology and Pathophysiology of the Liver, Scottsdale, AZ USA, June 10-15, 2018

Hiroshi Nishina. The Hippo-YAP pathway regulates 3D liver formation and homeostasis. 1st TMDU-UCSD-USC Joint Symposium, Tokyo, Japan, September 5, 2018

Hiroshi Nishina. Active Yes-associated protein (YAP) induces mammalian cell extrusion *in vitro* and *in vivo*. 9th Xiamen Winter Symposium, Xiamen, China, November 2-6, 2018

Hiroshi Nishina. Diverse physiological functions of JNK and MKK pathway in the nervous system. 1st International Symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks, Tokyo, Japan, February 1-2, 2019

Yikelamu Alifu. Hiroshi Nishina. Diverse physiological functions of JNK and MKK pathway in the nervous system. 1st International Symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks, Tokushima, Japan, November 14-15, 2019

Hiroshi Nishina. The Hippo-YAP Pathway Regulates liver size and homeostasis. The Cold Spring Harber Asia conference on Liver, Biology, Diseases & Cancer, Awaji, Japan, December 9-12, 2019

平山順、仁科博史. 概日リズムを形成する細胞時計の光同調機構の解明. 第16回生命科学研究会. 2017年6月30日-7月1日/金沢

宮村 憲央、仁科 博史. Hippo 経路破綻によって誘導されるマウス肝細胞排除現象の解明. 第24回肝細胞研究会. 2017年6月30日-7月1日/旭川

仁科博史. 障害肝細胞排除機構の発見. 第26回日本 Cell Death 学会学術集会. 2017年7月24-25日/東京

石原えりか、仁科博史. 細胞社会における Hippo-YAP シグナル伝達経路の役割. 新学術領域「数理シグナル」第1回 若手ワークショップ. 2017年8月6-8日/静岡

仁科博史. 肝臓の形成と恒常性維持. 新潟大学医学部消化器内科 Science セミナー2017 第1回. 2017年8月17日/新潟

仁科博史. 共役因子 YAP によって誘導される肝細胞消失現象の解析. 第4回新学術領域「細胞競合」班会議. 2017年8月30-31日/札幌

平山順、仁科博史. Molecular mechanism of light-dependent synchronization of cellular clocks in zebrafish. 第 23 回小型魚類研究会. 2017 年 8 月 30-31 日 / 甲府

仁科博史. 神経発生及び正の再生シグナルとしての JNK シグナルリング. 第 60 回日本神経化学大会. 2017 年 9 月 7-9 日 / 仙台

長岡勇也、仁科博史. Hippo 経路破綻(YAP 活性化)による肝がん誘導系の確立. 第 16 回 次世代を担う若手ファーマ・バイオフィォーラム 2017. 2017 年 9 月 9-10 日 / 北海道

仁科博史. ストレス応答性キナーゼ MKK7 を神経細胞特異的に欠損するマウスの行動解析. 第 27 回日本肝臓医生物学研究会. 2017 年 9 月 30 日 / 江ノ島

進匡、仁科博史. 神経機能不全 MKK7 ノックアウトマウスにおける肝再生能の解析. 第 27 回日本肝臓医生物学研究会. 2017 年 9 月 30 日 / 江ノ島

平山順、仁科博史. Molecular mechanism of light-dependent synchronization of zebrafish cellular clocks. 第 24 回日本時間生物学会学術大会. 2017 年 10 月 28-29 日 / 京都

仁科博史. 神経発生及び正の再生シグナルとしての JNK シグナルリング. 第 60 回日本神経化学大会. 2017 年 9 月 7-9 日 / 仙台

仁科博史. メダカ変異体から学ぶ肝臓形成機構 2017 年度東京大学薬学系大学院講義「細胞生物学特論」. 2017 年 11 月 14 日 / 東京

YU Ruoxing、仁科博史. The mevalonate pathway regulates primitive streak formation via protein farnesylation 12th International Symposium of the Institute Network. 2017 年 11 月 28-29 日 / 東京

宮村 憲央、仁科 博史. YAP 活性化によって誘導される肝細胞排除現象の発見 ConBio2017. 2017 年 12 月 6-9 日 / 神戸

長岡勇也、仁科博史. がん原遺伝子産物 YAP 依存的な肝がん誘導系の確立. ConBio2017. 2017 年 12 月 6-9 日 / 神戸

仁科博史. 細胞排除に関わる物理的力の可視化の試み 第 28 回日本肝臓医生物学研究会. 2018 年 1 月 20-21 日 / 筑波

石原えりか、仁科博史. 哺乳動物培養細胞を用いた活性型 YAP 誘導性細胞排除現象の分子機構の解明. 新学術領域細胞競合・ステムセルエイジング合同若手の会. 2018 年 2 月 2-3 日 / 熱海

仁科博史. 神経発生および維持シグナルとしての JNK シグナル. 新学術領域数理シグナル第 2 回公開シンポジウム. 2018 年 2 月 20 日 / 東京

仁科博史. 脊椎動物の 3D 器官構築と維持. 第 29 回加藤記念研究助成特別講演. 2018 年 3 月 2 日 / 東京

石原えりか、仁科博史. 転写共役因子 YAP 誘導性細胞排除メカニズムの解明. 第 7 回細胞競合コロキウム会議. 2018 年 3 月 8-10 日 / 札幌

長岡勇也、仁科博史. 転写共役因子 YAP 誘導性肝がん形成機構の解明. 日本薬学会第 138 回年会. 2018 年 3 月 25-28 日 / 金沢

仁科博史. 脊椎動物の 3D 器官構築と維持. 立教大学理学部セミナー. 2018 年 5 月 7 日 / 東京

仁科博史. 異常肝細胞排除機構を基盤にした B 型肝炎を中心とした肝疾患に対する革新的治療法の創出研究. 平成 30 年度肝炎等克服緊急対策研究事業採択課題キックオフミーティング. 2018 年 5 月 18 日 / 東京

仁科博史. 脊椎動物の 3D 器官構築と維持 熊本大学薬学部セミナー. 2018 年 5 月 20 日 / 熊本

石原えりか、仁科博史. 転写共役因子 YAP 誘導性細胞排除機構の解析. 第 6 回領域班会議. 2018 年 6 月 14-15 日 / 神戸

石原えりか、仁科博史. 哺乳動物培養細胞を用いた転写共役因子 YAP 誘導性細胞排除現象の解析. 平成 30 年度日本生化学会関東支部例会. 2018 年 6 月 23 日/埼玉 (埼玉大学)

YIKELAMU Alifu、仁科博史. 時計制御因子 *Bmal2* 欠損ゼブラフィッシュの作出と解析. 平成 30 年度日本生化学会関東支部例会. 2018 年 6 月 23 日/埼玉 (埼玉大学)

PU Jing、仁科博史. Identification of metabolic pathways involved in murine primitive streak formation. 平成 30 年度日本生化学会関東支部例会. 2018 年 6 月 23 日/埼玉 (埼玉大学)

石原えりか、仁科博史. 哺乳動物培養細胞を用いた YAP 誘導性細胞排除機構の解明. 第 17 回生命科学研究会. 2018 年 6 月 29-30 日/東京

長岡勇也、仁科博史. 転写共役因子 YAP 誘導性肝がん形成機構の解析. 第 25 回肝細胞研究会. 2018 年 7 月 12-13 日/東京

仁科博史. 異常肝細胞排除による品質管理機構の解明. 第 25 回肝細胞研究会. 2018 年 7 月 12-13 日/東京

仁科博史. 小型魚類から学ぶ脊椎動物の 3D 器官構築と維持. 愛媛大学南予水産研究センター第 4 回メダカフォーラム. 2018 年 8 月 2 日/愛媛

本間謙吾、仁科博史. 運動機能失調におけるストレス応答 MAP キナーゼ経路の解析. 新学術領域「数理シグナル」第 2 回 若手ワークショップ. 2017 年 8 月 31-9 月 1 日/滋賀

Jing PU、仁科博史. Hippo 経路破綻(YAP 活性化)による肝がん誘導系の確立 Identification of metabolic pathways involved in murine primitive streak formation. 第 17 回 次世代を担う若手ファーマ・バイオフォーラム 2018. 2018 年 9 月 1-2 日/熊本

仁科博史. 神経系の恒常性維持を担う JNK. シグナル経路第 91 回日本生化学大会. 2018 年 9 月 26 日/京都

仁科博史. 哺乳動物の初期発生を制御する代謝経路. 第 29 回日本肝臓医生物学研究会. 2018 年 10 月 20 日/旭川

仁科博史. 一研究者の思い東京女子医大講義. 2018 年 10 月 31 日/東京

石原えりか、仁科博史. Elucidation of the molecular mechanism underlying active YAP-induced apical extrusion in mammalian cells. 第 41 回日本分子生物学会年会. 2018 年 11 月 28-30 日/横浜

Alifu Yikelamu、仁科博史. 時計遺伝子 *Bmal2* 欠損ゼブラフィッシュの作出と解析. 第 41 回日本分子生物学会年会. 2018 年 11 月 28-30 日/横浜

Pu Jing、仁科博史. 原始線条の形成に関わる代謝経路の同定. 第 41 回日本分子生物学会年会. 2018 年 11 月 28-30 日/横浜

仁科博史. The Hippo-YAP pathway regulates 3D liver formation and homeostasis. 86th LGS seminar. 2018 年 11 月 7 日/千葉

仁科博史. 異常肝細胞排除機構の発見と分子機構の解明. AMED 肝炎等克服実用化研究事業 平成 30 年度 第 1 回班会議. 2019 年 1 月 18 日/東京

石原えりか、仁科博史. 標的既知化合物ライブラリーを用いた異常細胞排除関連分子のスクリーニング. AMED 肝炎等克服実用化研究事業 平成 30 年度 第 1 回班会議. 2019 年 1 月 18 日/東京

森 ゆかり、仁科博史. 慢性肝疾患に合併するサルコペニアモデルの開発. AMED 肝炎等克服実用化研究事業 平成 30 年度 第 1 回班会議. 2019 年 1 月 18 日/東京

仁科博史. 器官のサイズと恒常性を制御するリン酸化シグナル伝達系. AMED 多面的アプローチで紐解く個体スケール機構と健康寿命延伸への応用. 2019 年 2 月 22 日/神戸

仁科博史. ゼブラフィッシュを用いた概日リズム研究. 第 30 回日本肝臓医生物学研究会. 2019 年 3 月

9日／加賀

Yikelamu Alifu、仁科博史. The clock components *Period2*, *Cryptochrome1a*, and *Cryptochrome2a* function in establishing light-dependent behavioral rhythms and/or total activity levels in zebrafish. 平成30年度難治疾患研究所研究発表会. 2019年3月14日／東京

仁科博史. 体内に存在し自分のサイズを知る器官の不思議. サイズ生物学ワークショップ2019. 2019年3月19-20日／下関

長岡勇也、仁科博史. YAP活性化依存性肝がん発症機構の解析第26回肝細胞研究会. 2019年5月23-24日／横浜

本間謙吾. 神経細胞の恒常性を維持するMKK7-JNK経路の解析新学術領域研究「数理シグナル」領域推進会議. 2019年6月6日／東京

Yikelamu Alifu、平山順、仁科博史. The clock components *Period2*, *Cryptochrome1a* and *ryptochrome2a* function in establishing light-dependent behavioral rhythms and/or total activity levels in zebrafish 2019年度日本生化学会関東支部例会. 2019年6月22日／横浜

森ゆかり、仁科博史. 神経特異的MKK7欠損により誘導される加齢依存的骨格筋萎縮の解析第18回生命科学研究会. 2018年6月28-29日／東京

仁科博史. 脊椎動物の3D器官形成と維持 NIHS特別講演会. 2019年8月30日／川崎

Jing PU、仁科博史. Identification of metabolic pathways involved in murine three germ layers formation 第18回次世代を担う若手ファーマ・バイオフィォーラム2019. 2019年9月7-8日／静岡

Yikelamu Alifu、仁科博史. 光依存的概日リズム形成における時計遺伝子 *zPer2*, *zCry1a* と *zCry2a* の役割 第18回次世代を担う若手ファーマ・バイオフィォーラム2019. 2019年9月7-8日／静岡

仁科博史. 高次神経活動を制御するJNKシグナル第92回日本生化学大会. 2019年9月26日／横浜

Yikelamu Alifu、仁科博史. The clock components *Period2*, *Cryptochrome1a*, and *Cryptochrome2a* function in establishing light-dependent behavioral rhythms and/or total activity levels in zebrafish The 4th Symposium of the Inter-University Research Network for Trans-Omics Medicine. 2019年11月14日／徳島

仁科博史. 脊椎動物の3D器官形成と維持 AMED 老化JP主催シンポジウム. 2019年11月22日／神戸

進匡、仁科博史. 高次神経機能におけるMKK7-JNKシグナルの役割の解明第42回日本分子生物学会年会. 2019年12月3-6日／福岡

仁科博史. 肝臓の形成と維持機構市原明先生追悼シンポジウム. 2019年12月23日／徳島大学

篠原久明 The ubiquitin E3 ligase TRAF6 regulates signal-complexes formation for IKK activation in B cell receptor signaling 1st International symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks. 2019

Satoshi Sawai, Spatio-temporal constraints on cellular sensing: what it means for universal biology International Symposium of the origin of life? synergy among the RNA: protein and lipid worlds 2017

石田元彦 進行波刺激に対するHL60細胞の応答解析 新学術領域数理シグナル若手研究交流会2017

澤井 哲 細胞性粘菌の細胞ダイナミクス: 振動、波、走化性 明治大学先端数理科学インスティテュート (MIMS) 現象数理学拠点共同集会時空間ダイナミクス~生命現象における時間変化を伴う空間秩序~2017

石田元彦 動的な誘引場における好中球様HL60細胞の走化性解析 新学術領域数理シグナル第1回若手ワークショップ 2017

入江陽一、藤森大平、中島昭彦、澤井 哲 Small GTPase, F-actin and cell morphology dynamics in migrating cells under well-defined noisy chemoattractant gradients 第 55 回日本生物物理学会年会 2017

本田玄、中島昭彦、澤井 哲 Actin waves and cell polarity regulated by substrate geometry 第 55 回日本生物物理学会年会 2017

石田元彦 Chemotactic analysis of neutrophil-like HL60 cells based on cells' persistent polarity and immediate responsiveness to chemoattractant. 第 55 回日本生物物理学会年会 2017

中島昭彦 走化性細胞遊走の時空間情報処理特性 2017 年度応用数学会 数理医学サブシンポジウム 2017

藤森大平、中島昭彦、本田玄、澤井哲 contact following とは何か：集団運動と細胞選別における役割 第 7 回日本細胞性粘菌学会例会（ベストプレゼン賞）2017

入江陽一 cAMP 勾配反転に伴う向き直り様式と低分子量 GTPase 動態の濃度変化依存性 第 7 回日本細胞性粘菌学会例会 2017

井元大輔、斉藤稔、澤井哲 フェーズフィールド法による細胞性粘菌の形と運動のシミュレーション 第 7 回日本細胞性粘菌学会例会 2017

澤井 哲 反応拡散とフェイズフィールドから読み解く細胞の変形ダイナミクス 第 11 回物性科学領域横断研究会 2017

Daisuke Imoto, Nen Saito, Satoshi Sawai, Phase-field Simulations of Multi-cellular Rotational Motion International Symposium on Fluctuation and Structure out of Equilibrium 2017

石田元彦 変動する誘引物質濃度勾配への好中球様 HL60 細胞の追従性能の解析 新学術領域数理シグナル第 2 回公開シンポジウム 若手研究交流会 2018

井元大輔、斉藤稔、澤井哲 細胞性粘菌の集団運動を表現するフェーズフィールドモデルの構築に向けて 2018 年若井沢グラフと解析研究集会 2018

入江陽一 細胞性粘菌アメーバの cAMP 勾配反転に対する細胞極性の制御 第 7 回日本生物物理学会関東支部会 2018

本田玄、中島昭彦、澤井哲 気質表面の三次元形状によって方向づけられるアクチン波の伝播と細胞移動の生細胞画像解析 第 7 回日本生物物理学会関東支部会 2018

井元大輔、斉藤稔、澤井哲 フェーズフィールド法シミュレーションによる細胞のはいまわり運動 第 7 回日本生物物理学会関東支部会 2018

澤井 哲 フェイズフィールドから読み解く細胞変形ダイナミクス 日本物理学会第 73 回年次大会・新学術領域ゆらぎと構造の協奏共催シンポジウム 2018

澤井 哲 動く細胞の情報処理特性の理解に向けて 自然科学研究機構新分野創成センターシンポジウム「分野横断・分野融合研究による生命創成を探究する新しい科学の創成」2018

澤井 哲 やわらかさと複雑さから考える生物普遍性 日本哲学会第 77 回大会 学協会シンポジウム『生命とは何か?』2018

中島昭彦、石田元彦、松本朱加、澤井 哲 A cell-size dependent polarity mechanism revealed by high-throughput imaging analysis of migrating cells 第 70 回細胞生物学会・第 51 回発生生物学会合同年会 2018

澤井 哲 細胞性粘菌にみるアメーバ界の多細胞性 東京大学大学院農学生命科学研究科 微生物潜在機能探索（発酵研究所）寄付講座 最終報告会および記念講演会『関わりあう微生物』 2018

澤井 哲 反応拡散とフェイズフィールドから理解する細胞変形と集団ダイナミクス 第 56 回日本生物物理学会年会シンポジウム『いきた形の新規生成に挑む、理論モルフォダイナミクス Theoretical morphodynamics - towards understanding emerging shapes of life』2018

本田 玄、澤井 哲 Exploring the basic law that determines the shape of fast moving cells 第 56 回日本生物物理学会年会 2018

井元大輔、斉藤稔、澤井 哲 多細胞の協調的な運動時における細胞の複雑な変形のフェーズフィールドモデル Phase-field modeling of complex cell deformation and multi-cellular motion 第 56 回日本生物物理学会年会 2018

中島昭彦、石田元彦、藤森大平、澤井 哲 Cell-size dependent polarity dynamics revealed by high-throughput imaging and machine learning analysis 第 56 回日本生物物理学会年会 2018

本田 玄、澤井 哲 強い基質接着条件で現れる扇形移動形態の解析 第 8 回日本細胞性粘菌学会第 8 回例会 2018

中島昭彦、水沼周子、藤森大平、石田元彦、澤井 哲 細胞サイズ依存的な細胞極性動態 第 8 回日本細胞性粘菌学会第 8 回例会 2018

島田奈央、藤城美奈、澤井 哲 Optgenetic analysis of small GTPases in cell migration 第 8 回日本細胞性粘菌学会第 8 回例会 2018

澤井 哲 接触誘導型の追従運動と走化性の 2 つの集団運動による自己組織化 第 41 回日本分子生物学会年会ワークショップ『生物における自発的秩序形成』2018

澤井 哲 接触誘導型の追従運動と走化性の 2 つの集団運動による自己組織化 第 41 回日本分子生物学会年会ワークショップ『生物における自発的秩序形成』2018

澤井 哲 接触誘導型の追従運動と走化性の 2 つの集団運動による自己組織化 第 41 回日本分子生物学会年会ワークショップ『生物における自発的秩序形成』2018

本田 玄 強い基質接着条件で現れる細胞性粘菌の扇形移動形態の解析 定量生物の会第 9 回年会 2019

Satoshi Sawai, A machine learning and dynamical modeling approach to morphology landscape of migrating cells 1st International symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks. 2019

井元大輔、斉藤稔、澤井 哲 深層学習による細胞運動の形状解析 2019 年電子情報通信学会総合大会 2019

中島昭彦 Search strategy in fast-migrating cells: direction sensing, memory, and polarity Reinforcement Learning & Biological Intelligence: Learning from biology. 2019

澤井 哲 Deciphering morphology landscape of fast migrating cells by dynamical systems modeling and machine learning A3 workshop for Mathematical Life Science. 2019

澤井 哲 A physico-chemical modeling and data-driven approach to cell morphology dynamics NanoLSI 公開セミナー. 2019

澤井 哲 階層をつなぐ視点からダイナミクスを考える。 第 31 回高遠・分子細胞生物学シンポジウム 2019

澤井 哲 はいまわる細胞の形態表現空間とデータ駆動解析 2019 年度日本数理生物学会年会 企画シンポジウム『データに基づく細胞・組織生物学』 2019

澤井 哲 Cell segregation by contact directed migration Joint UBI-NanoLSI workshop TRENDS IN MOLECULAR BIOPHYSICS OF LIVING CELLS 2019

澤井 哲 Mathematical model-based analysis of morphodynamic spectrum of fast migrating cells 第 42 回日本分子生物学会年会シンポジウム 『計測、数理、制御の三位一体による生命動態の解明ー Understanding biodynamics by the trinity of measuring, mathematical, and controlling techniques』 2019

澤井 哲 Crawling morphology and collective migration in amoeboid cells アクティブマター研究会 2020 企画公演「Crawling motion」 2020

澤井 哲 Collective migration in the parallel world Discussion Meeting on Conflict and Cooperation in Cellular Populations (CCCCP 2020) 2020

澤井 哲 Contact activation of locomotion – a defining mode of collective migration in amoeboid morphogenesis 奈良先端科学技術大学院大学遺伝子発現制御研究室セミナー 2020

澤井 哲 Contact activation of locomotion – a defining mode of collective migration in amoeboid morphogenesis JSDB Online Trial Meeting 2020 Symposium 2020

Satoshi Sawai Comparative Mapping of Migrating Cell Morphology and Phase-Field Modeling JSPS Core-to-Core Program "Establishing International Research Network of Mathematical Oncology" 2020

伊東剛, 板野景子, 鈴木貴, 村上善則. 肺腺がんの MET 増幅型ゲフィチニブ耐性の数理モデルを用いた解析. 第 76 回日本癌学会学術総会, 2017.

伊東剛, 大橋 (熊谷) 友紀, 板野景子, 川崎秀二, 鈴木貴, 村上善則. 肺腺がんの MET 増幅型ゲフィチニブ耐性の数理モデルを用いた解析. 2017 年度生命科学系学会合同年次大会, 2017.

Takeshi Ito, Yuki Ohashi-Kumagai, Keiko Itano, Shuji Kawasaki, Takashi Suzuki, Yoshinori Murakami. Mathematical modeling of gefitinib resistance of lung adenocarcinoma caused by MET amplification. The 2018 Core-to-Core Meeting, 2018.

Takeshi Ito, Hiroko Iwanari, Tomoko Maruyama, Kazutaka Takami, Goh Tanaka, Takahide Nagase, Takao Hamakubo, Yoshinori Murakami. Development of a novel tumor marker for small cell lung cancer by targeting a splicing variant of Cell adhesion molecule 1. The 6th JCA-AACR Special Joint Conference, 2018.

伊東剛, 熊谷友紀, 板野景子, 川崎秀二, 鈴木貴, 村上善則. 肺腺がんの MET 増幅依存的ゲフィチニブ体制の数理モデルを用いた解析. 第 27 回日本がん転移学会学術総会, 2018.

伊東剛, 熊谷友紀, 村上善則. CADM1 は成人 T 細胞白血病の血管外遊出を促進する. 第 77 回日本癌学会学術総会, 2018.

伊東剛, 岩成宏子, 丸山智子, 高見和孝, 田中剛, 長瀬隆英, 浜窪隆雄, 村上善則. CADM1 スプライスバリエントを標的とした小細胞肺癌に対する新規腫瘍マーカーの開発. 第 41 回日本分子生物学会年会. 2018.

Takeshi Ito, Yutaka Kasai, Siew Pey Gan, Yuki Kumagai, Yoshinori Murakami. CADM1 enhances extravasation of adult T-cell leukemia cells. Keystone Symposia: Cancer Metastasis–The Role of Metabolism, Immunity, and the Microenvironment, 2019.

Takeshi Ito, Yuki Kumagai, Keiko Itano, Shuji Kawasaki, Takashi Suzuki, Yoshinori Murakami. Mathematical modeling of gefitinib resistance of lung adenocarcinoma caused by MET amplification. The 2019 Core-to-Core Meeting, 2019.

田中 剛平 ハイブリッド力学系と細胞システム解析 第 27 回数理解生物学会(北海道大学, 10 月 6-8 日) 企画シンポジウム「生物データと数理解析・モデリング」 2017

G. Tanaka, Bifurcation analysis for dynamical behavior in cell systems, 1st Int. Symp. on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks (Tokyo, Feb. 1-2), Feb. 1, Abstract book pp. 24-25, 2019

難波大輔. ヒト表皮角化幹細胞動態解析による表皮再生原理の解明. 第 16 回日本再生医療学会 2017

難波大輔. ヒト表皮角化幹細胞の動態解析と再生医療応用. 第 39 回日本光医学・光生物学会 2017

難波大輔. ヒト表皮角化幹細胞の動態解析. 第 26 回日本形成外科学会基礎学術集会 2017

Nanba D, Toki F, Matsumura H, Toki F, Nishimura EK. Locomotive ability of human keratinocyte stem cells is an intrinsic property for stem cell expansion and epidermal reconstruction. 47th Annual European Society for Dermatological Research (ESDR) Meeting 2017

Daisuke Nanba, Yasuaki Morhi, Sakura Okamoto, Hiroyuki Matsumura, Takako Usami, Tomomi Aida, Koichi Tanaka, Emi K. Nishimura. Targeting melanocyte stem cells with Dct locus by cloning-free CRISPR/Cas9 technology. 日本研究皮膚科学会 2017 年

難波大輔. 重症下肢虚血における表皮角化幹細胞の特性解析. 第 27 回日本形成外科学会基礎学術集会 2018

難波大輔, 棟居卓弥, 土岐富士緒, 一色正晴, 柳原圭雄, 西村栄美, 木下浩二. 画像解析によるヒト表皮角化幹細胞コロニーの同定と培養幹細胞の品質評価法の開発. 第 16 回日本再生医療学会総会 2018

Daisuke Nanba. Tracing stem cell motion in human keratinocyte colonies using deep learning-based object tracking. 1st Japan-Singapore International Skin Conference 2019. 2019

Nanba D, Hirose T, Toki F, Nishimura EK, Kotoku J. Label-free identification of human keratinocyte stem cells by deep learning-based quantitative cell motion analysis. 49th Annual European Society for Dermatological Research (ESDR) Meeting. 2019

Daisuke Nanba. Kinetic analysis and modeling of human epidermal stem cell behavior in multilayered sheet formation. 1st International symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks 2019

Daisuke Nanba, Fujio Toki, Hiroshi Toki, Emi K. Nishimura. A constructive approach for understanding keratinocyte stem cell behavior in human epidermal regeneration. JSPS Core-to-Core Program "Establishing International Research Network of Mathematical Oncology" 2020

Nakamura N, Tay A, Almsherqi Z (equal contribution), "Team 14: Lipid therapeutics for rejuvenating senile T cells." The Interstellar Initiative: 2nd workshop, February 2021, オンライン.

中村直俊. EphA2とEGFRを介する肝細胞がんの悪性化経路の数理モデリング. 数理腫瘍学研究会, December 2020, オンライン.

中村直俊. 外れ値免疫細胞の動態の数理解析. 新学術・シンギュラリティ生物学・第13回Web交流会, November 2020, オンライン.

Nakamura N, Mathematical modeling of hepatocellular cancer progression via EphA2 and EGFR. Fusion of Mathematics and Biology, JSPS Core-to-Core Program "Establishing International Research Network of Mathematical Oncology", October 2020, 大阪.

中村直俊 EphA2 と EGFR を介する肝細胞がんの悪性化経路の数理モデリング. ワークショップ・工学と数学の接点を求めて, October 2020, オンライン.

Nakamura N, Mathematical modeling of hepatocellular cancer progression via EphA2 and EGFR. Vanderbilt University (Professor Vito Quaranta's lab), February 2020, Nashville.

Nakamura N, A Hasse-diagram-based method to find analytical solutions of a nonlinear ODE describing membrane complex formation. Vanderbilt University (Professor Carlos Lopez' lab), February 2020, Nashville.

中村直俊. 距離に基づく細胞間不均一性の解析. 第 11 回光塾, November 2019, 神戸.

Nakamura N, "Data-driven analysis of immune cell migration in the skin", 電子科学研究所, March 2019, 札幌.

中村直俊 実空間や情報空間の『形』を観る方法の開発」日本応用数理学会研究部会連合会発表会, March 2019, つくば.

沖村 千夏、谷口 篤史、野中 茂紀、岩楯 好昭 魚類ケラトサイトの遊走のための車輪 生物物理学会第 55 回年会 2017

沖村千夏、谷口篤史、野中茂紀、岩楯好昭 魚類表皮の遊走細胞ケラトサイトの車輪 第 69 回日本細胞生物学会大会シンポジウム 2017

Okimura, C., Taniguchi, A., Nonaka, S. and Iwadate, Y. A Role of Stress Fibers in Crawling Migration of Fish Keratocytes International Symposium on Fluctuation and Structure out of Equilibrium 2017 2017

沖村 千夏、谷口 篤史、野中 茂紀、岩楯 好昭 魚類ケラトサイトのストレスファイバの車輪 生体運動合同班会議 2018

中嶋仁珠、沖村千夏、岩楯好昭 魚類ケラトサイトの遊走メカニズムに微小管は必要ない 生物物理学会第56回年会 2018

沖村千夏、作村諭一、島袋勝弥、岩楯好昭 細胞性粘菌や好中球の基質の硬さ感知 生物物理学会第56回年会 2018

沖村千夏、作村諭一、島袋勝弥、岩楯好昭 速いアメーバ細胞の Rigidity Sensing 生体運動合同班会議 2019

沖村千夏、岩楯好昭 ケラトサイトの回転するストレスファイバ車輪の内側の核と外側の細胞膜の動き 第57回生物物理学会年会 2019

沖村千夏、岩楯好昭 魚類表皮ケラトサイトのストレスファイバの回転に伴う核と細胞膜の運動 生体運動合同班会議 2020

Iwate, Y. Rigidity sensing for directional migration in fast crawling cell Active Matter Workshop 2020 . 2020

池ノ内順一、重富健太 上皮細胞の細胞膜構造形成における細胞膜脂質の役割 第69回日本細胞生物学会大会（仙台）2017年

青木佳南、望月優輝、池ノ内順一 Blebにおける形質膜直下のアクチン細胞骨格の動態 第69回日本細胞生物学会大会 2017

重富健太、池ノ内順一 タイトジャンクション形成における細胞膜脂質の関与 2017年度生命科学系学会合同年次大会（ConBio2017） 2017年

樋本 拓也、松沢 健司、望月 優輝、池ノ内 順一 細胞環境から解き明かすAJリモデリングの分子機構 2017年度生命科学系学会合同年次大会（ConBio2017） 2017

池ノ内順一 上皮細胞に存在する細胞膜構造の形成メカニズム 第91回日本生化学会 2018

池ノ内順一、ブレブの動的な振る舞いを制御する分子機構 第92回日本生化学会大会 2019

Ikenouchi J Reciprocal Regulation of AJ and TJ During the Assembly of Apical Adhesion Complex, Gordon Research Conference "Cell Contact and Adhesion" 2019

池ノ内順一 Reciprocal regulation of Adherens Junction and Tight Junction during the assembly of apical adhesion complex 第43回日本分子生物学会年会 2020

Ikenouchi J Molecular mechanisms underlying dynamic behavior of membrane blebs JSPS Core-to-Core Program "Establishing International Research Network of Mathematical Oncology" 2020 Ikenouchi J Molecular mechanisms underlying dynamic behavior of membrane blebbing 第58回日本生物物理学会年会 2020

岩本一成 Dynamic gene expression regulated by NF-kappa B through super-enhancer Astbury-IPR Young Scientists Symposium 2017

岩本一成 Elucidation of NF-kappa B-regulated gene expression mechanism based on various sequence data 11th International Symposium of The Institute Network "Frontiers in Biomedical Sciences" 2017

岩本一成 Dynamic gene expression regulated by NF-kappa B through superenhancer Riken Epigenetics in Tsukuba Recent advances in Epigenetic Engineering 2017

岩本一成 スーパーエンハンサーを介した転写因子 NF-κBの遺伝子発現制御機構の解明 第5回NGS現場の会 2017

岩本一成 Formation of NF-κB super enhancer regulated by chromatin structural changes Australian National University (ANU) & IPR 2nd Joint Symposium 2017 "PROTEIN STRUCTURE AND FUNCTION" (招待講演、国際学会) 2017

岩本一成 シグナル依存的なクロマチン構造変化によるスーパーエンハンサーの制御機構 日本生物工学会バイオインフォマティクス相談部会 第一回講演会 2017

井元宏明、岩本一成、岡田眞里子 ErbB シグナル伝達経路と細胞周期の統合数理解析 理研シンポジウム「細胞システムの動態と論理 X」 2018

岩本一成、岡田眞里子 がん細胞の遺伝子変異不均一性に関する数理モデル解析 新学術領域研究「数理シグナル」第2回若手ワークショップ 2018

安藤美波、間木重行、岩本一成、岡田眞里子 Elucidating transcriptional mechanisms of NF- κ B target gene expression based on various sequence data 第56回日本生物物理学会年会 2018

井元宏明、岩本一成、間木重行、張素香、岡田眞里子 Model-based prediction of ErbB signaling activities on cell cycle entry 第56回日本生物物理学会年会 2018

江端恭一、井元宏明、岩本一成、間木重行、張素香、岡田眞里子 Experimental Validation of a Mathematical Model of ErbB Receptor Signaling to Cell Cycle 第56回日本生物物理学会年会 2018

道田大貫、安藤美波、岩本一成、間木重行、岡田眞里子 Investigation of the crosstalk mechanism between two damped oscillators, NF- κ B and p38 MAP kinase 第56回日本生物物理学会年会 2018

井元宏明、岩本一成、間木重行、張素香、岡田眞里子 Predictions of cellular responses with a mathematical model integrating ErbB signaling and cell cycle 第91回日本生化学会大会 2018

金沢朋美、岩本一成、間木重行、張素香、今本公、岡田眞里子 Crk 遺伝子ファミリーによる細胞機能制御の統合的解析 Integrated analysis of Crk gene family controlling cell functions 第91回日本生化学会大会 2018

安藤美波、間木重行、岩本一成、岡田眞里子 Biological significance of the oscillatory dynamics of NF- κ B for target gene expression 第91回日本生化学会大会 2018

安藤美波、間木重行、岩本一成、岡田眞里子 Biological significance of the oscillatory dynamics of NF- κ B for target gene expression 第91回日本生化学会大会 2018

Watanabe M Comprehensive identification of E3 ubiquitin ligase substrates by fusion of TUBE and ligase trapping methods. The 2nd GI-CoRE GSQ, GSB, & IGM JOINT SYMPOSIUM Quantum, Informatics, Biology & Medicine 2018

Watanabe M Comprehensive identification of E3 ubiquitin ligase substrates in innate immune signaling. The 1st International symposium on interdisciplinary approaches to integrative understanding of biological signaling networks 2019

渡部 昌、畠山鎮次 自然免疫シグナルに関わるユビキチンリガーゼ群の網羅的な基質同定と解析 第92回日本生化学会大会シンポジウム 2019

渡部 昌、畠山鎮次 ユビキチン様修飾分子 UFM1 によるロイコトリエン生合成の制御 第93回日本生化学会大会 2020

Watanabe M A substrate-trapping strategy to find E3 ubiquitin ligase substrates. Cold Spring Harbor Laboratory Meeting on the Ubiquitin Family 2021

Yuichiro Hori、Shinya Hirayama、Zsolt Benedek、Tadashi Suzuki、Kazuya Kikuchi Development of Multicolor Fluorogenic Probes for Elucidating Role of GLUT4 N-Glycan in Intracellular Trafficking 第12回日本分子イメージング学会総会・学術集会 2017

山崎康平、堀雄一郎、菊地和也 蛋白質分解を検出する OFF-ON-OFF 型発蛍光プローブの開発 第12回日本分子イメージング学会総会・学術集会 2017

堀雄一郎、山崎康平、菊地和也 蛋白質の分解を検出する OFF-ON-OFF 型蛍光ラベル化プローブの開発 日本ケミカルバイオロジー学会第12回年会 2017

Yuichiro Hori Development of Multicolor Fluorogenic Probes for Elucidating Role of GLUT4 N-Glycan in Intracellular Trafficking 2017 KSMI-FASMI joint conference 2017

Gao Jingchi、堀雄一郎、菊地和也 長波長化したクマリンを発蛍光リガンドとした PYP タグ標識プローブの開発 第 11 回バイオ関連化学シンポジウム 2017

森 和真、堀雄一郎、菊地和也 内在性膜蛋白質の発蛍光イメージング技術の開発 第 11 回バイオ関連化学シンポジウム 2017

梅野真帆、堀雄一郎、西田会友子、辻将吾、今西未来、二木史朗、菊地 和也 TALE/ZF と PYP ラベル化法を利用したプローブの開発 第 11 回バイオ関連化学シンポジウム 2017

堀 雄一郎 合成分子と蛋白質を駆使した生体分子イメージング サントリー生有研シンポジウム 2017

Yuichiro Hori Chemical Probes with Fluorogenic Switch for Imaging Modified Protein and DNA ISBC2017 The Second International Symposium on Biofunctional Chemistry 2017

Maho Umeno、Yuichiro Hori、Ayuko Nishida、Shogo Tsuji、Miki Imanishi、Shiroh Futaki、Kazuya Kikuchi Development of fluorogenic hybrid probes utilizing TALE/ZF and PYP-labelling technology for detection of genome sequence ISBC2017 The Second International Symposium on Biofunctional Chemistry 2017

Gao Jingchi、堀雄一郎、菊地和也 緑色蛍光を発するクマリンリガンドの設計に基づく PYP タグ標識プローブの開発 日本化学会第 98 春季年会 2018

Naresh Kumar、Yuichiro Hori、Kazuya Kikuchi Design and development of PYP-tag coumarin ligands with halomethyl ketone moieties for fluorogenic protein labeling 日本化学会第 98 春季年会 2018

Chiawei Yu、Yuichiro Hori、Kohei Yamasaki、Kazuya Kikuchi Development of OFF-ON-OFF Fluorescent Probes for Live-cell Imaging of Protein Degradation 日本化学会第 98 春季年会 2018

梅野真帆、堀雄一郎、西田会友子、辻将吾、今西未来、二木史朗、菊地和也 ゲノム配列を検出する合成分子/蛋白質ハイブリッドプローブの開発 日本化学会第 98 春季年会 2018

堀 雄一郎、森和馬、山崎のぞみ、菊地和也 内在性膜蛋白質を可視化する合成分子/蛋白質ハイブリッドプローブ 日本分子イメージング学会第 13 回総会・学術集会 2018

山崎のぞ美、堀雄一郎、森和真、菊地和也 ハイブリッドプローブによる内在性膜蛋白質イメージング技術の開発 日本ケミカルバイオロジー学会第 13 回年会 2018

梅野真帆、堀雄一郎、西田会友子、辻将吾、今西未来、二木史朗、菊地和也 ゲノム配列検出を目指した新規合成分子/蛋白質ハイブリッドプローブの開発 日本ケミカルバイオロジー学会第 13 回年会 2018

有菌賢志、堀雄一郎、菊地和也 タンパク質間相互作用を検出する光架橋タンパク質ラベル化プローブの開発 日本ケミカルバイオロジー学会第 13 回年会 2018

Yuichiro Hori、Maho Umeno、Miyako Nishiura、Kazuya Kikuchi Development of Fluorogen/Protein Hybrid Probe for Live-Cell Imaging of DNA Methylation EMBO Workshop, Chemical Biology 2018. 2018

Satoshi Arizono、Yuichiro Hori、Kohei Yamasaki、Kazuya Kikuchi Development of OFF-ON-OFF fluorescence-switchable probes for detection of protein degradation EMBO Workshop, Chemical Biology 2018. 2018

Nozomi Yamazaki、Yuichiro Hori、Kazuma Mori、Kazuma Mori、Kazuya Kikuchi Development of hybrid probe for fluorogenic imaging of endogenous membrane proteins EMBO Workshop, Chemical Biology 2018. 2018

Gao Jingchi、堀雄一郎、菊地和也 細胞内タンパク質を迅速に発蛍光ラベル化する化学プローブの開発 第 27 回日本バイオイメージング学会学術集会 2018

有菌賢志、山崎康平、堀雄一郎、菊地和也 タンパク質分解を検出する OFF-ON-OFF 蛍光スイッチングプローブの開発、第 6 回バイオ関連化学シンポジウム若手フォーラム 2018

堀 雄一郎、梅野真帆、西浦美也子、菊地和也 合成分子/蛋白質ハイブリッドプローブを用いたメチル化 DNA の蛍光イメージング 第 12 回バイオ関連化学シンポジウム 2018

堀 雄一郎 蛍光スイッチ機能を持つエピジェネティクス可視化ツールの開発 第 91 回日本生化学会大会 2018

Yuichiro Hori Chemical Probes with Fluorogenic Switch for Imaging Modified Protein and DNA Institute for Protein Research International Seminar “Frontiers in Peptide Science 2018” 2018

有菌賢志、堀雄一郎、山崎康平、菊地和也 マルチカラーイメージングへの展開を指向した OFF-ON-OFF 型蛍光プローブの開発 日本化学会第 99 春季年会 2019

Nozomi Yamazaki、Yuichiro Hori、Kazuya Kikuchi Development of fluorogenic probe for imaging endogenous membrane proteins 15th International Symposium on Applied Bioinorganic Chemistry 2019

Keisuke Nomura、Yuichiro Hori、Kazuya Kikuchi Development of Fluorescent Probes with M6A-binding Protein for Detection of RNA Methylation 15th International Symposium on Applied Bioinorganic Chemistry 2019

堀 雄一郎、山崎のぞみ、森 和真、菊地和也 内在性膜タンパク質を可視化する蛍光色素・タンパク質ハイブリッドプローブの開発 日本ケミカルバイオロジー学会第 14 回年会 2019

Gao Jingchi、堀 雄一郎、菊地 和也 環境応答性蛍光スイッチングを利用したタンパク質分解の生細胞イメージング 日本ケミカルバイオロジー学会第 14 回年会 2019

野村佳祐、堀雄一郎、菊地和也 メチル化 RNA を検出するハイブリッド型発蛍光プローブの開発 日本ケミカルバイオロジー学会第 14 回年会 2019

Yuichiro Hori Fluorescence Imaging of Endogenous Biomolecules Using Synthetic Fluorogens and Proteins Chemical Biology Mini-Symposium 2019

Shiro Suetsugu The spatial distribution of the BAR domain proteins on the membrane 第 55 回日本生物物理学会年会 基調講演 2017

末次 志郎 BAR ドメインタンパク質の超解像解析 第 40 回日本分子生物学会年会 基調講演 2017

Shiro Suetsugu The date analysis of the coordinates of molecule from super-resolution microscopy for the understanding of the assembly of the protein. 新学術領域研究「数理シグナル」第 1 回国際シンポジウム 2019

Shiro Suetsugu The role of the lipid composition on the membrane deformation by the BAR domain proteins EMBO Workshop Caveolae and nanodomains: Translating structural principles and dynamics into function 2019

Shiro Suetsugu The mode switch of endophilin membrane deformation based on packing-defects and electrostatic charge 第 60 回国際脂質生物学会 ICBL2019. 2019

末次 志郎 The membrane re-modeling by the BAR domain superfamily proteins dependent on the composition of lipids 第 71 回日本細胞生物学会大会 基調講演 2019

末次 志郎 脂質膜組成による BAR ドメインタンパク質の脂質膜変形活性の変換 第 92 回日本生化学会大会 2019

Mitsuo Osuga、Tamako Nishimura、Shiro Suetsugu Development of the Green Photo-switchable Fluorescent Protein with Fixation Resistance a Variant of Eos Fluorescent Protein. ASCB/EMBO 2019 meeting 2019

小柳光正、沈宝國、永田崇、孫蘭芳、和田清二、上村了美、中台(鹿毛)枝里子、寺北明久 パラピノプシンの双安定性に着目した細胞応答の波長依存的な光制御 日本動物学会第 88 回大会 2017

和田清二、沈宝國、山下(川野)絵美、永田崇、保智己、小柳光正、寺北明久 ゼブラフィッシュ松果体の波長識別応答における光受容タンパク質パラピノプシンの分子特性の重要性 日本動物学会第88回大会 2017

Mitsumasa Koyanagi, Baoguo Shen, Takashi Nagata, Lanfang Sun, Seiji Wada, Satomi Kamimura, Eriko Kage-Nakadai, Akihisa Terakita Diversity of animal rhodopsins and their potentials for optical regulation of cell signaling 第9回光操作研究会 2017

Tomoka Saito, Mitsumasa Koyanagi, Tomohiro Sugihara, Kentaro Arikawa, Akihisa Terakita Detergent-free approach to spectral tuning mechanisms of long-wavelength-sensitive opsins in butterfly The 8th Asia & Oceania Conference on Photobiology 2017

Mitsumasa Koyanagi Diversity of non-visual animal opsins and their optogenetic applications 日本比較生理生化学会第39回大会 2017

小柳光正 動物の光受容タンパク質の多様性とその活用術 大阪大学生命機能研究科研究交流会 2018

永田崇、小柳光正、Robert Lucas、寺北明久 全トランスレチナル結合オプシン・ペロプシンの光不活性化型 GPCR としての性質 第20回日本光生物学協会年会 2018

永田崇、小柳光正、Robert Lucas、寺北明久 光で不活性化される G タンパク質共役受容体としての特徴を持つペロプシン 日本動物学会第89回大会 2018

和田清二、沈宝國、山下(川野)絵美、永田崇、日比正彦、保智己、小柳光正、寺北明久 ゼブラフィッシュ松果体における波長識別を担う光受容体 日本動物学会第89回大会 2018

Takashi Nagata, Mitsumasa Koyanagi, Robert Lucas, Akihisa Terakita Dark-active and light-inactivated G protein-coupled receptors based on an animal opsin, peropsin 日本生物物理学会第56回年会 2018

Mitsumasa Koyanagi Functionality of bistable animal opsins for optogenetic regulation of cellular signal transductions 18th International Conference on Retinal Proteins 2018

Takashi Nagata, Mitsumasa Koyanagi, Robert Lucas, Akihisa Terakita Peropsin as a potential light-inactivated G protein-coupled receptor 18th International Conference on Retinal Proteins 2018

Seiji Wada, Baoguo Shen, Emi Kawano-Yamashita, Takashi Nagata, Masahiko Hibi, Satoshi Tamotsu, Mitsumasa Color opponency with a bistable pigment parapsinopsin in the zebrafish pineal organ 18th International Conference on Retinal Proteins 2018

Mitsumasa Koyanagi Optical regulation of GPCR signalings using bistable animal opsins 1st International Symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks 2019

和田清二、沈宝國、山下(川野)絵美、永田崇、日比正彦、保智己、小柳光正、寺北明久 ゼブラフィッシュ松果体の単一オプシンによる色情報検出 第13回バイオイメージングフォーラム&基礎生物学研究所重点共同利用 合同シンポジウム 2019

小柳光正 動物の光受容の分子基盤の多様性と進化 総合研究大学院大学先導科学研究科公開セミナー 2019

Tomoka Saito, Mitsumasa Koyanagi, Tomohiro Sugihara, Takashi Nagata, Kentaro Arikawa, Akihisa Terakita Spectral tuning in butterfly long wavelength-sensitive visual opsins FASEB SRC The Biology & Chemistry of Vision 2019

小柳光正、高橋直樹、寺北明久 オプシンファミリーに近縁な GPCR に着目したオプシンの起源の探索 日本進化学会第21回大会 2019

Mitsumasa Koyanagi, Seiji Wada, Baoguo Shen, Takashi Nagata, Akihisa Terakita Color dependent light regulation of cell responses by a non-visual bistable opsin parapsinopsin 2019 ESP-IUPB World Congress 2019

小柳光正 動物の双安定型ロドプシンを用いた細胞内シグナル伝達の光操作 日本動物学会第90回

大会 2019

和田清二、沈宝國、山下(川野)絵美、永田崇、日比正彦、保智己、小柳光正、寺北明久 ゼブラフィッシュ松果体における色情報検出を担う光受容体 日本動物学会第 90 回大会 2019

Mitsumasa Koyanagi Light regulation of cell responses by animal rhodopsins 9th Asia and Oceania Conference on Photobiology 2019

小柳光正 動物の光受容タンパク質の解析から生態・進化を探る 第四回軟骨魚類研究会 2019

小柳光正、高橋直樹、寺北明久 動物のオプシンの起源の探索 基礎生物学研究所セミナー「異分野融合による次世代光生物学研究会」 2019

和田清二、沈宝國、山下(川野)絵美、永田崇、日比正彦、保智己、小柳光正、寺北明久 松果体におけるオプシンの分子特性と波長識別 基礎生物学研究所セミナー「異分野融合による次世代光生物学研究会」 2019

Mitsumasa Koyanagi, Seiji Wada, Baoguo Shen, Takashi Nagata, Akihisa Terakita Optical regulation of intracellular signaling using bistable animal opsins 日本比較生理生化学会第 41 回東京大会 2019

小柳光正 動物の双安定型ロドプシンを用いた GPCR シグナル伝達の光操作 Promega Dynamic Connection 2019. 2019

Naoki Takahashi, Akihisa Terakita, Mitsumasa Koyanagi Investigation of opsin-like GPCRs identified in a primitive multicellular animal 日本比較生理生化学会第 42 回山形大会 2020

高橋直樹、寺北明久、小柳光正 原始的な多細胞動物に存在するオプシン様 GPCR の解析 日本動物学会第 91 回大会 2021

高草大悟、杉原智博、寺北明久、小柳光正 哺乳類の非視覚オプシン Opn3 の分子特性の解析 日本動物学会第 91 回大会 2021

舘林和夫、山本勝良、冨田太一郎、赤羽悟美、西村晶子、高山知美、斎藤春雄 Activation of the Hog1 MAP kinase requires a direct osmotic priming of Hog1 itself as well as stimulation of the upstream osmosensors 第 41 回日本分子生物学会年会/ConBio 2017

Taichiro Tomida, Kimitaka Yamaguchi, Masanori Ito, Shingo Murakami, Yoshinori Mikami, Satomi Adachi-Akahane Dynamics and regulation of inflammatory JNK signaling revealed by FRET imaging and systems-analysis. 62nd Biophysical Society Annual Meeting 2018

Taichiro Tomida, Kimitaka Yamaguchi, Masanori Ito, Shingo Murakami, Yoshinori Mikami, Satomi Adachi-Akahane Systems-analysis of inflammatory JNK signaling using live-cell FRET imaging.

第 18 回国際薬理学臨床薬理学会議／第 91 回日本薬理学会年会 2018

冨田太一郎、山口君空、伊藤雅方、村上慎吾、三上義礼、赤羽悟美 Feedback regulation of cytokine-induced JNK signaling revealed by imaging an alyses. 第 94 回日本生理学会大会 2018

冨田太一郎 Systems analysis of inflammatory JNK / p38 MAPK signaling by FRET imaging. IPR seminar Bionetworks in health and diseases 国際研究集会 2018

冨田太一郎、山口君空、伊藤雅方、三上義礼、大島大輔、赤羽悟美 Temporal coding of MAPK activation dynamics revealed by FRET imaging. 第 41 回日本分子生物学会年会 2018

山口君空、冨田太一郎、伊藤雅方、三上義礼、村上慎吾、赤羽悟美 筋芽細胞の融合における p38 の役割 第 138 回日本薬理学会関東部会 2018

Taichiro Tomida, Kimitaka Yamaguchi, Masanori Ito, Yoshinori Mikami, Shingo Murakami, Satomi Adachi-Akahane Single-cell imaging analysis of inflammatory JNK signaling. 第 9 回アジア・オセアニア生理学会連合(FAOPS)大会 2019

冨田太一郎、山口君空、伊藤雅方、三上義礼、大島大輔、赤羽悟美 Signaling mechanism of myoblast fusion in skeletal muscle formation. 第 92 回日本薬理学会年会 2019

Inaba, T., Miyamoto, Y., Iwamoto, K., Okada, M., and Sako, Y. Single cell analysis of NF- κ B dependent gene expression and translocation into the nucleus. Single Cell Science Symposium “Technology Meets Biology”2017.7.6

Okamoto, K. and Sako, Y. Single-molecule FRET measurement for conformational dynamics and in-cell structural states of biomolecules. INP-2017, The International Nanophotonics Symposium 2017.8.25-26

Okamoto, K., Maeda, R., and Sako, Y. Single-molecule FRET measurement for EGFR-RAS-MAPK signal transduction pathway. Deciphering complex energy landscape and kinetic network from single molecules to cells: a new challenge to make theories meet experiments 2017.9.3-8

Arata, Y., Shindo, Y., Takagi, H., and Sako, Y. Particle tracking analysis of gustulation in *C. elegans* embryos. 第 55 回日本生物物理学会年会 2017.9.19

Miyamoto, Y., Ariyoshi, T., Inaba, T., Iwamoto, I., Hase, K., Sako, Y., Okada, Y., and Okada, M. Single-cell cytoplasmic-nuclear shuttling of transcription factor NF- κ B is auto-regulated by the expression level. 第 55 回日本生物物理学会年会 2017.9.19

Yanagawa, M., Hiroshima, M., Togashi, Y., Yamashita, T., Shichida, Y., Murata, M., Ueda, M. and Sako, Y. Single-molecule imaging-based estimation of GPCR activity. 第 55 回日本生物物理学会年会 2017.9.19

Hiroshima, M., Tomishige, N., Ueda, M. and Sako, Y. Cholesterol mediated cluster formation is indispensable for the downstream signaling of epidermal growth factor receptor. 第 55 回日本生物物理学会年会 2017.9.19

Yoshizawa, R., Umeki, N., Yanagawa, M., Murata, M., and Sako, Y. p52SHC translocation to the plasma membrane of MCF7 cells. 第 55 回日本生物物理学会年会 2017.9.19

Maeda, R., Sato, T., Okamoto, K., and Sako, Y. Lipid-protein cooperativity in the regulation of juxtamembrane domain dimer formation in epidermal growth factor receptor. 55th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan 2017.9.20

Okamoto, K. and Sako, Y. Single-molecule FRET measurement of the intrinsically disordered C-tail domain of the epidermal growth factor receptor. 第 55 回日本生物物理学会年会 2017.9.20

Inaba, T., Miyamoto, Y., Iwamoto, K., Shinohara, H., Okada, M., and Sako, Y. Analysis of NF- κ B cluster formation in the cell nucleus. 第 55 回日本生物物理学会年会 2017.9.20

Takagi, H., Miyanaga, Y., Hiroshima, M., Sako, Y., and Ueda, M. Spatial distribution analysis of membrane receptors. 第 55 回日本生物物理学会年会 2017.9.20

梅木伸久、吉澤亮、佐甲靖志 Ral の活性化における Ras と RalGDS の REM ドメインとの直接的な相互作用第 40 回日本分子生物学会年会、第 90 回日本生化学会大会 2017.12.6

村上、新土、山岡、若山、森谷、張、鮎川、若尾、佐甲、木賀 遺伝子発現の振動を行う人工遺伝子回路の構成要素の生化学的解析 第 40 回日本分子生物学会年会、第 90 回日本生化学会大会 2017.12.8

Maeda, R., and Sako, Y. Lipid-protein interaction at the juxtamembrane domain regulates dimerization of epidermal growth factor receptor. The 6-th International Symposium on Dynamical Ordering of Biomolecular Systems for Creation of Integrated Functions. 2018.1.20

稲葉岳彦、岩本一成、岡田真里子、佐甲靖志 転写因子 NF- κ B の核内クラスター形成、新学術領域「数理シグナル」第 2 回公開シンポジウム「数理シグナル学術領域の新展開」2018.2.10

吉澤亮、梅木伸久、柳川正隆、村田昌之、佐甲靖志 シグナル伝達ダイナミクスの一細胞計測に基づく細胞応答決定メカニズムの解明. 第 7 回日本生物物理学会関東支部会 2018.3.13

Takada, R., Mii, Y., Krayukhina, E., Pack, C.G., Sako, Y., Uchiyama, S., and Takada, S. Oligomerization-based assembly restricts Wnt protein diffusion. 第 70 回日本細胞生物学会 第 51 回日本発生生物学会合同大会 2018.6.6

Hiroshima, M., Yasui, M., Kozuka, J., Sako, Y., and Ueda, M. In cell automated single-molecule analysis and its extensive applications. 56th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, Symposium “New trends in bioanalysis based on single molecule biophysics” 2018.9.15

Nakamura, Y., Hibino, K., Yanagida, T., and Sako, Y. Single-molecule analysis of a cell signaling protein, SOS. 56th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, “The 7th Award Seminar for outstanding Biophysics and Physicobiology paper” 2018.9.15

Maeda, R., Sato, T., and Sako, Y. Membrane-protein interplay in the dimerization of juxtamembrane domains of epidermal growth factor receptor. 第 56 回日本生物物理学会年会 2018.9.16

Okamoto, K. and Sako, Y. Structural information of intrinsically disordered C-terminus domain of the EGFR revealed by changing solution condition. 第 56 回日本生物物理学会年会 2018.9.16

Inaba, T., Iwamoto, K., Okada, M., and Sako, Y. Analysis of NF- κ B clusters and transcriptional initiations. 第 56 回日本生物物理学会年会 2018.9.16

Yoshizawa, R., Umeki, N., Yanagawa, M., Murata, M., and Sako, Y. Regulation of Grb2 signaling dynamics by p52Shc scaffold protein in MCF7 cells. 第 56 回日本生物物理学会年会 2018.9.17

Sako, Y. Single-molecular pharmacology of GPCRs. The 3rd Biosignal Research Center International Symposium “Modulation of GPCR Signaling by Membrane Heterogeneity and Molecular Clustering” 2018.9.18

Sako, Y. Lateral mobility of GPCRs reflects their activation kinetics. The 91st Annual Meeting of the Japanese Biochemical Society Symposium “Understanding biological systems from multi-order kinetics” 2018.9.26

Sako, Y. Single-molecule pharmacology of G protein-coupled receptors”, 1st International symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks. 2019.2.1

Tomohide Saio, Applications of paramagnetic lanthanide ions in NMR and ESR, International IPR Seminar - Open up a new era of structural biology with advanced NMR study-, 2019

Tomohide Saio, Structural and kinetic insights into molecular chaperones, International Symposium on Protein Folding and Misfolding-related Aggregation, 2019

Tomohide Saio, Structural and kinetic basis for functional modulation of a molecular chaperone, 8th Asia-Pacific NMR Symposium, 2019

Tomohide Saio, Exploring conformational states of a protein enzyme using paramagnetic lanthanide ions, Biometal Science 2019, 2019

H. Kawamukai, S. Takisita, T. Saio, K. Ishimori, Measurement of interdomain distance of a multidomain protein, CSE International Student Symposium 2019, 2019

齋尾 智英 低複雑性タンパク質の液-液相分離の制御と破綻のメカニズム: NMR による解析 第 4 回 LLPS 研究会・ASUKA 若手交流会 2019/2019

川向ほの香、齋尾智英、石森浩一郎 リピート配列を持つ毒性ペプチドによる LLPS 制御阻害メカニズム解明 第 4 回 LLPS 研究会 ASUKA 若手交流会 2019 2019

Haojie Zhu、齋尾 智英、Walid A. Houry、石森浩一郎 “Unraveling the Mechanism of the Protein Unwinding Mediated by the TF-ClpX Interaction” 第 4 回 LLPS 研究会 ASUKA 若手交流会 2019 2019

齋尾 智英 金属イオンを用いた SAXS と NMR によるマルチドメインタンパク質の動的構造解析 PF 研究会-BioSAS が拓く生体高分子の分子間相互作用解析の最前線-2019

齋尾 智英 タンパク質フォールディングにおける分子シャペロンの機能とメカニズム: 立体構造と速度論からのアプローチ 第 92 回 日本生化学会大会 2019

川向ほの香、瀧下俊平、齋尾智英、石森浩一郎 重金属イオンを利用したマルチドメインタンパク質におけるドメイン間距離の測定 第 92 回日本生化学会大会 2019

齋尾 智英 細胞内恒常性維持を担うシャペロンの動的構造基盤と制御 日本生化学会北海道支部

第 56 回支部例会 2019

齋尾 智英 “Protein structure and dynamics by solution NMR” ASUKA Symposium 2019/2019

齋尾 智英 細胞内恒常性維持を担うシャペロンの動的構造基盤と制御 日本化学会北海道支部奨励賞受賞講演 2019

Tomohide Saio, On and off between molecular chaperones and clients: Appropriate distance and timing for protein folding, 21st Hokudai-RIES International Symposium 2020

齋尾 智英 “Conformational ensemble of a multidomain protein MurD visualized by paramagnetic lanthanide probe methods in NMR and EPR” 第 19 回日本蛋白質科学会年会第 71 回日本細胞生物学会大会 2019

齋尾 智英 シャペロンから理解する細胞内タンパク質の動態制御メカニズム 第 93 回日本生化学会 2020

齋尾 智英、石森 浩一郎 “Exploiting paramagnetic metal ions for protein structural study in solution” 第 58 回日本生物物理学会年会 2020

齋尾 智英 常磁性金属と分子シャペロン 2020 年度日本分光学会 NMR 分光部会集中講義 2020

川向ほの香、齋尾智英、石森浩一郎 ランタノイドイオン間距離の計測によるタンパク質のコンフォメーション評価 化学系学協会北海道支部 2020 年冬季研究発表会 2020

川向ほの香、石森浩一郎、齋尾智英 Fused in sarcoma(FUS)による液滴形成機構とその破綻によるアミロイド化 第 10 回 CSJ 化学フェスタ 2020

川向ほの香、齋尾智英、石森浩一郎 筋委縮性側索硬化症原因タンパク質 Fused in sarcoma(FUS)における液-液相分離制御機構の解明 第 43 回日本分子生物学会 2020

Tomohide Saio, Mechanistic insights into a molecular chaperone in protein folding and degradation, 2021 virtual Cold Spring Harbor Asia Conference 2021

Kofuku Y, Shiraishi Y, Natsume M, Okude J, Sato M, Imai S, Kondo K, Mizumura T, Maeda M, Tsujishita H, Kuranaga T, Inoue M, Nakata K, Mizukoshi T, Ueda T, Iwai H, Shimada I Dynamics of G protein-coupled receptor related to various signaling revealed by NMR 第 57 回日本生物物理学会年会 2019

金子 舜、今井 駿輔、浅尾 信央、幸福 裕、上田 卓見、嶋田 一夫 動的構造平衡に基づいた μ オピオイド受容体の活性化機構の解明 日本薬学会第 141 年会 2021

Masahiro Tomioka, Yuichi Iino. The function of axonal DAF-2c signaling in taste avoidance learning in *C. elegans*. 22nd International *C. elegans* Meeting 2019

富岡 征大, ジャン ムンソン, 飯野 雄一 線虫 *C. elegans* の学習記憶に依存した行動切り替えを制御するインスリン経路の働き 第90回日本動物学会 2019

富岡 征大, 永嶋 宇, ジャン ムンソン, 飯野 雄一 線虫 *C. elegans* の味覚忌避学習を制御するインスリン受容体アイソフォームの働き 第42回分子生物学会年会 2019

富岡 征大, ジャン ムンソン, 飯野 雄一 異なる細胞内部位で学習行動を制御するインスリン受容体アイソフォームの働き 第93回日本生化学会大会シンポジウム 2020

Masahiro Tomioka The cooperative action of IR isoform signaling in a single neuron in behavioral plasticity. JSPS研究拠点形成事業国際シンポジウム「数理腫瘍学 国際研究ネットワークの構築」2020

道上達男 ツメガエル外胚葉パターンニングにおける物理的な力の関与 第 13 回日本ツメガエル研究集会 2019

平野咲雪、道上達男 脊椎動物神経板での PCP 形成における力学的シグナルの解析 第 13 回日本ツメガエル研究集会 2019

道上達男、金島時、中桐悠一郎、山元孝佳 ツメガエル初期発生の外胚葉パターンニングにおける物理的な力の関与 第 90 回日本動物学会年会 2019

道上達男 初期胚の神経領域規定における物理的な力の関与 第 14 回日本臨床ストレス応答学会 2019

道上達男 ツメガエル胚の領域規定における細胞張力・細胞形状の関与 第五回幹細胞研究会 2019

塚野皓平、道上達男 予定プラコード形成における ERK 特異的リン酸化酵素 Dusp6 の機能解析 第 42 回日本分子生物学会 2019

平野咲雪、道上達男 力学的シグナルによる平面内細胞極性制御 第 42 回日本分子生物学会 2019 年 12 月

金島時、山元孝佳、道上達男 ツメガエル胚において機械的刺激が予定プラコード分化を亢進する 第 42 回日本分子生物学会 2019

Sayuki Hirano, Guillaume Charras, Tatsuo Michiue Unidirectional Tissue Extension Regulates Planar Cell Polarity 第 43 回 日本分子生物学会年会 2020

名古屋由夏、道上達男 頭部プラコード形成における BMP シグナル伝達経路の活性制御機構の解明 第 72 回日本動物学会関東支部大会 2021.3

江口貴大、手塚徹、福留隆泰、渡辺裕治、相良洋、山梨裕司 神経筋接合部 (NMJ) の異常な拡張に伴う微細構造の形成抑制 第 5 回日本筋学会学術集会 2019

江口貴大、杉田聡、峯岸慶彦、下豊留玲、太田宣康、小木曾昇、植田亮、山梨裕司 DOK7 発現ベクターの投与は老齢マウスの NMJ における神経結合を増強し、運動機能と筋力を強化する 第 43 回日本分子生物学会年会 2020

山梨裕司 神経筋シナプス (NMJ) 形成シグナルと NMJ 標的治療 第 6 回日本筋学会学術集会 2020

江口貴大、杉田聡、峯岸慶彦、下豊留玲、太田宣康、小木曾昇、植田亮、山梨裕司 神経筋接合部 (NMJ) の形成増強治療は老齢マウスにおける NMJ の神経結合を増強し、運動機能と筋力を強化する 第 6 回日本筋学会学術集会 2020

小原圭介、安田有那、嘉村巧 Development of a biosensor for the plasma membrane lipid asymmetry 29th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (ICYGMB) 2019

渡邊祥太郎、小原圭介、奥村文彦、嘉村巧 出芽酵母のストレス応答因子 Wta1 の制御機構の解析 第 42 回日本分子生物学会年会 2019

渡邊耀司、小原圭介、嘉村巧 出芽酵母セリンスレオニンキナーゼ質 Hin1 の機能解析 第 42 回日本分子生物学会年会 2019

酒井洋二、小原圭介、奥村文彦、嘉村巧 飢餓状態における Rrn3 の分解制御機構の解析 第 42 回日本分子生物学会年会 2019

小林恵里花、小原圭介、嘉村巧 出芽酵母 Unt1 の分解機構とその意義の解明 第 42 回日本分子生物学会年会 2019

奥村文彦、奥村晶子、中務邦雄、嘉村巧 HIF-2alpha によるフォン・ヒッペル・リンドウ病抑制因子 B-Myb の安定化 第 42 回日本分子生物学会年会 2019

森田敏基、小原圭介、奥村文彦、嘉村巧 出芽酵母転写抑制因子 Mtt24 の分解制御機構 第 42 回日本分子生物学会年会 2019

吉川拓、小原圭介、奥村文彦、嘉村巧 アダプタータンパク質 Mmr1 の選択的分解によるミトコンドリアの局在制御機構 第 42 回日本分子生物学会年会 2019

安田有那、小原圭介、嘉村巧 細胞外刺激と細胞膜脂質非対称の関係性の解析 第 42 回日本分子生物学会年会 2019

小原圭介、小林恵里花、西村浩平、嘉村巧 娘細胞特異的因子 Dse3 は出芽酵母の極性成長時の細胞壁合成を促進する 第 72 回日本細胞生物学会大会 2020

吉川拓、小原圭介、西村浩平、嘉村巧 アダプタータンパク質 Mmr1 の選択的分解によるミトコンドリアの局在と機能の制御 第 43 回日本分子生物学会年会 2020

小倉佑季、小原圭介、西村浩平、嘉村巧 出芽酵母 Dse3 は極性成長時の細胞壁合成を促進する 第 43 回日本分子生物学会年会 2020

福原佳乃、中島優希、角房直哉、佐藤綾人、打田直行、小原圭介、西村浩平、嘉村巧 Auxin Inducible Degron (AID) 株を利用したオーキシン分子のスクリーニング 第 62 回日本植物整理学会年会 2021

山内夢叶、今野雅恵、山田大智、由良敬、井上圭一、Oded Béjà、神取秀樹 発色団を結合するリジンを保存しない微生物型ロドプシンの光応答性機能獲得 新学術領域「数理シグナル」領域推進会議 2019

縣和哉、山田大智、神取秀樹 植物クリプトクロム 2 のホモオリゴマー時の構造状態の解析 第 46 回生体分子科学討論会 2019

鮎洗平、片山耕大、寿野良二、神取秀樹 全反射赤外分光法によるムスカリン性アセチルコリン受容体 M2 の活性化機構解析 第 46 回生体分子科学討論会 2019

橋本真典、富田紗穂子、片山耕大、古谷祐詞、神取秀樹 低温赤外分法による Heliorhodopsin の初期中間体構造解析 第 46 回生体分子科学討論会 2019

華井竣平、佐々木拓磨、片山耕大、今井啓雄、神取秀樹 分光計測による霊長類青感受性視物質の光反応中間体構造解析 第 46 回生体分子科学討論会 2019

K. Katayama, R. Suno, K. Suzuki, S. Iwata, H. Kandori Vibrational spectroscopic approaches for understanding interactions of ligand with G protein-coupled receptors 第 19 回日本蛋白質科学学会年会 第 71 回日本細胞生物学会大会 合同年次大会 2019

佐々木拓磨、片山耕大、今井啓雄、神取秀樹 色覚センサーの光反応ダイナミクスの赤外分光解析 第 19 回日本蛋白質科学学会年会 第 71 回日本細胞生物学会大会 合同年次大会 2019

重村竣太、細島頌子、神取秀樹、角田聡 パワフルで一価金属カチオン選択性を持つチャンネルロドプシンのオプトジェネティクスに向けたイオン透過解析 第 19 回日本蛋白質科学学会年会 第 71 回日本細胞生物学会大会 合同年次大会 2019

H. Kandori Light-induced difference FTIR spectroscopy of rhodopsins 10th International Conference on Advanced Vibrational Spectroscopy 2019

神取秀樹 ロドプシンの作動メカニズム イオンの輸送を中心として 第 62 回 数理医学研究会 2019

S. Shigemura, S. Hososhima, H. Kandori, S. Tsunoda Study of monovalent cation selectivity channelrhodopsin Gt_CCR4 for optogenetics The 42nd Annual Meeting of the Japan Neuroscience Society and The 62nd Annual Meeting of the Japanese Society for Neurochemistry, July 25-28, 2019

細島頌子、神取秀樹、角田聡 光感受性イオンチャンネルのゲーティング機構と光遺伝学への応用 第 4 回イオンチャンネル研究会 2019

H. Kandori Retinal Proteins in Microbes: Diversity and Mechanisms 17th International Congress on Photobiology, Symposium "Retinal Proteins in Microbes: Diversity and Mechanisms" 2019

H. Kandori Ultrafast Photoisomerization and Role of Protein Environment in Rhodopsins 17th International Congress on Photobiology, Symposium "Femtobiology" 2019

K. Katayama, H. Kandori Structural study of thermo-stabilized mutation in cone visual opsin 17th International Congress on Photobiology 18th Congress of the European Society for Photobiology 2019

M. Sugiura, K. Yoshida, S. P. Tsunoda, H. Kandori Effect of pH and metal ion on the activity of enzyme rhodopsins 17th International Congress on Photobiology 18th Congress of the European Society for Photobiology 2019

S. Hanai, K. Katayama, T. Sasaki, H. Imai, H. Kandori Spectroscopic study of photochemical reactions of a primate blue-sensitive pigment 17th International Congress on Photobiology 18th Congress of the European Society for Photobiology 2019

山内夢叶、今野雅恵、山田大智、由良敬、井上圭一、O. Béjà、神取秀樹 レチナールを結合するリジンを保存しない微生物型ロドプシンの機能解明 新学術領域「数理シグナル」第3回若手ワークショップ 2019

神取秀樹、井上圭一、角田聡 能動輸送のパナマ運河モデルと光駆動ナトリウムポンプの特殊性 ISSP ワークショップ「レチナールタンパク質の光機能発現の物理と化学」 2019

M. Singh, 片山耕大, O. Béjà, 神取秀樹 Anion binding to mutants of the Schiff base counterion in heliorhodopsin 48C12 ISSP ワークショップ「レチナールタンパク質の光機能発現の物理と化学」 2019

山内夢叶、今野雅恵、山田大智、由良敬、井上圭一、Oded Béjà、神取秀樹 レチナールを結合するリジンを保存しない微生物型ロドプシンの光機能獲得 ISSP ワークショップ「レチナールタンパク質の光機能発現の物理と化学」 2019

佐々木拓磨、片山耕大、今井啓雄、神取秀樹 霊長類色覚センサー蛋白質の光反応ダイナミクスの赤外分光解析 ISSP ワークショップ「レチナールタンパク質の光機能発現の物理と化学」 2019

水鳥律、今野雅恵、M. Singh、井上圭一、O. Béjà、神取秀樹 4つのドメインからなるヘリオロドプシンがもつ光反応ダイナミクス比較 ISSP ワークショップ「レチナールタンパク質の光機能発現の物理と化学」 2019

H. Kandori Novel Microbial Rhodopsins: Molecular Mechanisms and Optogenetic Applications 第11回光操作研究会 2019

S. Hososhima, S. Shigemura, H. Kandori, S. Tsunoda A High light-sensitive channelrhodopsin from cryptophyte 第11回光操作研究会 2019

S. Shigemura, S. Hososhima, H. Kandori, S. Tsunoda Monovalent metal cation selectivity channelrhodopsin Gt_CCR4 第11回光操作研究会 2019

M. Sugiura, K. Yoshida, M. Hibi, S. Tsunoda, H. Kandori Asymmetric pH effect of rhodopsin phosphodiesterase 第11回光操作研究会 2019

R. Tashiro, K. Sushmita, S. Kateriya, H. Kandori, S. Tsunoda Molecular mechanisms of a novel channelrhodopsin Ts_Rh3 第11回光操作研究会 2019

H. Kandori Panama Canal Model for Active Transport and One Exception 10th Toyota RIKEN International Workshop on “Science of Life Phenomena Woven by Water and Biomolecules” 2019

重村竣太、細島頌子、神取秀樹、角田聡 オプトジェネティクスに求められるチャネルロドプシンの基礎特性 第13回分子科学討論会 2019

M. Sugiura, K. Yoshida, M. Hibi, S. Tsunoda, H. Kandori pH dependent activity change of the enzyme rhodopsin 第13回分子科学討論会 2019

K. Katayama, S. Nakamura, T. Sasaki, H. Imai, H. Kandori Role of Gln114 in spectral tuning of a long-wavelength sensitive visual pigment The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019

M. Iwaki, T. Nishikino, H. Terashima, M. Homma, H. Kandori The cation-induced structural changes in the Na⁺-driven flagellar stator studied by ATR-FTIR The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019

- S. Tsunoda, S. Hososhima, H. Kandori Electrophysiological study and Optogenetics application of inward-directed proton-pumping rhodopsin, NsXeR The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019
- R. Abe-Yoshizumi, A. Muto, H. Kandori Molecular properties of Heliorhodopsin from *Actinotalea fermentans* The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019
- M. Konno, K. Inoue, R. Ghai, O. Béjà, H. Kandori Characterization of the inward proton transport pathway in Schizorhodopsin The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019
- S. Hososhima, S. Shigemura, H. Kandori, S. Tsunoda Novel optogenetics tool: A light-gated cation channel with high-reactivity to weak light The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan. 2019
- Y. Yamauchi, M. Konno, D. Yamada, K. Yura, K. Inoue, O. Béjà, H. Kandori Engineering microbial rhodopsin without retinal-binding lysine to gain photosensitive function The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019
- S. Tomida, H. Kandori, Y. Furutani Time-resolved FTIR spectroscopy for studying molecular mechanisms of sodium and lithium ion transportation of *Krokinobacter rhodopsin 2* The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019
- K. Agata, D. Yamada, H. Kandori Molecular properties of light-dependent homo-oligomerizing At CRY2 The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019
- T. Sasaki, K. Katayama, H. Imai, H. Kandori Different structural dynamics between cone pigments and rhodopsin revealed by FTIR spectroscopy The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019
- S. Shigemura, S. Hososhima, H. Kandori, S. Tsunoda Study of cation channelrhodopsin Gt_CCR4 from cryptophyte for optogenetics The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019
- Y. Nakajima, H. Kandori Effects of the L/Q switch on color tuning of heliorhodopsin The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019
- R. Mizutori, M. Konno, K. Inoue, O. Béjà, H. Kandori Molecular characterization of heliorhodopsin from marine giant virus light-dependently infecting to *Emiliana huxleyi* The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019
- M. Watari, T. Tatsuya, H. Hutamata, D. Yamada, W. Shihoya, K. Yoshida, Y. Furutani, S. Tsunoda, O. Nureki, H. Kandori Structural features of enzyme rhodopsins revealed by infrared spectroscopy The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019
- M. Sugiura, K. Yoshida, M. Hibi, S. Tsunoda, H. Kandori Asymmetric pH effect on the enzyme rhodopsin, Rh-PDE The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019
- K. Suzuki, K. Katayama, R. Suno, H. Kandori Ligand recognition and activation mechanism in muscarinic acetylcholine receptor M2 (M2R) study by ATR-FTIR spectroscopy The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019
- R. Tashiro, K. Sushmita, S. Kateriya, H. Kandori, S. Tsunoda Electrophysiological analysis of a novel channelrhodopsin Ts_Rh3 The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019
- M. Hashimoto, K. Katayama, M. Singh, Y. Furutani, H. Kandori Mapping of aspartic acids to probe protein structural changes by FTIR spectroscopy The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019
- S. Hanai, K. Katayama, T. Sasaki, H. Imai, H. Kandori Photochemical reactions of a primate blue-sensitive pigment by spectroscopy The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019
- K. Maeda, M. Kumagai, D. Yamada, Y. Terai, J. Yamamoto, H. Kandori Elucidation of the repair mechanism of <6-4> photolyase by infrared spectroscopy with T(6-4)C The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019
- A. Muto, R. Yoshizumi, H. Kandori Function study of heliorhodopsin using native bacteria The 57th Annual Meeting of The Biophysical Society of Japan 2019

鮎洗平、片山耕大、寿野良二、神取秀樹 全反射赤外分光法によるムスカリン性アセチルコリン受容体のリガンド認識・活性化機構解析 第9回 CSJ 化学フェスタ 2019. 2019

田代凜太郎, K. Sushmita, S. Kateriya, 神取秀樹, 角田聡 電気生理学的解析による新規チャンネルロドプシン Ts₁Rh3 の分子特性解明 第9回 CSJ 化学フェスタ 2019. 2019

橋本真典、片山耕大、M. Singh、古谷祐詞、神取秀樹 アスパラギン酸をプローブとして用いた赤外分光測定によるタンパク質内部の構造解析 第9回 CSJ 化学フェスタ 2019. 2019

前田克弥、熊谷真衣、山田大智、寺井悠馬、山元淳平、神取秀樹 T(6-4)C を用いた光修復中間体の低温赤外分光解析 第9回 CSJ 化学フェスタ 2019. 2019

武藤亜衣、吉住玲、神取秀樹 天然のバクテリアを用いたヘリオロドプシンの機能研究 第9回 CSJ 化学フェスタ 2019. 2019

神取秀樹 微生物ロドプシンが教えてくれること 基礎生物学研究所研究会「異分野融合による次世代光生物学」2019

神取秀樹、井上圭一、角田聡 能動輸送のパナマ運河モデルと光駆動ナトリウムポンプの特殊性 基礎生物学研究所研究会「異分野融合による次世代光生物学」2019

前田克弥、熊谷真衣、山田大智、神取秀樹 低温赤外分光解析による(6-4)光回復酵素の光修復メカニズムの解明 基礎生物学研究所研究会「異分野融合による次世代光生物学」2019

武藤亜衣、吉住玲、神取秀樹 *Rhodococcus* 属細菌が有するヘリオロドプシンの物性および生理機能の探索 基礎生物学研究所研究会「異分野融合による次世代光生物学」2019

杉浦雅大、吉田一帆、日比正彦、角田聡、神取秀樹 新奇光依存性フォスホジエステラーゼ Rh-PDE の分子特性評価 第42回 日本分子生物学会年会 2019

田代凜太郎, K. Sushmita, S. Kateriya, 神取秀樹, 角田聡 電気生理学的解析による新規チャンネルロドプシン Ts₁Rh3 のイオン輸送メカニズム解明 第42回 日本分子生物学会年会 2019

M. Singh, A. Pushkarev, K. Inoue, W. Shihoya, O. Nureki, O. Béjà, H. Kandori Characterization of a novel sub-family of rhodopsin (Heliorhodopsin), spectral tuning and anion binding to counterion mutants in 48C12 ISAJ 2019 (Indian Scientist Association in Japan) 2019

杉浦雅大、吉田一帆、日比正彦、角田聡、神取秀樹 新奇ロドプシンフォスホジエステラーゼのオプトジェネティクスツールとしての可能性 第7回 将来を見据えた生体分子の構造・機能解析から分子設計に関する研究会 2020

鮎洗平、片山耕大、寿野良二、神取秀樹 全反射赤外分光法によるムスカリン性アセチルコリン受容体のリガンド誘起構造変化解析 第7回 将来を見据えた生体分子の構造・機能解析から分子設計に関する研究会 2020

田代凜太郎, K. Sushmita, S. Kateriya, 神取秀樹, 角田聡 カチオンチャンネルロドプシン Ts₁Rh3 のユニークなカイネティクス解析 第7回 将来を見据えた生体分子の構造・機能解析から分子設計に関する研究会 2020

橋本真典、片山耕大、M. Singh、古谷祐詞、神取秀樹 アスパラギン酸マッピングによるタンパク質内部環境変化の赤外分光解析 第7回 将来を見据えた生体分子の構造・機能解析から分子設計に関する研究会 2020

前田克弥、熊谷真衣、山田大智、神取秀樹 T(6-4)C を用いた(6-4)光回復酵素の低温赤外測定 第7回 将来を見据えた生体分子の構造・機能解析から分子設計に関する研究会 2020

武藤亜衣、吉住玲、神取秀樹 *Rhodococcus* 属細菌由来ヘリオロドプシンの物性と生理機能の探索 第7回 将来を見据えた生体分子の構造・機能解析から分子設計に関する研究会 2020

華井竣平、佐々木拓磨、片山耕大、今井啓雄、神取秀樹 Structural change of a primate blue-sensitive pigment by photochemical reaction 第7回 将来を見据えた生体分子の構造・機能解析から分子設計に関する研究会 2020

神取秀樹 チャンネルとポンプ：いのちを支える2つのイオン輸送 理化学研究所研究会 2020

山内夢叶、今野雅恵、井上圭一、神取秀樹 海洋性藻類 *Guillardia theta* における微生物型ロドプシン様遺伝子の発現解析 第61回日本植物生理学会年会 2020

K. Katayama, K. Suzuki, R. Suno, H. Kandori FTIR study of visual and non-visual G protein-coupled receptors 日本化学会 第100 春季年会 2020

K. Katayama, K. Suzuki, R. Suno, H. Kandori Conformational dynamics upon ligand binding in muscarinic acetylcholine receptor revealed by FTIR spectroscopy 第20回日本蛋白質科学会年会 2020

K. Suzuki, K. Katayama, R. Suno, H. Kandori Analysis of ligand recognition and activation mechanisms in muscarinic acetylcholine receptor 2 (mACR2) by ATR-FTIR spectroscopy 第20回日本蛋白質科学会年会 2020

M. Hashimoto, K. Katayama, M. Singh, Y. Furutani, H. Kandori Mapping analysis to probe the local/global conformational changes in proteins by FTIR spectroscopy with aspartic acid scanning 第20回日本蛋白質科学会年会 2020

神取秀樹 光遺伝学ツールとしての新規ロドプシンの開発 日本生物物理学会会員総会シンポジウム 2020

杉本哲平、片山耕大、神取秀樹 Spectroscopic study of cation binding to a TAT rhodopsin mutant 分子科学会オンライン討論会 2020

富田紗穂子、和田昭盛、神取秀樹、古谷祐詞 共鳴ラマン分光法を用いたナトリウムイオンポンプロドプシン KR2 の脱水和に伴う長波長シフト機構解析 分子科学会オンライン討論会 2020

華井竣平、片山耕大、佐々木拓磨、今井啓雄、神取秀樹 振動分光による霊長類青視物質の中間体構造解析 分子科学会オンライン討論会 2020

K. Katayama, Y. Takeyama, A. Enomoto, H. Imai, H. Kandori Disruption of hydrogen-bond network in rhodopsin mutations cause night blindness The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan 2020

R. Abe-Yoshizumi, A. Muto, H. Kandori Expression of Heliorhodopsin in *Actinotalea fermentans* The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan 2020

M. Singh, K. Katayama, O. Béjà, H. Kandori Anion binding to mutants of the Schiff base counterion in heliorhodopsin The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan 2020

Y. Yamauchi, M. Konno, K. Inoue, H. Kandori Gene expression analysis of microbial rhodopsins from marine algae *Guillardia theta* The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan 2020

M. Sugiura, S. Tsunoda, M. Hibi, H. Kandori Molecular properties of eight novel rhodopsin phosphodiesterases (Rh-PDEs). The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan 2020

K. Suzuki, K. Katayama, R. Suno, Y. Sumii, N. Shibata, H. Kandori Infrared spectroscopic study for elucidating ligand recognition mechanism of human M2 muscarinic acetylcholine receptor The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan 2020

R. Tashiro, K. Sushmita, S. Kateriya, H. Kandori, S. P. Tsunoda Importance of the C-terminal region in cation channelrhodopsin Ts_Rh3 The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan 2020

M. Hashimoto, K. Katayama, M. Singh, Y. Furutani, H. Kandori Mapping of the local environmental changes in proteins by FTIR spectroscopy with aspartic acid scanning The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan 2020

S. Hanai, K. Katayama, T. Sasaki, H. Imai, H. Kandori Photochemical dynamics of a primate blue-sensitive pigment by spectroscopic study The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan 2020

K. Maeda, M. Kumagai, D. Yamada, Y. Terai, J. Yamamoto, H. Kandori Elucidation of the repair mechanism of (6-4) photolyase by low-temperature FTIR spectroscopy The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan 2020

A. Muto, R. Abe-Yoshizumi, H. Kandori Study on physiological functions and physical properties of heliorhodopsin possessed by Rhodococcus bacteria The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan 2020

T. Sugimoto, K. Katayama, H. Kandori Spectroscopic study of cation binding to a TAT rhodopsin mutant The 58th Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan 2020

神取秀樹 ロドプシンのメカニズム研究 新学術領域研究「分子夾雑化学」東海地区シンポジウム 2020

杉浦雅大、角田聡、日比正彦、神取秀樹 ロドプシンフォスホジエステラーゼ (Rh-PDE) の非対称的 pH 効果 第 10 回 CSJ 化学フェスタ 2020. 2020

澄川瑞季、吉住玲、神取秀樹 ビブリオ属 PR における極端な酸性 pH で起こる波長制御機構の探究 第 8 回 将来を見据えた生体分子の構造・機能解析から分子設計に関する研究会 2021

杉本哲平、片山耕大、神取秀樹 TAT ロドプシンの T82D 変異体に対する分光学的研究 令和 2 年度中部支部講演会 2021

青山真子、杉本哲平、片山耕大、神取秀樹 低温赤外分光法によるウイルスロドプシンの構造解析 令和 2 年度中部支部講演会 2021

石川和季、細島頌子、角田聡、神取秀樹 CNG チャネルを用いた高時間分解での酵素ロドプシンの機能計測系の確立 令和 2 年度中部支部講演会 2021

岩田聖矢、鱸洗平、片山耕大、神取秀樹 赤外分光法によるオピオイド受容体の選択的リガンド認識機構研究 令和 2 年度中部支部講演会 2021

奥山あかり、細島頌子、角田聡、神取秀樹 プロトンポンプロドプシンの駆動力の系統的比較 令和 2 年度中部支部講演会 2021

渡辺航平、片山耕大、佐々木拓磨、今井啓雄、神取秀樹 動物ロドプシンの光活性化における Met86 の役割 令和 2 年度中部支部講演会 2021

河津光作、中塚将一、横川真梨子、中村吏佐、木村友美、齋藤潤、佐谷秀行、大澤匡範 リン酸化による転写因子 FOXO3a の機能抑制機構の解明 第 63 回 日本薬学会関東支部大会 2019

岸孝一郎、福田昌弘、大澤匡範 ヌクレオシド輸送体 ENT1 の膜輸送機構の構造生物学的解明 第 63 回 日本薬学会関東支部大会 2019

高嶋大翔、城えりか、横川真梨子、沢崎綾一、寒河江彪流、尾上耕一、星野真一、大澤匡範 BTG2 によるポリ A 分解促進機構の構造生物学的解明 第 63 回 日本薬学会関東支部大会 2019

日向寺孝禎、横川真梨子、藤田浩平、野崎智裕、嶋田一夫、大澤匡範 電位依存性 K⁺チャネルの膜電位依存的構造変化機構の解明 第 63 回 日本薬学会関東支部大会 2019

村上玲、吉敷純、横川真梨子、松葉広昭、木村友美、川鍋陽、岡村康司、嶋田一夫、大澤匡範 電位依存性 H⁺チャネル Hv1 のアラキドン酸による活性化促進機構の解明 第 63 回 日本薬学会関東支部大会 2019

Yugo Shimizu, Masanori Osawa, Kazuyoshi Ikeda Development of data curation and integration protocol for chemical library in early drug discovery CBI 学会 2019 年大会 2019

松村 一輝、福田昌弘、築瀬 尚美、秋元 まどか、黒川 洵子、横川真梨子、大澤 匡範 Elucidation of the inhibitory mechanism of a sea anemone toxin, APETx1, targeting a human heart voltage-gated potassium channel, hERG1. 第 42 回 日本分子生物学会 2019

清水祐吾、大澤匡範、池田和由 生物活性情報を利用したコアライブラリー構築法の開発 第 47 回構造活性相関シンポジウム 2019

清水 祐吾、大澤 匡範、池田 和由 化合物の生物活性予測を組み込んだコアライブラリー構築法の開発 日本薬学会第 140 年会 2020

Takeru Sagae, Mariko Yokogawa, Ryoichi Sawazaki, Nao Hisoda, Shin-ichi Hoshino, Masanori Osawa Structural Mechanism of Translational Repression by PABP-interacting Protein 2 第 20 回日本蛋白質科学会年会 2020

Tomoaki Ishiba, Mariko Yokogawa, Terumi Yokota, Taiki Muroi, Masanori Osawa Structural basis for the hepatocyte-specific entry of hepatitis B virus 第 20 回日本蛋白質科学会年会 2020

石場知彬、横川真梨子、横田旭美、室井大輝、大澤匡範 Structural basis for the hepatocyte-specific entry of hepatitis B virus 第 43 回日本分子生物学会年会 2020

Takeru Sagae, Mariko Yokogawa, Ryoichi Sawazaki, Nao Hisoda, Shin-ichi Hoshino, Masanori Osawa Structural Mechanism of Translational Repression by PABP-interacting Protein 2 第 43 回日本分子生物学会年会 2020

松村一輝、下村拓史、久保義弘、岡貴之、小林直宏、今井駿輔、築瀬尚美、秋元まどか、福田昌弘、横川真梨子、池田和由、栗田順一、西村善文、嶋田一夫、大澤匡範 Gating-modifier toxin APETx1 による電位依存性カリウムイオンチャネル hERG 阻害機構の解析 第 43 回日本分子生物学会年会 2020

清水 祐吾、大澤 匡範、池田 和由 化合物の生物活性予測を組み込んだコアライブラリー構築法の開発 日本薬学会第 141 年会 2021

原田彩佳、石川貴大、横川真梨子、前田知輝、日向寺孝禎、藤田浩平、野崎智裕、嶋田一夫、大澤匡範 分子内ジスルフィド結合による電位依存性 K⁺チャネルの膜電位依存的構造変化機構の解明 日本薬学会第 141 年会 2021

Fukata Masaki Synapse maturation regulated by palmitate cycling on PSD-95 and trans-synaptic LGI1 and ADAM22. CFC seminar series Spring 2019 (Seoul, Korea) 2019

Fukata Masaki The LGI1-ADAM22 protein complex in synaptic transmission and synaptic disorders. 2019 Korea-Yonsei-NIPS International Joint Symposium. (Seoul, Korea) 2019

深田正紀 シナプス成熟機構とその破綻による病態機構 第 92 回日本生化学会大会 2019

Fukata Y, Hirano Y, Inahashi H, Miyazaki M, Yokoi N, Sanbo M, Goto T, Hirabayashi M, Fukata M. Physiological roles of trans-synaptic LGI1-ADAM22-MAGUK complex. Neuroscience Meeting SfN 2019, Chicago, USA 2019

Yokoi N, Fukata Y, Sanbo M, Goto T, Hirabayashi M, Fukata M. Phosphorylation of ADAM22 regulates the amount of the anti-epileptic LGI1-ADAM22 complex in the brain. 第 40 回日本神経科学大会 2019

横井紀彦、深田優子、三宝誠、後藤哲平、平林真澄、深田正紀 Phosphorylation of ADAM22 stabilizes the anti-epileptic LGI1-ADAM22 complex in the brain. 第 9 回 名古屋大学医学系研究科・生理学研究所合同シンポジウム 2019

深田正紀 神経シナプスの制御機構とその破綻によるてんかんの病態機構 第 10 回 名古屋大学医学系研究科・生理学研究所合同シンポジウム 2020

Fukata Masaki, Yokoi Norihiko, Fukata Yuko. Acyl-PEGyl exchange gel-shift (APEGS) assay for palmitoylation quantification. 第 71 回 日本電気泳動学会総会 2020

Fukata Masaki, Yuri Miyazaki, Yokoi Norihiko, Fukata Yuko. Synaptic function regulated by palmitate cycling on PSD-95 and trans-synaptic LGI1 and ADAM22. 第 43 回日本分子生物学会年会 2020

Takumi Ueda, Ichio Shimada Conductance of P2X₄ receptor is determined by conformational equilibrium in the transmembrane region The 8th Asia-Pacific NMR symposium 2019

河村玄気、小澤岳昌 Deciphering Akt-mediated metabolic signaling pathway by the photoactivatable Akt system 第11回光操作研究会 2020

河村玄気、小澤岳昌 Optogenetic approach to decode Akt-mediated metabolic signaling pathways 日本化学会第100春季年会 2021

瓜生耕一郎 Period after effectの数理モデリング 第26回日本時間生物学会学術大会 2019

瓜生耕一郎 脊椎動物分節時計の再同期過程 日本数理生物学会2019年度年会 2019

瓜生耕一郎 Resynchronization of the zebrafish segmentation clock in Delta-Notch mutants 日本発生生物学会第52回年会大会 2019

瓜生耕一郎 概日時計システムにおけるネガティブフィードバックループの機能分化第43回日本分子生物学会年会 2020

瓜生耕一郎 哺乳類Period遺伝子の機能分化による相補的な位相応答 第27回日本時間生物学会学術大会 2020

瓜生耕一郎 二重ネガティブフィードバックループの機能分化がもたらす概日時計の相補的位相応答 日本数理生物学会2020年度年会 2020

瓜生耕一郎 移動する細胞の遺伝子発現リズムの同期 反応拡散系と実験の融合3 2020

八杉徹雄 ショウジョウバエ視覚系における「分化の波」の数理モデル解析と実証 第2回はこたて現象数理研究集会 2019

Tetsuo Yasugi, Yoshitaro Tanaka, Hiroshi Ishii, Shin-Ichiro Ei, Makoto Sato Understanding the interactions of multiple signaling pathways that control the “proneural wave” progression 第42回日本分子生物学会年会 ワークショップ 2019

Tetsuo Yasugi Uniting Mathematical Modeling with Experimental Analysis for Spatio-temporal Neural Stem Cell Differentiation 理化学研究所 生命医科学研究センター IMS Immunobiology Seminar 2019

八杉徹雄 「分化の波」の空間離散モデルの連続化と生体内での検証II 数学アドバンストイノーベーションプラットフォーム(AIMaP)研究会「反応拡散と実験系の融合3」2020

Tetsuo Yasugi Mathematical Modeling and Experimental Verification of the “Proneural Wave” JSPS Core-to-Core Program 「Establishing International Research Network of Mathematical Oncology -Fusion of Mathematics and Biology-」 2020

Tetsuo Yasugi, Miaoxing Wang, Xujun Han, Chuyan Liu, Rie Takayama, Makoto Sato Notch dynamics regulate temporal patterning of neurogenesis in the developing fly brain 第43回日本分子生物学会年会 ワークショップ 2020

八杉徹雄 神経幹細胞分化の時空間的制御機構 大阪大学 数理・データ科学教育研究センター (MMDS) 講演会「医学研究における数理的方法」 2021

間木重行 オートファジーが関与する抗がん剤耐性獲得過程の数理モデル解析 令和元年「数理シグナル」領域推進会議 2019

間木重行 時系列・一細胞解析から見える抗がん剤耐性獲得過程 大阪大学蛋白質研究所セミナー「がん研究の新機軸」 2019

間木重行 時系列・一細胞解析による抗がん剤耐性獲得過程の理解 新学術領域研究「数理シグナル」第3回若手ワークショップ 2019

Imoto H., Ebata K., Magi S., Zhang S., Okada M., A comprehensive model of heterogeneous cell cycle responses 第57回日本生物物理学会年会 2019

Zhang S., Magi S., Okada M., Crosstalk between estrogen receptor and ErbB signaling pathways in breast cancer cells 第78回日本癌学会学術総会 2019

Imoto H., Ebata K., Zhang S., Magi S., Okada M., Model-based identification of ErbB network principles among cell types The 20th International Conference of Systems Biology 2019

Michida H., Ando M., Magi S., Okada M., A NF- κ B - p38 MAPK crosstalk shapes oscillatory gene expression The 20th International Conference of Systems Biology 2019

Okada M., Hüttinger E.D., Magi S., Ortiz A.A.O., Ramírez A.R. A hybrid mathematical model for design and optimization of tamoxifen treatment in MCF-7 breast cancer cells, The 20th International Conference of Systems Biology 2019

間木重行、内藤篤彦 胸部 X 線画像および深層学習を用いた COVID-19 検出法の検討 第 156 回東邦医学会例会 2020

間木重行 オートファジーが関与する抗がん剤耐性獲得過程の数理モデル解析 令和 2 年「数理シグナル」領域推進会議 2020

間木重行、内藤篤彦 がん薬物療法の耐性・心機能障害克服に挑む数理モデル研究 第 93 回日本生化学会大会

Magi S., Naito A.T. Systems biological approaches to understand the mechanisms of cancer drug resistance & cardiotoxicity 情報計算法生化学会 2020 年大会 2020

丸山貴大, 間木重行, 高木誠二, 鈴木佑佳, 小林達彦, 濱奈緒子, 柴友明, 内藤篤彦, 堀裕一 機械学習による健常者の眼血流データ解析 第一回日本眼科 AI 学会総会 2020

富樫英、細胞間接着の親和性と感覚組織のパターン形成、京都大学 第 10 回医学数物連携勉強会、2019

富樫英、細胞間接着の親和性と感覚組織のパターン形成：生物的背景、京都駅前セミナー、2019

富樫英、接着の偏在によるモザイク形成メカニズム、ソフトバイオ研究会 2019、2019

富樫英、細胞間接着の親和性とモザイクパターン、AIMaP 研究集会 反応拡散系と実験の融合 3、2020

富樫英、異なるネクチンの細胞間相互作用は、カドヘリン・カテニン複合体の偏在を作り出すことで 2 種類の細胞のモザイクパターンを形成する、第 72 回 日本細胞生物学会大会 (シンポジウム)、2020

Hideru Togashi、Cellular interactions and molecular dynamics in mosaic cellular pattern formation、第 43 回日本分子生物学会年会 (シンポジウム)、2020

Shuhei Kuno, Sayaka Katsunuma, Akira Suzuki, Hideru Togashi、Asymmetric distribution of cadherin-catenin complex drives cell intercalations in nectin-dependent mosaic cellular pattern formation、53rd Annual meeting of the Japanese Society of Developmental Biologists、2020

富樫英、異なるネクチンの細胞間相互作用は、カドヘリン・カテニン複合体の偏在を作り出すことで 2 種類の細胞のモザイクパターンを形成する、第 72 回 日本細胞生物学会大会、2020

富樫英、自己組織的な極性形成によるモザイクパターン形成、細胞極性研究会、2020

Hideru Togashi、Cellular interactions and molecular dynamics in mosaic cellular pattern formation、第 43 回日本分子生物学会年会、2020

富樫英、接着の偏在によるモザイク形成メカニズム、第 14 回さきがけ研究者交流会、2020

宮村優里、松村昌、南 敬 A novel endothelial cell specific-gene, DESM, regulated pathological angiogenesis 第 78 回日本癌学会学術総会 2019

南 敬 VEGF 刺激によるヒストンダイナミクスを介した内皮分化及び血管分岐応答制御機構の解明 CVMW2019 2019

Yasuharu Kanki, Yuri Miyamura, Masashi Muramatsu, and Takashi Minami. Epigenetic modifier regulates accurate transcription on the bivalent histone marked angiogenic genes in endothelium. Cell Symposium 2019 Epigenetics 2019

Takashi Minami. Homeostasis in NFAT-DSCR-1 signaling is critical for initial epigenetic conversion and the following proper vessel formation. NIH Vascular Annual Seminar series 2019

M. Muramatsu, S. Ryeom, A. Umehara, and T. Minami. Homeostasis in NFAT1-down syndrome critical region-1 signaling is critical for regulation of proper vessel formation and vascular integrity. 3th Asia Australia Vascular Biology Meeting (AAVBM) 2019

村松 昌、中川 卓、大澤 毅、植村 明嘉、木戸屋 浩康、高倉 伸幸、Sandra Ryeom、南 敬
ダウン症因子DSCR-1の欠損は脂質代謝異常から加齢に伴う病的血管新生を誘発する Research
PlaNet 2019. 2019

村松 昌、中川 卓、大澤 毅、植村 明嘉、木戸屋 浩康、高倉 伸幸、Sandra Ryeom、南 敬.
Exercise mediated vascular normalization attenuates the tumor growth. 発生医学研究所 summer retreat
2019

村松 昌、南 敬 血管内皮細胞におけるNFAT活性化の数理モデル解析 第3回新学術領域「数理シグナル」若手ワークショップ 2019

Masashi Muramatsu, Yoko Fukushima, Akiyoshi Uemura, Takashi Minami Down syndrome critical region (DSCR)-1 regulates vascular integrity by controlling NFAT signaling 第42回日本分子生物学会年会 2019

村松 昌、木戸屋 浩康 ネオ血管元年の幕開け～VEGF研究の温故知新 第42回 日本分子生物学会年会 2019

村松 昌、福島 葉子、植村 昭嘉、南 敬 NFAT-DSCR-1 シグナルによる血管形成の制御メカニズム CVMW 2019

村松 昌、伊東 剛、鈴木 貴、南 敬 血管内皮細胞におけるNFAT活性化の数理モデル解析 数理腫瘍学研究会 2019

村松 昌、赤星 彰也、宮村 優里、大澤 毅、中川 卓、南 敬 生体における血管内皮恒常性維持機構の解明を目指したモデル動物の作製と解析 2019年度文部科学省新学術領域研究 学術研究支援基盤形成 先端モデル動物支援プラットフォーム 成果発表会 2020

村松 昌、臼杵 慎吾、南 敬 血中循環がん細胞と血管内皮細胞との相互作用に基づいた転移臓器親和性の解明 第1回日本癌学会 若手の会 2020

南 敬 ヒストンメチル化ダイナミクスを介した内皮分化及び血管新生応答制御機構の解明 第93回日本生化学会 2020

真辺 貴博、竹尾 透、牧野 雄成、村松 昌、南 敬 Loss of down syndrome critical region (DSCR)-1 leads wound healing-dysregulation 第41回日本炎症・再生医学会 2020

宮村 優里、南 敬 新規内皮特異的遺伝子DESMは血管新生を制御する 第19回次世代を担う若手のためのファーマ・バイオフィォーラム2020. 2020

中村 典華、南 敬 転写因子NFAT5の血管内皮における機能解析 第19回次世代を担う若手のためのファーマ・バイオフィォーラム2020 2020

荒田 佳菜子、南 敬 ERGの内皮-間葉転換 (EndMT) と腫瘍進行に対するモデル系の開発 第19回次世代を担う若手のためのファーマ・バイオフィォーラム2020 2020

後藤 唯花、南 敬 Tipマーカー血管内皮特異的分子(ESM)1遺伝子FOXO1による発現 第19回次世代を担う若手のためのファーマ・バイオフィォーラム2020 2020

Takashi Minami. VEGF-mediated unique epigenetic modifications initiated accurate angiogenesis via bivalent marked gene-set activation in endothelium. IVBM2020

Yuri Miyamura, Masashi Muranmatsu, and Takashi Minami. Developmental Endothelium Specific Molecule (DESM) regulates angiogenesis and tumor progression. IVBM2020

Takashi Minami. Endothelial cell stabilize and anti-cancer strategy based on the HSA21 trisomy genes. ERG and DSCR-1 function 第43回日本分子生物学会 2020

村松 昌、南 敬 Loss of DSCR-1 Accelerates hypercholesterolemia leading to corneal neovascularization and opacity. 20th International Vascular Biology meeting2020

村松 昌、中川 卓、大澤 毅、植村 明嘉、木戸屋 浩康、高倉 伸幸、Sandra Ryeom、南 敬 NFAT signal for maintaining vascular integrity through controlling endothelial cell competition. 4th KAIST-KU workshop and joint symposium2020

村松 昌、伊東 剛、鈴木 貴史、南 敬. Mathematical analysis of endothelial activation controlled by NFAT-DSCR-1 signal axis. JSPS Core-to-Core Program “establishing international research network of mathematical oncology” 2020

村松 昌、中川 卓、大澤 毅、植村 明嘉、木戸屋 浩康、高倉 伸幸、Sandra Ryeom、南 敬. Mathematical analysis of endothelial activation controlled by NFAT-DSCR-1 feedback axis. CVMW 2020 / 28th JVBMO 2020

村松 昌、伊東 剛、鈴木 貴史、南 敬. 本当に人生に役立つ学問 第6回 日本血管生物医学学会 若手研究会 2020

Masashi Muramatsu, Lingqir Gao, Jennifer Peresie, Benjamin Balderman, Shin Akakura, Irwin H. Gelman, Takashi Minami. 「管」から繋げる異種混合型バイオロジー. 第43回日本分子生物学会 2020

Takashi Minami. Bivalent Histone-marked Genes transcription is Vital for Postnatal Angiogenesis. 第85回日本循環器学会/WCC(World Congress of Cardiology)共催2021

村松 昌. ネオ血管生物学が切り開く超高齢化社会への処方箋. 第17回生命資源研究・支援センターシンポジウム 2021

宮村 優里、南 敬. Tip marked genes regulation through global FOXO1-transcriptional machinery analysis. 第28回日本血管生物医学学会学術集会/28th JVBMO 2021

中村 典華、南 敬. Nuclear factor of activated T cells (NFAT)5 is vital for cardiovascular development and osmotic stress regulations. 第28回日本血管生物医学学会学術集会/28th JVBMO 2021

木内 泰、多重染色超解像顕微鏡法IRISによる細胞内シグナル伝達の解析、日本メカノバイオロジー研究会、2019年9月

Kou Motani, Hidetaka Kosako BioID-based screening of biotinylation sites globally identifies STING interactors Keystone Symposia “Proteomics and its Applications to Translational and Precision Medicine” 2019

小迫英尊 Phos-tag と質量分析によるリン酸化シグナル伝達機構の解明 日本プロテオーム学会 2019年大会シンポジウム 2019

小迫英尊 ERK/MAP キナーゼシグナルの応答特性の制御 第69回日本電気泳動学会シンポジウム 2019

小迫英尊 シグナル伝達研究における高分解能質量分析計の活用 第92回日本生化学会大会 2019

Kou Motani, Hidetaka Kosako. BioID-based screening of biotinylation sites using Tamavidin 2-REV globally identifies interactors of stimulator of interferon genes (STING) ASCB/EMBO 2019 Meeting 2019

小迫英尊 最先端プロテオミクス技術を用いた疾患に関与するシグナル伝達機構の解明 第93回日本生化学会大会シンポジウム 2020

Kazumitsu Maehara, Yasuyuki Ohkawa. Towards extracting chromatin dynamics from single-cell measurements., 第45回日本分子生物学会年会, 2019

Kazumitsu Maehara, Modeling latent flows in single cell data, EMBO Symposia:Multi-Omics , 2019

前原一満, クロマチン挿入標識(ChIL)法による空間エピゲノム解析, 第19回日本蛋白質科学会年会・第71回日本細胞生物学会大会 合同年次大会 2019

(3) 図書

【計画研究】

Kubota Y, and Takekawa M. Detection and Functional Analysis of SUMO-MEK. *Methods in Molecular Biology*, Springer, 1487, 99-111 (2016)

Suzuki T, Mathematical Methods for Cancer Evolution, *Lecture Notes in Mathematical Modelling in the Life Sciences*, Springer (2017)

Kozuka-Hata, H. and Oyama, M. Comprehensive Network Analysis of Cancer Stem Cell Signalling through Systematic Integration of Post-Translational Modification Dynamics. In *Applications of RNA-Seq and Omics Strategies - From Microorganisms to Human Health (ed. Fabio A. Marchi, Priscila D.R. Cirillo and Elvis C. Mateo), InTech*, 265-278 (2017)

Suzuki, T., Chemotaxis, Reaction, Network, *World Scientific*, Singapore (2018)

Suzuki T, Kavallaris N, Non-local Partial Differential Equations in Engineering and Biology: *Mathematical Modeling and Analysis*, Springer (2018)

Oikawa, D., Sato, Y., Ito, H., and Tokunaga, F. Linear ubiquitin code: Its writer, erasers, decoders, inhibitors, and implications in disorders. *Int J Mol Sci.* 21, 3381 (2020)

Suzuki T, Poinard C, Chaplain M, and Quaranta V. *Methods of Mathematical Oncology*, Springer (2021)

Yamamoto, M., Gohda, J., Akiyama, T. and Inoue, J. TNF receptor-associated factor 6 (TRAF6) plays crucial roles in multiple biological systems through polyubiquitination-mediated NF- κ B activation. *Proc. Jpn. Acad., Ser. B* 97, 145-160 (2021)

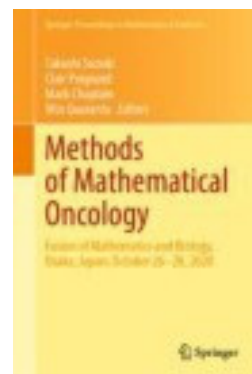
Yamamoto, M. and Inoue, J. Signaling networks involved in the malignant transformation of breast cancer. *Methods of Mathematical Oncology* (Ed. Suzuki, T., Poinard, C., Chaplain, M., and Quaranta, V.) (2021)

Oikawa D., Hatanaka N., Suzuki T., and Tokunaga, F. Mathematical Simulation of Linear Ubiquitination in T Cell Receptor-mediated NF- κ B Activation Pathway. *Methods of Mathematical Oncology*, (Ed. Suzuki, T., Poinard, C., Chaplain, M., and Quaranta, V.) (2021).

Oyama, M. and Kozuka-Hata, H. Integrative network analysis of cancer cell signaling by high-resolution proteomics. In *Methods of Mathematical Oncology* (ed. Takashi Suzuki, Clair Poinard, Mark Chaplain and Vito Quaranta), Springer (2021)

徳永文稔：直鎖状ユビキチン鎖生成を介した炎症・免疫シグナル制御と疾患 大阪市医学会雑誌 (The Journal of Osaka City Medical Association), 65, 7-12 (2016).

竹田浩之、澤崎達也：無細胞技術を基盤とした抗GPCRモノクローナル抗体作製技術の開発 Anti-GPR Mnocolonal Antibody Development based on Cell-free Technology. バイオインダストリー 33, 56-62 (2016).



鈴木貴, 久保田浩行: はじめての数理モデルとシミュレーション 羊土社, 実験医増刊学Vol. 35, No. 5 (2017)

鈴木貴, 生命科学研究に数理モデルとシミュレーションを取り入れる際の基礎知識, 実験医学増刊, 羊土社, 2017. 10-45 (2017)

久保田浩行, システム生物学 –数理科学を用いる「いろは」とめざすもの– 羊土社, 実験医増刊学Vol. 35, No. 5, 46-52, (2017).

竹田浩之, 澤崎達也: AGIAタグシステム: 細胞生物学研究に最適な高感度検出およびキャプチャー用ペプチドタグ 生化学 89, 302-307 (2017).

尾山 大明, 秦 裕子 「リン酸化プロテオミクスに基づく数理ネットワーク解析」実験医学、Vol. 35, No. 5, 183-186, (2017)

久保田浩行 共立スマートセレクション, 27巻 共立出版 (2018)

徳永文稔: 脱ユビキチン化酵素(DUB)と疾患 医学のあゆみ, 267, 1096-1104 (2018).

久保田浩行, 黒田真也: 血中インスリン濃度パターンによる肝臓シグナル分子の選択的制御 羊土社, 実験医学 36, 3116-3119 (2018).

根本圭一郎, 澤崎達也: チロシンリン酸化によるジベレリン応答の新しい制御機構 バイオインダストリー 76, 232-225 (2018).

尾山 大明, 秦 裕子 「リン酸化プロテオミクスに基づくシグナルネットワーク解析による疾患制御技術の開発」in silico創薬におけるスクリーニングの高速化・高精度化技術、技術情報協会、473-482 (2018)

徳永文稔: LUBACを介した直鎖状ユビキチン鎖生成と細胞死 臨床免疫・アレルギー科, 71, 105-113 (2019).

久保田裕二, 藤岡興, 武川睦寛 0-GlcNAc 化蛋白質の検出と定量的解析を可能にするレクチン親和性ゲル電気泳動法の開発と応用. 生物物理化学-電気泳動- 63, 41-45 (2019)

鈴木貴, 細胞内シグナル伝達経路の数理モデリング, 細胞 ニューサイエンス社, 360-364 (2019)

鈴木貴, 数理腫瘍学の方法=計算生物学入門, 培風館, (2020)

及川大輔, 伊東秀文, 徳永文稔: 直鎖状ユビキチン鎖の神経変性疾患への関与とLUBAC阻害剤の開発 生化学92, 28-34 (2020).

高橋宏隆, 山中聡士, 徳永文稔, 澤崎達也: ヒト脱ユビキチン化酵素タンパク質アレイの開発とその応用例 生化学92, 64-74 (2020).

徳永文稔: 創薬を見据えた直鎖状ユビキチン鎖生成酵素(LUBAC)阻害剤開発 ファルマシア56, 26-30 (2020).

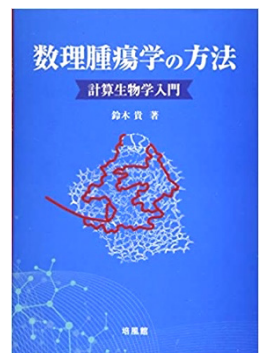
久保田浩行: トランスオミクス解析の現状 情報機構, 医薬品開発におけるオミクス解析技術 147-154, (2020).

城戸康希, 澤崎達也: タンパク質間相互作用解析に有用な高機能ビオチン標識酵素AirID バイオインダストリー 78, 486-489, (2020).

高橋宏隆, 山中聡士, 徳永文稔, 澤崎達也: ヒト脱ユビキチン化酵素タンパク質アレイの開発とその応用例 生化学 92, 64-74 (2020).

高橋宏隆, 山中聡士: コムギ無細胞合成系による脱ユビキチン化酵素アレイの作製とDUB阻害剤開発への応用 ファルマシア 56, 51-55 (2020).

山本瑞生, 合田仁 新興・再興感染症に対するドラッグ・リポジショニング 実験医学 No. 2, vol. 39, 314-321 (2021)



山本瑞生、井上純一郎 乳癌と正常乳腺における転写因子NF- κ Bによる幹細胞維持機構の相違 別冊・医学のあゆみ、治療標的としての癌幹細胞、37-44 (2021)

山本瑞生 新型コロナウイルス感染症の治療薬開発 臨床免疫・アレルギー科、75(2):133-140 (2021)

吉岡 大介、中村 貴紀、武川 睦寛. ストレス顆粒形成による生命機能制御と疾患 羊土社 実験医学 増刊 「相分離～メカニズムと疾患～」 39(10) 93-101 (2021)

井上純一郎 「アカデミアの基礎研究が生んだ治療薬のシーズ -ナファモスタット-」 COVID-19有識者会議ホームページ <https://www.covid19-jma-medical-expert-meeting.jp/topic/2740> (2021)

徳永文稔：直鎖状ユビキチン鎖による炎症制御 炎症と免疫29, 9-16 (2021).

鈴木貴, 数理腫瘍学の方法-数学を用いた医学研究, 数学73 (2021) 22-38

秦 裕子、尾山 大明、井上 純一郎「プロテオミクスの現状と課題—ゲノミクスおよび疾患との関連について—」医用工学ハンドブック、エヌ・ティー・エス、(2021)

【公募研究】

Misawa T, Takahama M, Saitoh T. Organelle Contact Sites: From Molecular Mechanism to Disease. Chapter 14. Mitochondria-endoplasmic reticulum contact sites mediate innate immune responses. *Adv Exp Med Biol* (Springer). 997, 187-197(2017).

Watanabe, M. and *Hatakeyama, S. TRIM proteins and diseases. *J. Biochem.*, 161, 135-144 (2017)

Erika Ishihara and Hiroshi Nishina. The Hippo-YAP pathway regulates 3D organ formation and homeostasis. *Cancers* 2018, 10 (4), 122 (2018)

Yi, P. and Goshima, G. Microtubule nucleation and organization without centrosomes. *Curr Opin Plant Biol.* 46, 1-7 (2018).

Takahama M, Akira S, *Saitoh T. Autophagy limits activation of the inflammasomes. *Immunol Rev.* 281, 62-73 (2018).

Okamoto, K., Hiroshima, M., and Sako, Y. Single-molecule fluorescence-based analysis of protein conformation, interaction, and oligomerization in cellular systems. *Biophys. Rev.* 10, 317-326 (2018).

Iino, R., Iida, T., Nakamura, A., Saita, E., You, H., and Sako, Y. Single-molecule imaging and manipulation of biomolecular machines and systems. *Biochim. Biophys. Acta. General Subjects*, 1862, 241-252 (2018).

Kumar, N., Hori, Y., Kikuchi, K. Live-Cell Imaging of DNA Methylation Based on Synthetic-Molecule/Protein Hybrid Probe. *Chem. Rec.* 18, 1672-1680 (2018).

Nishimura, T., Morone, N. Suetsugu, S. Membrane re-modelling by BAR domain superfamily proteins via molecular and non-molecular factors. *Biochem Soc Trans* 46, 379-389 (2018)

Kandori, H. and Katayama, K.: Light-induced difference FTIR spectroscopy of photoreceptive proteins *Vibrational Spectroscopy in Protein Research: From Purified Proteins to Aggregates and Assemblies* (Y. Ozaki, M. Baranska, I. Lednev, B. R. Wood, eds) pp. 23-57. Elsevier (2019).

Yokogawa M, Fukuda M, *Osawa M. "Nanodiscs for Structural Biology in a Membranous Environment" *Chem Pharm Bull* (Tokyo) 67(4), 321-326 (2019).

Ueda, T., Kofuku, Y., Okude, J., Imai, S., Shiraiishi, Y., Shimada, I. Function-related conformational dynamics of G protein-coupled receptors revealed by NMR, *Biphys. Rev.* 11, 409-418 (2019).

Goshima, G. and Bellaïche, Y. Editorial overview: Cell division – from molecules to tissues. *Curr Opin Cell Biol.* 60, 3-5 (2019).

Nanba D. Human keratinocyte stem cells: From cell biology to cell therapy. *J. Dermatol. Sci.* 96, 66-72 (2019).

Shimada, I., Ueda, T., Kofuku, Y., Eddy, M., and Wüthrich, K. GPCR drug discovery: integrating solution NMR data with crystal and cryo-EM structures. *Nat. Rev. Drug Discov.* 18, 59-82 (2019).

Ueda, T., Kofuku, Y., Okude, J., Imai, S., Shiraiishi, Y., and Shimada, I. Function-related conformational dynamics of G protein-coupled receptors revealed by NMR, *Biphys. Rev.* 11, 409-418 (2019).

Hori, Y., Kikuchi, K. Chemical Tools with Fluorescence Switches for Verifying Epigenetic Modifications. *Acc. Chem. Res.* 52, 2849–2857 (2019).

Kumar, N., Hori, Y., Kikuchi, K. Photoactive Yellow Protein and Its Chemical Probes: an Approach to Protein Labelling in Living Cells. *J. Biochem.* 166, 121–127 (2019).

Reja, S. I., Minoshima, M., Hori, Y., Kikuchi, K. Development of an Effective Protein-Labeling System Based on Smart Fluorogenic Probes. *J. Biol. Inorg. Chem.* 24, 443–455 (2019).

Kandori, H.: Structure/Function Study of Photoreceptive Proteins by FTIR Spectroscopy, *Bull. Chem. Soc. Jpn* 93, 904-926 (2020).

Hososhima, S., Shigemura, S., Kandori, H. and Tsunoda, S. P.: Novel optogenetics tool: Gt_CCR4, a light-gated cation channel with high reactivity to weak light, *Biophys. Rev.* 12, 453-459 (2020).

Kandori, H.: Biophysics of rhodopsins and optogenetics, *Biophys. Rev.* 12, 355-361 (2020).

Kandori, H.: Retinal Proteins: Photochemistry and Optogenetics, *Bull. Chem. Soc. Jpn* 93, 76-85 (2020).

Kumar A, Baruah A, Tomioka M, Iino Y, Kalita MC, Khan M. *Caenorhabditis elegans*: a model to understand host-microbe interactions. *Cellular and Molecular Life Sciences* 77: 1229–1249 (2020).

Saio, T., Okumura, M., Lee, Y.H. Solution NMR for investigation of liquid-liquid phase separation. *Journal of the Korean Magnetic Resonance Society* 24, 47-52 (2020).

Yoshizawa T, Nozawa RS, Jia TZ, Saio T, *Mori E. Biological phase separation: cell biology meets biophysics. *Biophys Rev.* 12, 519-539 (2020).

Saio T, Ishimori K. Accelerating structural life science by paramagnetic lanthanide probe methods. *Biochim Biophys Acta Gen Subj.* 1864, 129332 (2020).

Obara, K., and Kamura, T. The Rim101 pathway mediates adaptation to external alkalization and altered lipid asymmetry: hypothesis describing the detection of distinct stresses by the Rim21 sensor protein. *Curr Genet.* doi: 10.1007/s00294-020-01129-0. (2020).

Koshiba, T. and Kosako, H. Mass spectrometry-based methods for analysing the mitochondrial interactome in mammalian cells. *J. Biochem.* 167, 225-231 (2020).

Suzuki, M., Suzuki, T., Watanabe, M., Hatakeyama, S., Kimura, S., Nakazono, A., Honma, A., *Nakamaru, Y., Vreugde, S. and Homma, A.: Role of intracellular zinc in molecular and cellular function in allergic inflammatory diseases, *Allergol. Int.*, S1323-8930(20)30133-7 (2020).

Yanagawa, Y. and Sako, Y. Total workflows of the single-molecule imaging analysis in living cells. a tutorial guidance to the measurement of the drug effects on a GPCR. *Methods. Mol. Biol.* (2021).

Kandori, H.: History and perspectives of light-sensing proteins. *Optogenetics* (Yawo, H., Kandori, H., Koizumi, A., R. Kageyama eds.), Springer Nature in press (2021).

Tsunoda, S.P., Sugiura, M and Kandori H: Molecular properties and optogenetic applications of enzymethodopsins. *Optogenetics* (Yawo, H., Kandori, H., Koizumi, A., R. Kageyama eds.), Springer (2021).

Sato, M., Yasugi, T. Regulation of Proneural Wave Propagation Through a Combination of Notch-Mediated Lateral Inhibition and EGF-mediated Reaction Diffusion. A chapter in Notch Signaling in Embryology and Cancer, *Advances in Experimental Medicine and Biology*, 77-91 (2021)

Watanabe, M. and Hatakeyama, S.: Ubiquitin-Conjugating Enzymes (E2s) *Advances in Medicine and Biology.* Volume 120, 49-71, 2017, Nova Science Publishers

Kandori, H.: History and perspectives of light-sensing proteins, *Adv Exp Med Biol*, 1293, in press (2021).

Tsunoda, S. P., Sugiura, M. and Kandori, H.: Molecular properties and optogenetic applications of enzymethodopsins, *Adv Exp Med Biol*, 1293, (2021).

Wang J, Takemura N, Saitoh T. Macrophage Response Driven by Extracellular ATP. *Biol Pharm Bull.* 44, 599-604 (2021). doi: 10.1248/bpb.b20-00831.

Magi, S. Mathematical modelling of cancer signaling addressing tumor heterogeneity. *Methods of Mathematical Oncology* (Springer Proceedings in Mathematics & Statistics) (2021)

Reja, S. I., Minoshima, M., Hori, Y., Kikuchi, K. Near-Infrared Fluorescent Probes: a Next-Generation Tool for Protein-Labeling Applications. *Chem. Sci.*, 12, 3437-3447 (2021).

Koyanagi, M., Saito, T., Wada, S., Nagata, T., Kawano-Yamashita, E. and Terakita, A. Optogenetic Potentials of Diverse Animal Opsins: Parapinopsin, Peropsin, LWS Bistable Opsin. *Advances in experimental medicine and biology* 1293, 141-151 (2021).

出来 (有馬) 誉恵、山崎世和、仁科 博史：リン酸化酵素が神経細胞で担う機能とは？ - 概日リズム障害と加齢依存的な運動異常を示す変異マウス *Academist Journal* 2017年8月25日

花房洋、松本邦弘：ROCO ファミリーキナーゼ LRRK1 の基質依存的な細胞機能 *生化学* 89, 286-289 (2017).

原幸大、橋本博：損傷乗り越え DNA 合成に関わるタンパク質複合体の結晶構造解析 *Photon Factory Activity Report* 2016, 34 (2017)

高濱充寛、齊藤達哉：基礎医学-免疫学の最初の一步 オートファジー *周産期医学* 47, 1513-1519(2017).

高濱充寛、齊藤達哉：医学用語解説 インフラマソーム 炎症と免疫 25, 94-96(2017)

齊藤達哉：尿酸塩結晶によるインフラマソーム活性化と痛風性関節炎 *尿酸と血糖* 3, 6-9(2017).

齊藤達哉：痛風関節炎の発症機序 *カレントセラピー* 35, 61-65(2017).

岩本一成、岡田眞里子：シングルセルシーケンスデータを読み解くための情報解析, 実験医学別冊「シングルセル解析プロトコール」、326-331 (2017)

富田太一郎：p38 活性のオシレーションと炎症遺伝子の制御 *生物物理* 57, 302-304 (2017).

富田太一郎、赤羽悟美：FRET を用いたイメージング技術 *臨床免疫・アレルギー科* 68, 563-568 (2017).

柳川正隆、佐甲靖志：細胞膜受容体の1分子イメージング *生体の科学* 68, 386-387 (2017).

堀 雄一郎、菊地 和也、生細胞でのタンパク質蛍光標識技術の開発と糖鎖機能の解明, *生体の科学* 68, 2-3 (2017).

堀 雄一郎、菊地 和也、GLUT4 の細胞内動態を可視化する 化学アプローチで明らかとなった糖鎖の役割, *化学と生物* 55, 659-660 (2017).

堀 雄一郎、菊地 和也、ケミカルバイオロジーと分子イメージング, *感染・炎症・免疫* 47, 48-57 (2017).

渋谷周作、齊藤達哉、吉森保：オートファジーと生体防御応答 実験医学増刊「The オートファジー 研究者たちの集大成が見える最新ビジュアルテキスト」 35, 144-150(2017).

松本 雅記、中山 敬一 実験医学別冊「あなたのラボにAI (人工知能) ×ロボットがやってくる」 羊土社 96-99, 2017年

松本 雅記、中山 敬一 実験医学増刊「がん代謝 ワールブルグを超えて全容解明に挑む」 羊土社 Vol. 35 No. 10、2017年06月

小橋川敬博、雨宮舜、与座魁斗、佐藤卓史、森岡弘志：キナーゼドメイン相互作用面を標的とした阻害ペプチドの探索、ペプチド医薬品開発のためのスクリーニング・安定化・製剤化技術, 技術情報協会, 第10章, 第9節, pp. 420-428 (2017).

宮村憲央、仁科 博史:Hippo-YAP シグナル伝達経路による異常細胞の排除:*生化学* 90:804-809 (2018)

原幸大、橋本博：染色体構築を担うタンパク質複合体の X 線結晶構造解析 *Photon Factory Activity Report* 2017, 35 (2018)

高濱充寛、齊藤達哉:cGAS を介した自然免疫応答の制御機序 *生化学* 90(6), 801-803(2018).

三澤拓馬, 齊藤達哉:オルガネラコミュニケーションと自然免疫 生体の科学 69(6), 564-567 (2018).

印東厚, 齊藤達哉:最新文献紹介ー 痛風の予防・治療への応用が期待される caffeic acid phenethyl ester (CAPE) は ASC との結合を介して NLRP3 インフラマソームの活性化を抑制する-高尿酸血症と通風 26(2), 87 (2018).

齊藤達哉: NLR を介した自然免疫応答 医学のあゆみ 265(13), 1122-1126 (2018).

西村珠子, 末次志郎: BAR ドメインタンパク質と細胞骨格による細胞膜の構造構築 生体の科学 69(3): 1-5, 2018

北又学, 木田和輝, 末次志郎: 生体膜のリポクオリティとタンパク質ドメインによる認識 実験医学増刊号『脂質が支えるバイオロジー』 羊土社 2018

神取秀樹: ロドプシンの作動メカニズム、生化学 91, 472-481 (2019).

井上圭一, 神取秀樹: 光を信号へと変換する第3のロドプシン: ヘリオロドプシンの発見、バイオインダストリー 77, 42-43 (2019).

齋尾智英, 常磁性ランタノイドイオンを利用したタンパク質の構造解析, 電子スピンスイェンス誌, 33, 80-86, (2019).

齋尾智英, NMR 常磁性緩和促進効果を利用したタンパク質の構造多型解析. ぶんせき, 11 (2019).

齋尾 智英, 石森 浩一郎. 立体構造から明らかにする分子シャペロンの作用機序. 生物物理, 59, 197-201 (2019).

原幸大, 橋本博: 染色体凝縮を担うコンデンシン I サブコンプレックスの構造 月間「アグリバイオ」3, 1265-1267 (2019).

原幸大, 橋本博: 染色体凝縮を担うコンデンシン I サブコンプレックスの構造 月間「細胞」 51, 604-605 (2019).

菱木麻美, 原幸大, 橋本博: DNA 損傷トレランスに関わる HIRAN ドメインの結晶構造~アーティファクトから得られたこと~ 日本結晶成長学会誌 45, 3-45-4-05 (2019).

沖村千夏, 谷口篤史, 野中茂紀, 岩楯好昭: 車輪細胞見つけた! 生物物理 59, 094-096 (2019)

伊東剛, 笠井優, 村上善則. ATL における CADM1 の発現とその機能. 細胞, 51(10): 513-515, 2019.

南 敬: 血管形成・血管新生を担う転写因子ネットワーク-内皮エピゲノム環境に基づく転写カスケード 医学のあゆみ 270, 51-56 (2019).

澤井 哲, 藤森大平: 集団運動による自己組織的パターン形成 実験医学 37(13), 2180-2183 (2019).

仁科博史: 分子細胞生物学 第8版、東京化学同人 (分担訳) 2019.

道上達男 基礎からスタート 大学の生物 裳華房 2019.

嶋田正和, 上村慎治, 増田建, 道上達男 生物学入門第三版 東京化学同人 2019.

富田太一郎, 赤羽悟美: 骨格筋形成と再生における p38MAPK シグナルの役割とその病態への関与 日本薬理学雑誌 155, 241-247 (2020).

佐甲靖志: 細胞内蛍光 1 分子イメージング: 何が分かるか 臨床免疫・アレルギー科 71, 164-169 (2019).

神取秀樹: 視覚の初期過程を捉えるための超高速分光、生物物理 60, 127-129 (2020).

道上 達男 からだのつくり方とその利用法 知のフィールドガイド 生命の根源を見つめる P176-186 白水社(2020)

平野瑤子, 宮崎裕理, 深田正紀, 深田優子: てんかん関連リガンド・受容体 LGI1・ADAM22 「膜タン

パク質工学ハンドブック」(株)エヌ・ティー・エス 357-365 (2020).

深田正紀、横井紀彦、平田哲也、深田優子：zDHHC パルミトイル化酵素と ABHD17 脱パルミトイル化酵素「膜タンパク質工学ハンドブック」(株)エヌ・ティー・エス 316-323 (2020).

小田 隆，齋尾 智英，検出技術：天然変性タンパク質の構造生物学，In：特集 相分離生物学：相分離メガネのススメ，生物工学会誌，98，228-254 (2020).

杉山 正明，井上 倫太郎，中川 洋，齋尾 智英，中性子溶液散乱-現在・過去・未来-，波紋，2020，30(1)，16-25

梶原健太郎、岡田雅人：Src による細胞競合とがん進展 医学のあゆみ 274，463-468 (2020)

原幸大、橋本博：コンデンシン I における HEAT-kleisin 相互作用の構造生物学的研究 生化学 92 (2020).

仁科 博史：Hippo-YAP シグナル経路を介した異常細胞の排除 医学のあゆみ 274：451-455 (2020)

武村直紀，齊藤達哉：痛風発症における NLRP3 インフラマソームの役割 高尿酸血症と痛風 28(1)，6-10 (2020).

武村直紀，齊藤達哉：NLRP3 インフラマソームを標的とした痛風性関節炎の治療戦略 循環器内科 87(1)，112-117 (2020).

南 敬：ダウン症因子 DSCR-1 と病的血管新生 炎症と免疫 28，375-82 (2020)

齊藤 稔，井元大輔，澤井 哲：深層学習による細胞形状解析 実験医学 38(20)，3461-3466 (2020).

堀 雄一郎，タンパク質ラベル化技術を用いたメチル化 DNA の蛍光イメージング，顕微鏡 55，90-93 (2020).

堀 雄一郎，菊地 和也，タンパク質ラベル化技術を応用したメチル化 DNA の可視化，生産と技術 72，31-36 (2020).

堀 雄一郎，菊地 和也，生体制御分子を可視化するバイオプローブ，CSJ Current Review，36，24-29 (2020).

篠原久明 最新臨床検査学講座 生化学 「生体防御機構」 医歯薬出版株式会社 2021年 7章F 206-212.

中村直俊「高度情報リテラシー：情報科学・データ科学への入門」(学術図書出版社、2020、2021 (第2版))

大川 恭行，原田 哲仁，前原 一満，医歯薬出版株式会社 週刊医学のあゆみ 「1細胞エピゲノム解析技術開発の最前線」 2021

神取秀樹「オプトジェネティクスツールとしてのロドプシン」膜タンパク質工学ハンドブック (株)エヌ・ティー・エス 2020.

金子 邦彦：澤井 哲，高木 拓明，古澤 力「細胞の理論生物学：ダイナミクスの視点から」東京大学出版会 2020.

前原一満，大川恭行，実験医学増刊 Vol. 38 No. 20 機械学習を生命科学に使う！「scRNA-seqを用いた細胞系譜の軌跡推定-データの背後の流れを読み取る技術-」 2020

前原一満，実験医学別冊 エピゲノムをもっと見るためのクロマチン解析実践プロトコール「少数細胞クロマチン解析法の性能を比較する」 2020

深田正紀、横井紀彦、深田優子：APEGS法によるタンパク質パルミトイル化修飾の定量 電気泳動 65，in press (2021).

幸福裕、今井駿輔、上田卓見、嶋田一夫：GPCRのNMR・ESR解析 細胞 53，16-20 (2021).

原幸大、橋本博：3R&3Cを担うタンパク質のX線結晶構造解析 Photon Factory Activity Report 2020 38 (2021).

奥村 文彦、嘉村 巧 KLHDC1による不良SELENOSの除去 細胞 53(3)：156-159 (2021)

中村直俊「チュートリアル・細胞生物学の数理(3)：細胞の形と動き」応用数理31巻3号、2021

中村直俊「チュートリアル・細胞生物学の数理(2)：細胞間不均一性」応用数理31巻2号、2021

中村直俊「チュートリアル・細胞生物学の数理(1)：概論と Michaelis-Menten 機構」応用数理 31 巻 1 号、2021

柳川正隆、佐甲靖志：GPCR の細胞内 1 分子イメージング 細胞 53, 276-279 (2021)

渡部昌、畠山鎮次：TRIM ファミリータンパク質と標的タンパク質分解 月刊「細胞」 53(3), 32-35 (2021)

(4) 研究成果による産業財産権：特許取得・申請

ウイルス感染症治療薬 井上純一郎 特願PCT/JP2021/009968 2021

Aldehyde dehydrogenase 3 activity fluorogenic probe 浦野泰照, 上野匡, 中田絵麻、柳下 淳 米国仮出願, Application Number: 63184485

新規光増感剤 浦野 泰照, 上野 匡, 高木 太尊, 浅沼 大祐 特願2020-026324|PCT/JP2021/006211(国際出願)

アルデヒドゲナーゼ 1 A 1 検出用青色蛍光プローブ 浦野 泰照, 上野 匡, 柳下 淳 特願2020-14846 |PCT/JP2021/003368(国際出願)

Methods and Compositions for Treatment of Age-Related Dysfunction 山梨裕司、植田亮、杉田聡、峯岸慶彦 63034506 (米国仮出願)

液滴及びその製造方法 奥村正樹, 松崎元 紀, 金村進吾, 稲葉 謙次, 齋尾智英 特願2020-100517, 2020年

多重パーセプトロン (MLP) 法を用いた非アルコール性脂肪性肝疾患肝組織像の自動診断法精度の向上, 鎌田佳宏、三善英知、鈴木貴, (2021. 1特許出願)

画像領域分割装置、画像領域分割方法、画像領域分割プログラム、及び画像特徴抽出方法, 板野景子、鈴木貴, (2021. 3特許登録)

病理診断装置及び画像処理方法, 三善英知, 鈴木貴ほか, 国際出願番号 PCT/JP2018/030758

医用画像における特徴量抽出方法及び病変評価装置, 板野景子, 鈴木貴ほか, 公開番号2018-147109

エレクトロポレーション用電極付きキュベット 山本朋彦、岩楯好昭、沖村千夏、継山 晴進、二階堂正隆、清木信行 意匠、Y-001 2020年出願 国内

G タンパク質共役型受容体(GPCR)の解析方法 柳川正隆、廣島通夫、上田昌宏、佐甲靖志
特願 2019-152455 (2019).

ERK-MAPK 経路の異常な活性化に伴い発現する疾患マーカー 武川睦寛、久保田裕二
特願 2021-093552

標的遺伝子の塩基配列を決定する方法 大川恭行 前原一満 木村 宏 佐藤優子
特許第6869550号2021

メチル化DNAを蛍光標識する方法, 菊地 和也, 堀 雄一郎, 乙村 法道, 特許第
6274632号, 2018年

新規な光受容タンパク質永田崇, 小柳光正, 寺北明久、特開2019-92457

5. 研究成果

(1) 領域の目標ごとの研究成果

【項目 A01: 数理解析を目指した分子生物学的シグナル伝達解析】

A01 班では A02 班および A03 班と連携しつつ、主に分子生物学/構造生物学的手法を用いて未知のシグナル伝達制御機構と疾患発症機構を解明し、疾患克服に向けた応用研究へ発展させることを目標に研究を進めた。その結果、多くの新たな生命機能制御機構を同定することに成功すると共に、難治性疾患の新規診断/治療法開発に繋がる重要な成果が得られた

武川班（分担：石谷、上野）は MAPK シグナルを中心に解析を進めた。①ストレス応答（p38/JNK）経路に関しては、尾山と連携し、生体内の酸化ストレスを感知して p38/JNK の活性化を導く新たなヒト酸化ストレス・センサー分子として、MAPKKK である MTK1 を同定することに成功した。即ち、酸化ストレス環境下で、MTK1 分子内の特定の Cys 残基が直接「酸化-還元」されることで酵素活性が亢進し、p38/JNK 経路の長期活性化を導くという新規シグナル伝達機構を同定した。またこの機構が、病原体感染時に免疫細胞内で起こる酸化バーストを検知しており、炎症/獲得免疫に重要な IL-6 の産生に必須であることを示した（*Science Adv* 2020; 国内外で報道 17 件）。また、ストレス状況下で MAPK シグナル分子の細胞質-核間の輸送（振動）速度が著しく亢進することを発見し、鈴木と共に数理解析を行って、このシグナル分子の時空間制御が、ストレス刺激時に p38/JNK の活性強度を高める一方で、無刺激時には p38/JNK 活性を低く保つ新たな生命機能制御機構であることを解明した。更に、尾山/小迫と共に p38/JNK 経路を制御するストレス顆粒（SG）の研究を行い、活性酸素が SG 形成を阻害して神経細胞死を亢進させる作用を持つこと、またこのことが神経変性疾患の病態にも寄与することを解明した（*Nature Commun* 2016, *Current Biol* in press）。また、ストレス誘導物質を排出する輸送体分子 MATE や浸透圧ストレス調節分子 LRRC8 の作用機構を解明するなど（*Nature Struct Mol Biol* 2018, *Nature Commun* 2017 他）多くの成果を得た。②ERK 経路に関しては、ERK の活性化を誘導するリゾホスファチジン酸受容体 LPA6 の解析を行い、LPA6 の未知リガンド認識機構を解明した（*Nature* 2017）。また、オミクス解析から ERK の新規基質分子を複数同定することに成功すると共に、その一つである MCRIP1 遺伝子破壊マウスを樹立して、MCRIP1 が肺サーファクタント遺伝子の発現に必須であり、欠損マウスは呼吸不全で死亡することを見出した（*Commun Biol* 2019）。さらに ERK の異常活性化に伴って、癌細胞特異的に高発現する遺伝子群を網羅的に同定し、これらの分子が新たな癌の診断マーカーや治療標的となることを示した（*Nature Commun* in press）。また久保田/澤崎/小迫と情報/数理解析を実施して、この大規模データから ERK と

AKT 経路を繋ぐ未知クロストーク機構を発見すると共に、この機構が癌細胞の抗癌剤抵抗性獲得に重要であり、癌治療に応用出来ることを示した（特許出願）。また③シグナル伝達の数理解析に資する新技術開発も行い、O-GlcNAc 修飾蛋白質を定量的に検出する新技術の確立、細胞内の pH 変化を検知するセンサー化合物の樹立、新規ゲノム編集ツールの開発、アクチン繊維を光依存的に崩壊させる機能性プローブの開発など、多くの成果が得られた（特許 3 件: *J Am Chem Soc* 2020, 2018; *Science* 2018; *PLoS ONE* 2017; *Mol Cell* 2017 他）。

井上班（分担：徳永、山本）は、ユビキチン (Ub) 修飾と NF- κ B 経路を主な研究対象として解析を進めた。①ウイルス感染症との関連については、まず澤崎と連携して、ヒト T 細胞白血病ウイルス-1 型 (HTLV-1) の病因タンパク質 (TAX) を介した NF- κ B 活性化に、K63-Ub 鎖と直鎖状 (M1) -Ub 鎖のハイブリッド鎖形成が必須であることを見出し、ウイルス発癌におけるハイブリッド鎖の重要性を世界で初めて示した (*PLoS Pathog* 2017)。また、ウイルスと細胞間の相互作用を数理的に解析する実験系を確立して新型コロナウイルス感染に伴って起こる細胞の膜融合を定量化することに成功し、この実験系を用いて nafamostat (フサン) が新型コロナ感染症治療薬候補となることを発見した (*Viruses* 2020 ; 記者会見し報道多数)。現在、井上の発見を基に COVID-19 に対するフサンの臨床試験を実施しており、実際の患者で有効性を示唆する結果が得られ、論文報告もした (*Critic Care* 2020)。②神経変性疾患との関連については、澤崎/石谷と連携して、オプチニューリン (OPTN) が M1-Ub 鎖と結合し、NF- κ B の活性化を阻害する作用を持つことを見出すと共に、OPTN の遺伝子変異が NF- κ B の抑制不全を招いて筋萎縮性側索硬化症 (ALS) の原因となることを解明した (*Nature Commun* 2016;新聞報道)。更に、神経変性疾患で認められるユビキチン陽性凝集体が、K48/K63/M1 鎖など多様な Ub 鎖を含む複雑鎖であることを初めて突き止めた (*J Neuropathol Exp Neurol* 2020 他)。③免疫制御における役割に関しては、石谷と連携して炎症/免疫応答に重要な DDX41 や cGAMP 分解酵素の構造-機能連関を解明した (*Nature Commun* 2018, *Sci Rep* 2016 他)。また鈴木と共に、T 細胞受容体刺激による NF- κ B 活性化経路の数理解析を実施し、T 細胞に特有な CBM 複合体が Ub リガーゼ LUBAC によって Ub 化されること、またこのことが T 細胞に特異的な NF- κ B の迅速な活性化に必須であることを解明した (*Front Immunol* 2020)。更に澤崎と共同して、脱 Ub 化酵素 CYLD の制御機構を解明し、CYLD 阻害剤も同定した (*JBC* 2019, *Commun Biol* 2021)。④癌病態との関連については、NF- κ B の異常活性化が、乳癌の発症や癌幹細胞の維持に寄与していることや、上皮間葉転換 (EMT) とその逆過程である MET との平衡関係の制御に寄与する可能性を示した (*Commun Biol* 2019, *Cancer Sci* 2017)。また、LUBAC の新規阻害剤を同定し、予後不良

型 B 細胞リンパ腫や乾癬に対する治療シースとして有望であることを示した (*Commun Biol* 2020, *Front Immunol* 2021)。

【項目 A02: 数理モデル構築とシミュレーションによる生命機能制御機構の理解と予測】

A02 班では A01/03 班と連携して、シグナル伝達を数理モデルで記述し、疾患発症や生体応答の鍵となる分子を抽出すると共に、数理解析の新たな方法論を開発することを目的として研究を展開した。その結果、生命現象や病態を粗視化し、公理的なロジックを導き出す新たな技術や方法論を確立するなど、大きな進展が得られた。

鈴木班では、①生命現象の数理解析に関する理論研究・技術開発を行い、Wet 実験で得られた知見を公理化し、生体反応の時空間動態を演繹的にモデリングする手法と、次元解析を用いて実験値のオーダーを検証する方法を開発した (*J Theor Biol* 2019, *Comp Math Mech Med* 2017)。また、生体応答に関するパラメータを系統的に検証し、医学研究に反映させる技術を確立した (*Method Math Oncol* 2021, *J Math Biol* 2016)。更に、腫瘍血管新生や細胞浸潤などを題材として、細胞内輸送やフィードバックを組込んだマルチスケールモデルと生体応答の揺らぎを組み合わせたハイブリッドシミュレーションという方法論を確立し、組織レベルでの生命現象を再現する手法を開発した (*Mal J Math Sci* 2019)。加えて、情報科学を用いて遺伝子発現に対する個々の細胞の応答性の違いをクラスタリングする手法を開発し、これを活用して肝癌の発症機構とその制御法を示した (*Precision Med* 2020) (特許 5 件取得)。また②領域内共同研究を積極的に推進し、井上と共に古典的 NF- κ B 経路の減衰振動に NF- κ B/I κ Ba のリン酸化が重要であることを力学系理論により解明した (*J Theor Biol* 2019)。更に非古典的 NF- κ B 経路に関する世界初の数理モデルを構築し、井上の実験結果と数理解析結果の相違点から未知の制御を予測して、I κ Ba と p100 が NF- κ B の振動に必須であることを解明した。徳永とは、T 細胞に特異的な CBM 複合体シグナルの数理解析を実施し、T 細胞の特徴である迅速な NF- κ B 活性化の作動原理を解明した (*Front Immunol* 2020)。また武川と共に p38/JNK 経路の数理解析を推進し、MAPK シグナル分子の時空間制御が、ストレスに対する生体のスイッチ様応答を導き出す基本原理であることを示した (投稿中)。公募班との共同研究では、伊東と共に肺癌の抗癌剤抵抗性機構について数理解析を行い、従前のモデルを覆す新たな耐性機構を発見した (*BBRC* 2019)。また澤井と共に「細胞の走化性パラドクス」について解析し、血管内皮運動と血管新生に関する新たなモデルを提唱した。更に仁科 (Hippo 経路)、南 (NFAT 経路)、花房 (LARK 経路)、岡田 (mTOR 経路) と共同研究を推進し、これらのシグナル伝達に関する初の数理モデルを構築することに成功

した (*Cancer Sci* 2018 他)。

久保田班ではインスリン-AKT シグナルに着目し、個体レベルでのマルチオミクス解析と数理モデルを組合わせた解析を実施した。①インスリン作用の数理解析では、生体内の異なるインスリン分泌パターン (3種類存在) を再現する独自の刺激法を開発して、ラット個体を用いた実験を行い、肝臓内の蛋白質リン酸化、遺伝子発現、代謝物について網羅的かつ時系列的オミクスデータを取得した。更にこの大規模データを基に数理/情報解析を実施し、血中インスリン分泌パターンの違いによって、異なるシグナル伝達経路が選択的に活性化されることを発見すると共に、そのメカニズムも解明した。また、数理シミュレーションから糖尿病のインスリン応答を推定し、糖尿病の病態にインスリン分泌パターン異常が関与することを示した (*Cell Systems* 2018)。これはホルモン作用を個体レベルで数理モデル化した世界初の研究となった。一方、②生命現象を解析する情報技術/理論の開発も行い、同一の臓器から多階層 (転写/蛋白質発現/代謝など) に跨るオームデータを取得する手法を開発すると共に、トランスクリプトームと発現プロテオームを大規模に繋ぐ情報科学的解析技術を確立して、シグナル伝達を *in silico* で再構築する技術を開発した (*iScience* 2018, *Cell Rep* 2019 他)。更にこの知見を、別のインスリン標的臓器である筋肉にも拡張し、糖代謝における肝臓-筋肉連関を解明した (*iScience* 2021)。また③領域内共同研究を推進し、澤崎と共に蛋白質のインタラクトーム・データから、関連するシグナル伝達経路を抽出する新たな統計モデルの開発を行った。また松本や前原と連携して、マウス個体を用いたマルチオミクスデータから、細胞内シグナル伝達経路を再構築し、その全体像を数理的に解析することで、肥満がグルコース代謝に与える影響やインスリン作用のメタレベルでの制御を解明した (*Science Signal* 2020, *Cell Rep* 2021)。

【項目 A03: 生体内シグナル伝達解析・定量化技術の開発】

A03 班では、オミクス解析、分子間相互作用、イメージング解析技術などを開発すると共に、これらの技術基盤を稼働させて未知のシグナル伝達分子やその制御を解明することを目標に研究を推進した。その結果、上記目的に合致する多数の成果が得られた。

澤崎班では、独自に開発した世界最先端のコムギ無細胞蛋白質合成系を発展させて、蛋白質間相互作用の網羅的解析を可能とする新技術の開発と、その応用研究を推進した。①大規模分子間相互作用解析では、上記システムを用いたヒト2万種蛋白質の網羅的プロテインアレイ (20K-HUPA) 技術を確立して蛋白質分子の大規模相互作用解析を行い、多くの成果を上げた。まず、サリドマイド受容体 CRBN と結合する分子の網羅的解析から、サリドマ

イドの催奇形性が、転写因子 PLZF/SALL4 の機能阻害に基づくものであることを発見する共に (*EMBO J* 2021, *Commun Biol* 2020)、CRBN-PLZF/SALL4 複合体の構造解析を行って、副作用の無いサリドマイド誘導体開発の方向性を示した (*Nature Commun* 2020;新聞報道)。また植物蛋白質のプロテインアレイ解析から、チロシンキナーゼ TAGK が E3 リガーゼ GARU をリン酸化することで、ジベレリン受容体の分解を制御していることを発見した。この研究により、植物におけるチロシン・リン酸化の意義が世界で初めて明らかとなった (*Nature Commun* 2017;新聞報道)。更に徳永と共同して、Ub リガーゼ MIB2 が CYLD の分解を導いて、NF- κ B経路を制御すること、またその破綻が家族性円柱種症の原因となることを解明した (*JBC* 2019)。②新たな分子間相互作用解析技術の開発では、ヒト脱 Ub 化酵素アレイの作成 (*Biomedicines* 2020)、生細胞内で蛋白質複合体を網羅的に同定する、新規近接依存性ビオチン化酵素 AirID の開発 (*eLife* 2020)、モノクローナル抗体薬の特異性を迅速かつ網羅的に評価する新たなシステム CF-PA²Vtech の開発 (*Sci Rep* 2019)、蛋白質精製に有用な新規エピトープタグ・システム (CP5 システム及び AGIA タグ) の開発 (*PLoS ONE* 2016, 2017) など、汎用性の高い技術的成果が多数得られた。

尾山班では、高深度定量プロテオーム解析技術を活用し、大規模データから生命機能制御の鍵となる分子を抽出する情報解析技術の開発を行った。また、オミクス解析と数理モデルを連携させた新たな技術基盤の構築を試みた。①翻訳後修飾のプロテオーム解析では、Ub 化及びアセチル (Ac) 化に関して、微量被修飾ペプチドを高精度かつ包括的に検出する分析法を確立し、13種類の癌細胞を用いて大規模Ub化/Ac化統合プロテオーム解析を実施した。その結果、約900種類の新規被修飾部位を検出することに成功し、特に蛋白質翻訳制御分子が有意にこれらの修飾を受けていることを見出した。また被修飾Lys残基周辺のモチーフ解析を行い、酸性アミノ酸に富む特徴的配列が選択的にAc化されることを発見した (*Biomolecules* 2020, *PLoS Biol* 2020他)。②新たなシグナル伝達解析基盤の開発では、大規模な定量リン酸化プロテオームデータから、細胞内で起きているグローバルなキナーゼ/基質間の制御を*in silico*で再構成する情報解析プラットフォーム“PTMapper”を開発し、分子間相互作用ネットワークを体系的・網羅的に同定して可視化する新たなシグナル伝達解析基盤を構築した (*Bioinformatics* 2016, *PLoS ONE* 2018)。また、これらの手法を活用して共同研究を推進し、癌 (*Nature Commun* 2018, *Leukemia* 2018)、ウイルス感染 (*J Virol* 2018, *Cell Rep* 2018, *J Virol* 2021)、免疫制御 (*Nature Commun* 2017)、ストレス応答 (*Nature Commun* 2016, *EMBO J* 2020) における翻訳後修飾異常や制御機構を解明するなど、多くの成果を得た。

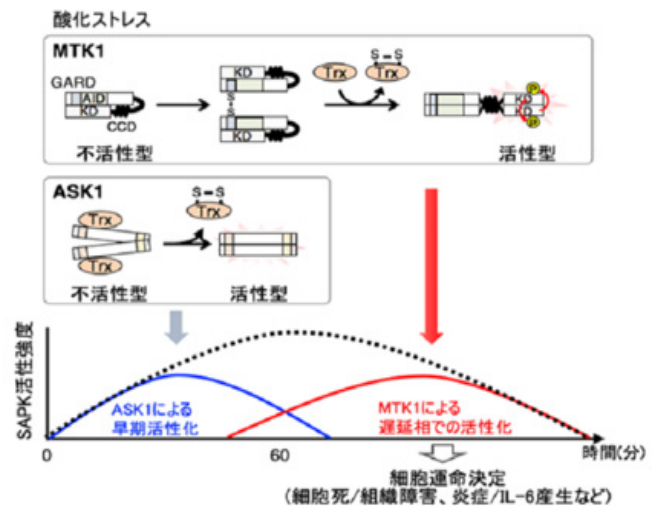
(2) 主な研究成果

A01 数理解析を目指した分子生物学的シグナル伝達解析

計画研究

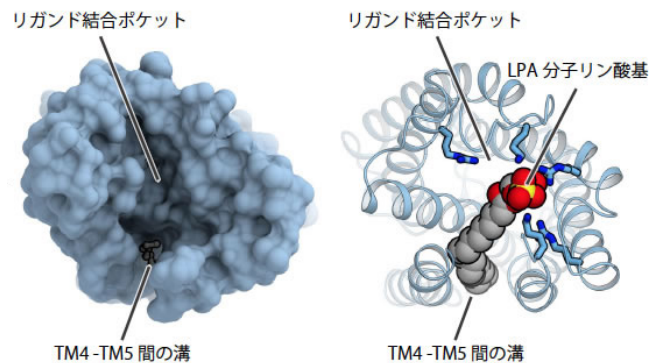
新規ヒト酸化ストレス・センサー分子 MTK1 の同定と免疫応答制御シグナル伝達機構の解明

武川は A03 班と連携して酸化ストレスに対する生体の感知・応答機構について解析を行い、ストレス応答 MAPKKK である MTK1 自身が酸化ストレスセンサーとして機能していることを発見した。即ち、酸化ストレス状況下で、MTK1 分子内に存在する特定の Cys 残基が直接酸化-還元されることで、キナーゼ活性が著しく亢進することを見出した。さらにこの新規機構が、病原体感染時に免疫細胞内で起こる酸化バーストを検知して p38/JNK の持続的な活性化を導き、炎症や獲得免疫に重要な IL-6 の産生に必須であることを示した (*Science Adv* 2020; 国内外で報道)。



ERK 経路構成分子の構造および機能解明

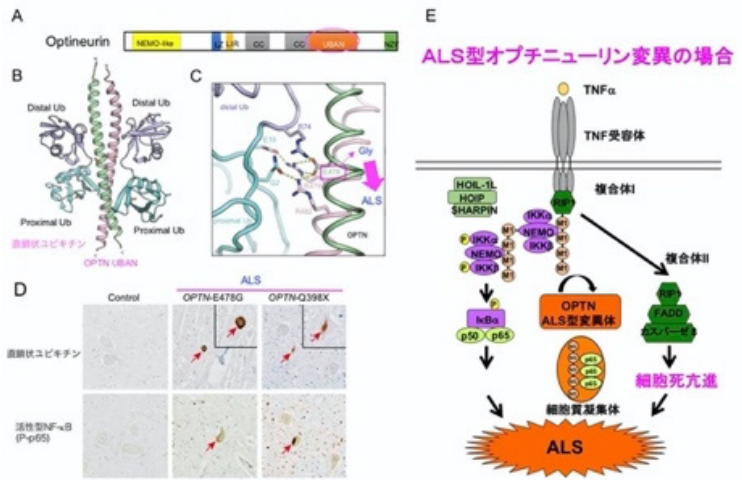
石谷は、ERK 経路を活性化するリゾホスファチジン酸受容体 LPA6 の構造を決定して、その未知リガンド認識機構を原子レベルで解明し、脂質リガンド・シグナル伝達機構の理解を大きく前進させた。即ち、LPA6 が持つリガンド結合ポケットは、受容体の側面に向かって大きく開いており、脂質二重膜に面した領域に LPA 分子の炭化水素鎖が



結合することを明らかにした (*Nature* 2017, 右図)。さらに武川/尾山と連携して構造—機能連関を解析した。また、武川は新規 ERK 基質分子 MCRIP1 を同定して、その遺伝子欠損マウスを樹立し、MCRIP1 が肺サーファクタント遺伝子の発現に必須であり、遺伝子欠損マウスは生後数時間以内に呼吸不全で死亡することを解明した (*Commun Biol* 2019)。

オプチニューリン(OPTN)による筋萎縮性側索硬化症(ALS)発症機構の解明

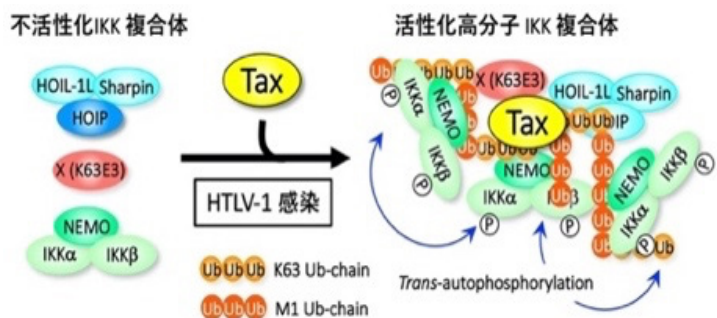
OPTN は、ALS の発症を導く疾患原因遺伝子の一つであり、実際に ALS 患者において点変異が認められるが、その機能は不明である。徳永は澤崎と共に、OPTN が直鎖状ユビキチン (Ub) 鎖と結合して NF- κ B の活性化を阻害する作用を持つことを発見した。また石谷と連携して OPTN の結晶構造を決定し、ALS で



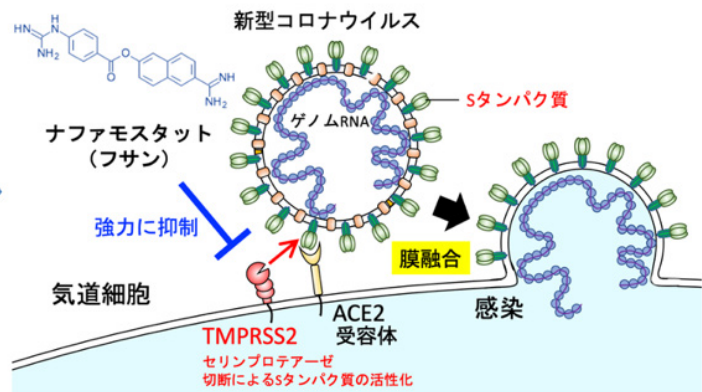
見出される変異によって OPTN の Ub 鎖結合能が喪失すること、またその結果、脳内で NF- κ B 経路の異常活性化および慢性炎症が誘発されて神経細胞死が起こり、ALS が発症することを解明した (*Nature Commun* 2016 他；新聞報道)。

ウイルス感染によるシグナル伝達異常の解明と治療薬開発

井上は、徳永および澤崎と連携して白血病ウイルス HTLV1 由来の発癌蛋白質 Tax の機能解析を行い、Tax が直鎖状 (M1)-Ub 鎖のユビキチンリガーゼ (E3) である LUBAC、及び K63-Ub 鎖の E3 と協調して、M1/K63 ハイブリッド Ub 鎖の形成を導くことを明らかにした。また、この Ub 鎖を足場に IKK が集積して NF- κ B 経路が活性化され、発癌が惹起されることを示した (*PLoS Pathog* 2017)。



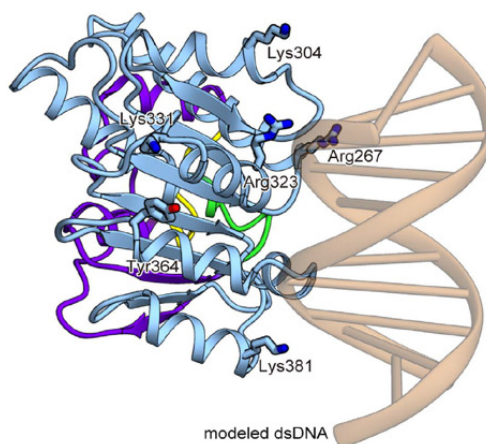
また、新型コロナウイルス感染に伴って起こる細胞融合現象を定量的に検出する新たな技術を確認し、これ



を用いて既存薬フサンが COVID-19 の治療薬候補となることを発見した。現在、臨床試験を実施しており、有効性を示唆する知見が得られ、論文発表も行った (*Viruses* 2020, 2021, *Critic Care* 2020 他; 報道多数)。

細胞内自然免疫センサー蛋白質 DDX41 の構造解析

DDX41 は自然免疫受容体であり、DEAD ドメインを介してウイルスや細菌由来の dsDNA 及び環状ジヌクレオチド(CDN)と結合し、I 型インターフェロンの産生を導く。徳永と石谷は連携して DDX41 の立体構造を決定し、DDX41 が dsDNA および CDN を認識して結合する機構を原子レベルで解明した。本研究により、リガンドの結合と解離に、ヘリケースドメインへの ATP 結合と加水分解が重要であることが初めて明らかとなった (*Sci Rep*, 2016)。

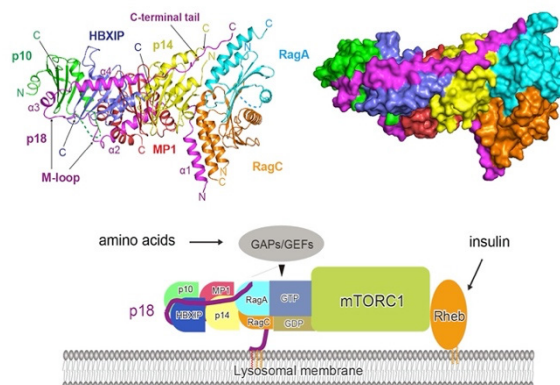


公募研究

新型ロドプシンの発見とその生化学特性の解明 (*Nature* 2019, *Nature Commun* 2020 他)、新規脱パルミトイル化酵素の発見 (*Nature Commun* 2021, *PNAS* 2021)、HIV-1 感染受容体 CCR5 の膜輸送機構の解明 (*Science Adv* 2019)、アデノシン受容体のリガンド認識機構 (*Science Adv* 2020, *Nature Chem Biol* 2020)、LUBAC の制御機構 (*Nature Cell Biol* 2020)、線虫のインスリン応答機構 (*PLoS Genet* 2019)、mTORC1 の機能および構造解明 (*Nature Commun* 2017, 2021)、14-3-3 による転写制御 (*Nature Commun* 2019, 2020)、TLR/UNC93B1 の作用機構 (*Immunity* 2018, *Nature Commun* 2020, *Nature Struct Mol Biol* 2021)、Hippo 経路の制御機構 (*Nature Commun* 2017)、細胞内蛋白質絶対定量技術の開発 (*Nature Method* 2017) など、質の高い成果が多数得られた。

mTORC1 制御複合体の構造解析と制御機構

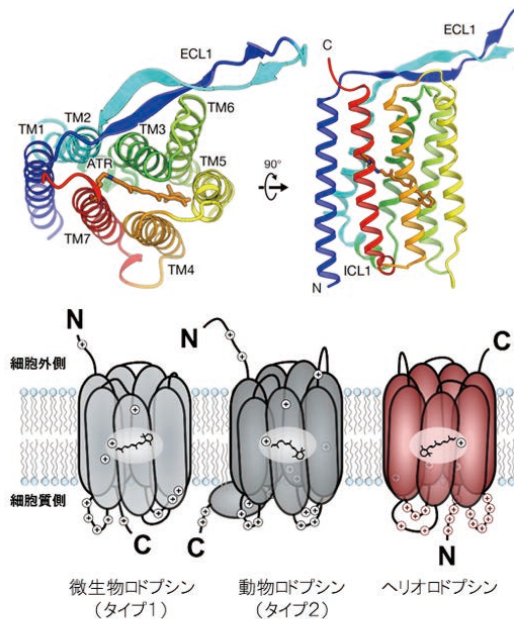
岡田は、細胞の栄養状態や成長などを統御する mTORC1 の活性制御機構の解明を目的とし、mTORC1 をリソソーム膜にアンカーする Regulator と Rag-GTPase を含む複合体の結晶構造



解析を行った。その結果、リソソーム膜結合分子p18が、Ragulatorを構成する4因子およびRagA/RagCのRoadblock domainをラッピングテープの様に束ねるという、ユニークな構造が明らかとなった。さらにこの複合体構造がアミノ酸依存的なmTORC1の活性制御に必須であることを証明した (*Nature Commun.* 2017)。

新型ロドプシン、ヘリオロドプシンの発見と機能解析

ロドプシンはレチナール分子を光吸収に用いる膜蛋白質であり、動物ロドプシンと微生物ロドプシンという2つのファミリーに分類される。神取は、これら既知のロドプシンと相同性のない第三のロドプシンを発見し、この蛋白質群をヘリオロドプシンと命名して、その構造および生化学的性質について解析を行った。その結果、ヘリオロドプシンは従来型のロドプシンと比較して膜トポロジーが反転していること、また、光反応性は保持しているものの、イオン輸送性をもたないことを明らかにした (*Nature* 2019)。さらに分光解析から、へし、その活性を制御していることを明らかにした (*J. Phys. Chem. Lett.* 2020)。

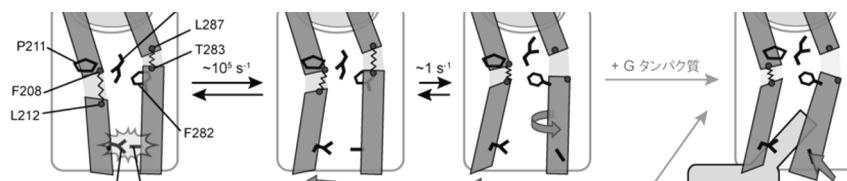


合

G タンパク質共役型受容体(GPCR)の活性制御機構

幸福は G タンパク質共役型受容体である β_2 -adrenoreceptor にアゴニストが結合した構造をNMR 解析により可視化し、作動薬依存的な GPCR の活性化機構を明らかにした。さらに、GPCR の活性化状態には複数の構造が存在することを明らかにし、これにより、GPCR のシグナル伝達活性が定量的に説明できるようになった (*Nature Chem Biol*, 2020)。また、adenosine A_{2A} 受容体の活

性制御機構についても解析を行い、adenosine A_{2A} 受容体の活性化は脂質により制御を受けることを



見出すとともに、その機構についても構造生物学的に解明した (*Science Adv*, 2020)。

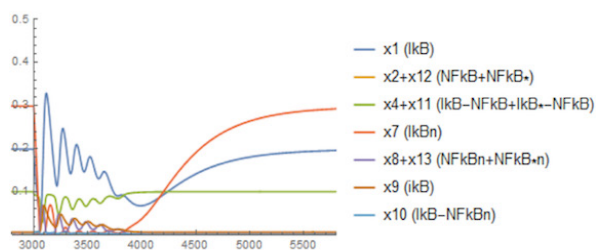
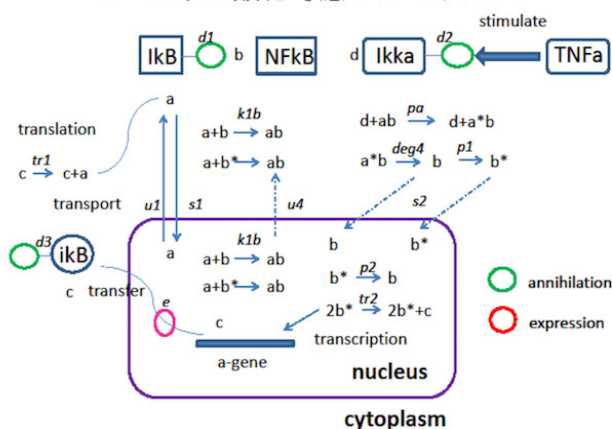
A02 数理モデル構築とシミュレーションによる生命機能制御機構の理解と予測

計画研究

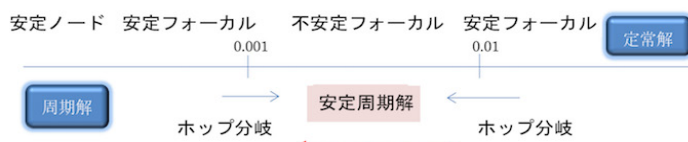
生命現象に対する数理解析技術/理論の開発と応用

鈴木は、実験で得られた知見を公理化し、生体反応の時空間動態を演繹的にモデリングする手法 (*Math Meth Appl Sci* 2021)、次元解析を用いて実験値のオーダーを検証する方法 (*Indiana Univ Math J* 2019)、生命現象のパラメータを系統的に検証し、医学研究に反映させる技術 (*Comp Math Mech Med* 2017)、マルチスケールモデルと生体応答の揺らぎを組み合わせたハイブリッドシミュレーション法 (*DCDS-B* 2018)などを開発し、組織レベルでの生命現象を数理的に解析する手法を確立した。またこれらの数理・情報解析技術を活用して共同研究を推進し、井上と共同して古典的 NF- κ B経路の核-細胞質間の減衰振動に、NF- κ Bのリン

NF- κ Bリン酸化考慮フルモデル



X3 (ストレス刺激)

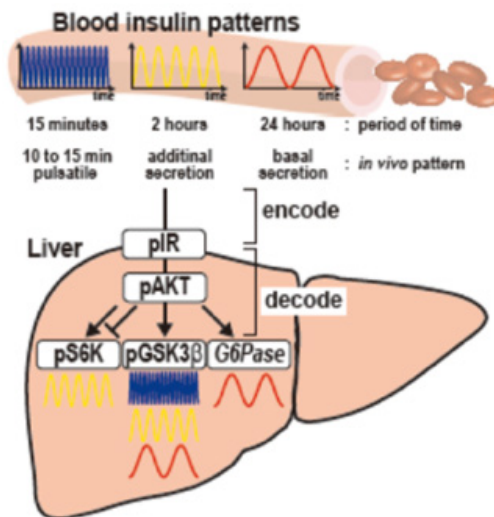


酸化が重要であることを力学系理論により解明した (*J Theor Biol* 2019; 右図)。また非古典的 NF- κ B経路に関する世界初の数理モデルを構築し、I κ Ba と p100 が NF- κ Bの振動に必須であることを解明した。徳永とは、T細胞における CBM 複合体シグナルと Ub 化に関して数理解析を実施し、T細胞の特徴である NF- κ B経路の迅速な活性化を駆動する基本原理を解明した (*Front Immunol* 2020)。また武川と共に JNK 経路の数理解析を推進し、シグナル伝達分子の核-細胞質間振動が、生体のスイッチ様応答を導き出す基本原理であることを解明した。更に公募班とも数理解析の共同研究を推進し、肺癌の抗癌剤抵抗性獲得機構の数理解析 (伊東)、血管内皮運動と血管新生の数理モデル (澤井) や、Hippo 経路 (仁科)、NFAT 経路 (南)、

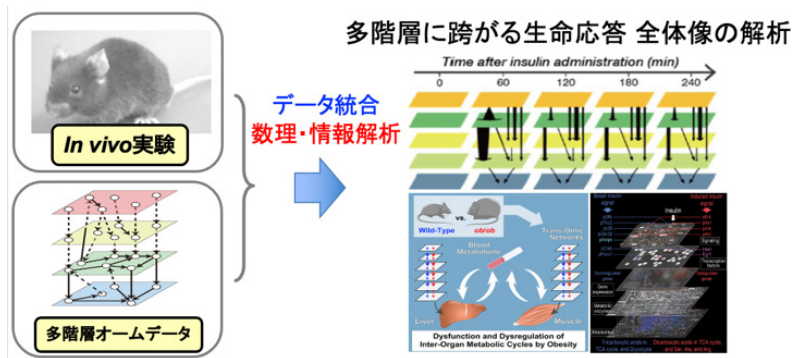
LARK 経路（花房）、mTOR 経路（岡田）などのシグナル伝達経路に関する初の数理モデルを構築することに成功した（*JSIAM Proc* 2017, *Cancer Sci* 2018, *BBRC* 2019 他）。

インスリン応答のオミクス解析と数理モデル化

久保田は、ラット個体を用いて、インスリン投与後の肝臓から、蛋白質リン酸化や遺伝子発現などの時系列オームデータを取得し、数理/情報解析を実施した。その結果、インスリンの血中濃度変動パターンの違いによって、異なるシグナル伝達経路が応答し、遺伝子発現/酵素活性などが選択的に制御されていることを発見して、その分子機構も解明した。また、糖尿病の数理シミュレーションを行い、糖尿病の病態にインスリン分泌パターン



異常が関与していることを示した（*Cell Systems* 2018, *iScience* 2021）。これはインスリン作用を個体レベルで数理モデル化し、その特性を解明した世界初の研究となった。



公募研究

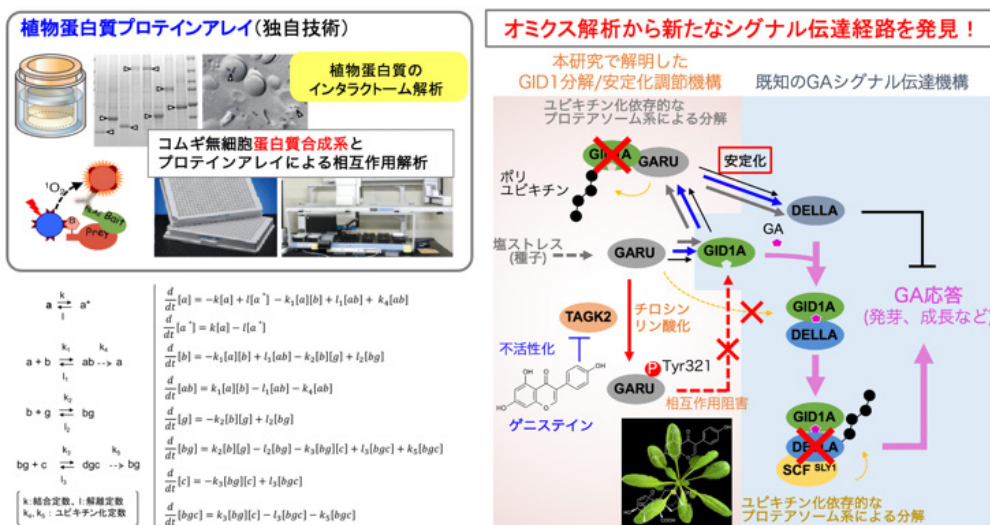
好中球走化性の数理解析（*PNAS* 2019, *PNAS* 2017）、アトピーと皮膚バリア機能の数理解析（*J Theor Biol* 2018）、 β_2 アドレナリン受容体の動態解明（*Nat Chem Biol* 2020）、皮膚創傷治療過程の数理解析（*Nat Aging* 2021, *Stem Cells* 2021）、概日時計の数理解析（*eLife* 2021, *PLoS Comput Biol* 2021）、ケラチノサイトのアメーバ様運動（*Sci Rep* 2018）、Notch シグナルの時間制御（*J Math Biol* 2020, *Nat Commun* 2021）、NFAT 経路の時空間動態（*JBC* 2021）など、数理科学と生物学が融合した研究成果が多数得られた。

【A03】生体内シグナル伝達解析・定量化技術の開発

計画研究

植物ホルモン(ジベレリン)応答シグナルの発見

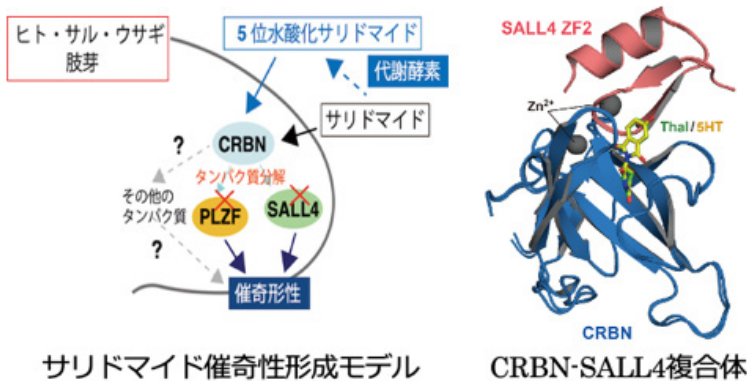
澤崎は植物の
 プロテインキ
 ナーゼ・アレイ
 を開発し、植物
 のチロシンキ
 ナーゼ (TAGK)
 を同定するこ
 とに成功した。
 更に、TAGK が



E3 リガーゼ GARU をリン酸化してその E3 活性を阻害し、ジベレリン受容体を安定化する
 機能を持つことを示した。これは、植物におけるチロシンリン酸化の生物学的意義を世界で
 初めて解明した成果となった。更に A02 班と連携して数理解析を行い、活性型ジベレリン
 の種類がこの新規シグナル伝達機構の制御に重要であることを解明した (*Nat Commun*
 2017; 新聞報道)。

サリドマイド(Thal)受容体の機能解明と副作用の無い薬剤開発に向けた解析

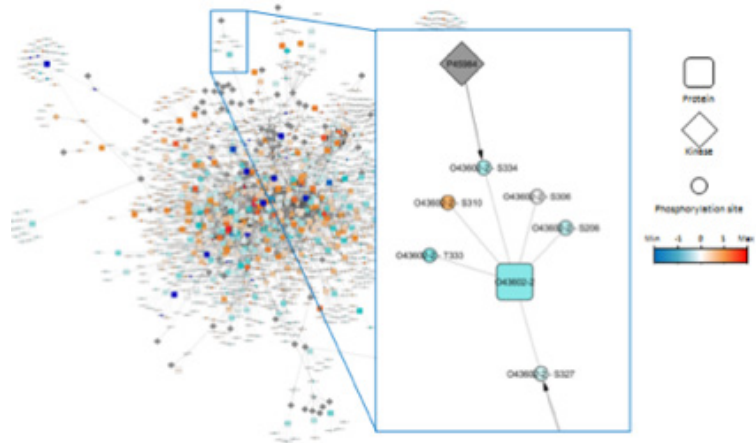
Thal は多発性骨髄腫などの治療に
 極めて有用であるが、催奇形性な
 などの副作用が問題となっている。
 澤崎は独自に開発したヒト 2 万種
 蛋白質アレイ技術(20K-HUPA)を
 用いて、Thal 受容体 CRBN と結合
 する分子を網羅的に同定し、Thal



の催奇形性が、CRBN と結合する転写因子 PLZF/SALL4 の機能阻害に基づくものであるこ
 とを発見した (*EMBO J* 2021, *Commun Biol* 2020)。また CRBN-PLZF/SALL4 複合体の構造
 解析を行って、副作用の無いサリドマイド誘導体開発の方向性を示した (*Nat Commun* 2020;
 新聞報道)。

リン酸化シグナル伝達解析プラットフォーム PTMapper の開発

尾山は、大規模定量リン酸化プロテオームデータから、各リン酸化部位の制御を *in silico* で予測する情報解析プラットフォーム Post-Translational Modification mapper (PTMapper) を開発し、キナーゼ-基質間の大規模相互作用ネットワークを視覚化し、体系的に同定



する新たな情報解析技術を構築した (*Bioinformatics* 2016)。更にこれらの新技術を活用して A01 班や公募班と共同研究を進め、癌 (*Leukemia* 2018, *Nat Commun* 2018)、感染症 (*J Virol* 2021, *Cell Rep* 2018)、免疫応答 (*Nat Commun* 2017)、ストレス応答 (*EMBO J* 2020) などにおける翻訳後修飾異常や制御を解明した。

公募研究

Hes7 転写活性動態の蛍光イメージング法の開発 (*Nature* 2020)、生細胞内で任意の蛋白質を可視化する蛍光ラベル法の開発 (*J Am Chem Soc* 2018, *Chem Sci* 2021)、生細胞内 1 分子イメージング技術の確立 (*Nat Commun* 2018)、超解像顕微鏡画像から細胞膜陥入を定量化する技術の開発 (*Nat Commun* 2019)、一細胞エピゲノム計測技術 ChIL 法の確立と応用 (*Nat Protocol* 2020, *Nat Commun* 2019)、新たなシグナル伝達ダイナミクス計測技術 iMPAQT の開発と応用 (*Science* 2021, *Nat Commun* 2020)、近接依存性蛋白質標識法の開発 (*eLife* 2020) など、生命現象の定量解析に有用な多くの画期的成果が得られた。

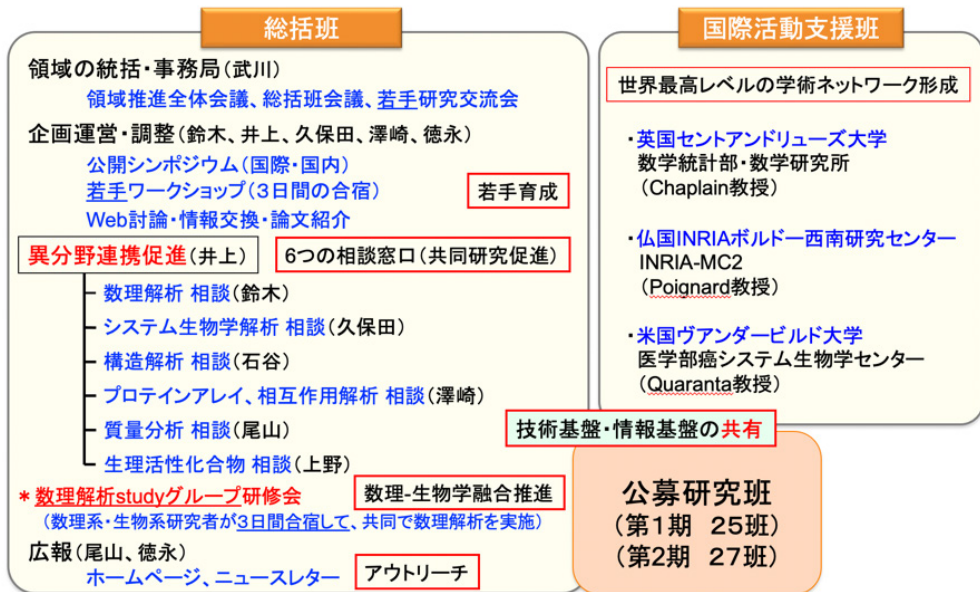
6. 総括班・国際活動支援班の活動および当該学問分野及び関連学問分野への貢献

(1) 総括班

本領域では、A01 班（分子生物学的シグナル伝達解析）および A03 班（生体内シグナル伝達解析・定量化技術の開発）の実験研究で得られたデータを基に、A02 班（数理

「数理シグナル」総括班・国際活動支援班の組織と支援活動

“異分野研究者の連携”が生み出すシナジーが推進力” Face-to-Faceの協働



モデル構築とシミュレーションによる生命機能制御機構の理解と予測) が、数理解析を行って生命動態の作動原理を抽出し、未知の現象を予測する。更に、得られた予測が実際の生体応答と一致するか、A01/03 班が検証実験を行って確認する、という戦略を立て、領域内の連携を図ってきた。また、総括班員が所有する先端的な技術基盤（プロテインアレイ/質量分析/構造解析/ケミカルバイオロジー技術等）を公募班を含めた領域全体で共有し、共同研究を通して広く活用することで、数理解析の精度向上と未知生命機能制御機構の解明を目指した。異分野連携の推進にあたっては、総括班として以下の体制を構築し、実行してきた。

・**総括班会議・領域推進会議**：全計画班員が集まる「総括班会議」を毎年2回開催して、領域の運営方針を決定し、また各自の研究成果を共有した。更に、公募班員を含めた班員全員が一堂に会する「領域推進会議」を毎年春に開催し、班員全員が自身の研究内容を口頭発表することで、研究の進捗状況を相互に確認すると共に、異分野の研究者が face-to-face で交流し、学術的情報を共有する場を確保した（2020年はコロナ禍の為 Web 開催）。また、公募班員に領域の活動や運営方針について周知した。更に、数理解析に不慣れな班員や若手研究者に対しては、会議での発表内容に基づいて、数理科学を専門とする総括班員が積極的に数理・情報科学を導入した共同研究を提案し、数理-生物系異分野連携を強力に押し進めた。

・**共同研究相談窓口と専用メールアドレス**：総括班では、各研究項目間の異分野連携を促進する為、数理解析相談（鈴木）、システム生物学相談（久保田）、質量分析相談（尾山）、プロテインアレイ・相互作用解析相談（澤崎）、構造解析相談（石谷）、生理活性化合物相談（上

野) という、専門家から成る共同研究相談窓口を設置すると共に、相談用の専用メールアドレス設けて、班員からの相談に迅速に対応した。

・ **Web サイトの活用と技術基盤の共有**：領域が所有する様々な技術基盤や、研究過程で得られた新たな技術的成果や実験材料に関する情報を迅速に共有して、領域全体で活用する為、領域 Web サイト内に「班員専用ページ」を設けて最新の技術情報を掲載した。更に、異分野研究を開始する際に有用な、項目別の手順ガイド（「生物系研究者向け数理解析入門」、「蛋白質の構造解析」、「ヒト 2 万種蛋白質プロテインアレイ」、「高精度質量分析システム」）も掲載し、異分野間の共同研究を容易に開始できる体制を整えた。

・ **数理解析 study グループ研修会による連携強化**：特に連携支援が必要と考えられる数理解析と生物系研究者の共同研究を強力に推進するため、鈴木が所属する大阪大学「数理・データ科学教育センター」に、生物系の班員/若手研究者/大学院生が、自身の実験データを持って集まり（1 回に 3-4 課題程度）、鈴木及び研究室の数理解析者・数理系大学院生と直接議論し、共同して数理解析を行う 2 泊 3 日の合同研究会（数理解析 study グループ研修会）を、年 3-4 回の頻度で定期的に実施した。この研究会は領域全体の共同研究の推進と発展に極めて有効であり、実際にこの研修会を通して、シグナル伝達の数理解析に関する多くの共同研究が開始されると共に、異分野研究者間の相互理解が深化し、大きな成果を上げた。

・ 若手研究者の育成に関する取組

本領域の目標は、異分野連携のシナジーを原動力とする飛躍的な研究の推進であるが、加えて、人材育成をもう一つの目標にして、積極的に若手育成活動を行ってきた。本領域では、数理解析と生命科学系研究者の共同研究による on the job training を通じて、高度な専門性と広い視野を持つ若手研究者を育成することを目標に、総括班が中心となって以下の施策を実行した。

①若手研究交流会（ポスター発表会と自由討論）（毎年 2 回実施）：

班員の研究室に所属する若手研究者や大学院生が face to face で交流し、討論する場として、領域推進会議や領域主催公開シンポジウムなど、班員が参加するイベントの際には、同時に必ず若手研究交流会（ポスター発表会と自由討論）を開催した。交流会では、領域内の各研究室から、若手研究者・大学院生を発表者とするポスター演題を必ず



第 3 回若手研究交流会の様子

1 題（毎回 30 題程度）ずつ出して頂き、科学的議論と交流の場を提供した。

②若手ワークショップ（毎年1回開催）：

班員の研究室に所属する若手研究者（若手助教/ポスドク/大学院生等）を対象に、2泊3日の合宿形式で若手ワークショップを開催し、領域内の若手研究者に



2017年度若手ワークショップ集合写真（静岡県修善寺）

対して異分野学術交流・人脈形成と学習の場を提供した。本ワークショップでは、毎回、約45名の参加者全員に口頭発表を課すと共に、優秀発表賞や討論賞などを設けて若手の奨励も行った（参加者自身の投票によりフェアに選出）。更に、領域外から数理生物学を専門とするトップ研究者（阪大岡田教授、京大望月教授、九大三浦教授等）を招いて特別講演・講義をして頂くと共に、領域内の計画班員が、数理解析、バイオインフォマティクス、オミクス解析等に関するテクニカル・レクチャーも行って、領域全体のボトムアップと、次代の研究リーダーとなる人材の育成を図った。当日の会議運営も領域の若手研究者が研究室や研究分野の垣根を越えてワーキンググループを立ち上げ、自ら行った。

③数理解析 study グループ研修会：

特に連携支援が必要と考えられる数理科学と生物系研究者の共同研究を強力に推進する為、鈴木のおよび鈴木研の若手数理科学者



数理解析 study グループ研修会（大阪大学）

及び鈴木研の若手数理科学者/大学院生と直接議論し、共同して数理解析を行う2泊3日の合同研究会を定期的実施した。具体的には、まず生命系研究者が自身の研究課題を参加者全員に説明し（一回に3-4課題程度）、その後、課題毎に小グループに分かれ、数理系/生命系研究者が共同して数理モデル構築およびシミュレーションを行い、最終日にその成果を全員の前で発表し合うとい

う進行で研修会を開催した。この数理解学者と生物系研究者が一堂に会して、共同作業を行う合宿形式の研修会は、領域全体の共同研究の推進のみならず、若手研究者の育成にも極めて有効であり、実際にこの研修会に参加した生物系若手研究者の多くが、自身で数理モデルを構築し、シミュレーションを実践できるスキルを習得した。また、参加した若手研究者が自身の研究室に戻り、数理解析に関する知識・技能を周囲の若手に広めることで、領域内のみならず領域外にも波及効果が得られた。このシステムは、数理解学と生物学の融合を推進する上で、現時点で最も効果的な方法であると考えられる。本研修会のニーズは高く、領域内で生物系若手研究者・大学院生が順番待ちとなる程の活況を呈した。

④論文紹介・討論 Web サイト、および技術相談窓口の設置と若手研究者育成への活用：
領域 Web サイトに、班員及び領域の若手研究者が恒常的に議論する場として論文紹介・討論サイトを設置した。また総括班では6つの共同研究相談窓口（数理解析相談/システム生物学相談/質量分析相談/プロテインアレイ解析相談/構造解析相談/生理活性化合物相談）を設置し、相談専用メールアドレスを設けた。この窓口は領域内の若手研究者や大学院生からの相談も受け付けており、若手の育成においても有効に機能した。

上記施策により異分野連携が活発化して多くの領域内共同研究が実施され、その総数は104件（計画班同士：48件、計画班-公募班：42件、公募班同士：14件）に上った。またその結果、*Nat Commun* 2016, 2018; *Nat Chem Biol* 2020; *Sci Signal* 2020; *iScience* 2018, 2021; *J Ther Biol* 2019; *JBC* 2018, 2019; *PLoS Pathog* 2017; *Biomolecules* 2020; *BBRC* 2019; *Biomedicines* 2020; *Front Immunol* 2020, *eLife* 2020, *Cell Rep* 2019, 2021を始め、多くの共著論文が発表された。また、若手研究者育成活動により、重要でありながら連携の難しい融合科学分野の一つである数理生物学を持続的に発展させていく人材を、数理解学、生命科学双方から育成することに貢献した。

（2）国際活動支援班

本領域では、世界的に評価の高い数理解生物学研究機関である米国ヴァンダービルト大学（Quaranta 教授）、英国セントアンドリュース大学（Chaplain 教授）、仏国 INRIA ボルドー南西研究センター（Colin 教授）グループとの4カ国交流を中心に、国際的な研究・人材交流を推進してきた。これらの機関は、数学的理論解析アプローチに関する組織体制が整備された先導的機関であり、我が国が参考とすべき研究施設である。国際活動支援班では、これら米仏英3カ国の研究機関との間で、国際共同研究や人材交流を積極的に推進し、さらに連携を深化させる体制を構築した。この連携は当該分野で世界最高レベルのものであり、長期

的な国際協働体制を構築して、国内外で成果を発信し、研究者コミュニティを先導している。研究面では特に、シグナル伝達の数理モデルとシミュレーション、およびその生命科学・医科学分野での応用、統計学的実験検証などの面で国際共同研究を実施し、本領域全体の研究活動の一層の発展と、国際的人材育成にも活用した。さらに、これら3か国の研究機関に加えて、中国、韓国を含むアジア諸国と、長年に渡る共同研究の実績がある鈴木を中心に、本領域が共催するワークショップの開催、研究会や学会の運営、留学生の受け入れ、ポスドクの雇用、若手研究者の短期/中期滞在を通じた人的交流を重ねてきた。具体的には、①INRIA ボルドー南西研究センター、英国セントアンドリュース大学、米国ヴァンダービルト大学において、4か国の研究拠点から、中核となる研究者および若手研究者が集結し、2日間の合同セミナーを毎年開催して、研究報告と討論を行った。

②米国、欧州、アジア（中国、韓国）から第一線の研究者を日本に招聘し、東京大学医科学研究所で2日間に渡る領域主催の国際シンポジウム“1st International symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks”を開催した（2019年2月）。



第1回領域国際シンポジウム（2019年 東京）

③セントアンドリュース大学およびヴァンダービルト大学に若手研究者を派遣し、数理モデリングと数値シミュレーションの共同研究を実施した（2017-2019年）。

④新学術領域「ネオウイルス学」との共催で、中国科学院・微生物研究所/生物物理研究所の研究者と合同ワークショップを2回開催した（2017年@北京；2018年@東京）。



中国科学院でのワークショップ（2017年 北京）

⑤Cold Spring Harbor-Asiaカンファレンス、EMBOカンファレンス、International Congress of HTLV、

EMT international association meeting、15th International Symposium of the Institute network for Biomedical Science、米国癌学会などに領域研究者や若手研究者を毎年派遣し、最新の研究動向について情報収集すると共に、共同研究について討論を行った。

⑥米国ヴァンダービルト大学、仏国ボルドー大学から研究者を招聘し、阪大および東大でセミナーを開催するとともに腫瘍数学に関する共同研究を実施した（2018年度）。

⑦2020年度は、COVID19の世界的な流行により国際的な往来が不可能となったため、ZOOMを用いたオンライン会議を計画し、10月26-28日にかけて、3日間に渡る国際会議“Fusion of Mathematics and Biology”を開催した。本領域の班員はもとより、米国、ヨーロッパ（イギリス、フランス、イタリア）、アジア（韓国、インドネシア）からも、生物・医学系の数理解析・情報解析研究を実践している第一線の研究者に参加して頂き、最新の研究成果を共有するとともに、意見交換・交流を行った。

これらの活動により、日米英仏の4カ国を中心に、本領域の研究者（若手を含む）と海外の第一線の研究者との学術・人材交流が積極的に行われ、各国の先進的研究機関との共同研究や国際交流が進展した。

（3）当該学問分野及び関連学問分野への貢献

本領域では、応募時に「既存の学問分野の枠に収まらない新興・融合領域の創成を目指すもの」を選択し、数理・情報科学者と生命科学研究者が有機的に連携して「実験」と「理論」を融合させることにより、シグナル伝達の制御機構と疾患発症機構を解明し、更に得られた成果を基に、疾病に対する新たな診断・治療法の開発や創薬へ応用・発展させることを目標に研究を遂行した。また、細胞応答を予測し、生命機能制御や疾患治療の鍵となる重要分子を抽出する新たな生命機能解析技術・理論を確立することも目指した。

上記目的を達成するために総括班が組織した、異分野連携体制が効果的に機能すると共に、領域が所有する様々な技術

数理解析/生命科学-融合研究の状況

生命現象の数理解析 93課題を共同研究で実施

シグナル伝達機構の数理解析

非古典的NF- κ Bシグナル振動現象の数理解析(井上・鈴木)
 JNK経路アナログ-デジタル変換の数理解析(武川・鈴木)
 Hippo-YAPシグナルの数理解析(仁科・鈴木)
 ErbB-RAS-MAPKネットワークの数理解析(佐甲)
 PI3Kシグナルと幹細胞動態の階層の数理解析(難波)
 PHL1-ErbBシグナル不活性化機構の数理解析(岩本)
 GPCRシグナル伝達分子群の濃度変化の数理解析(上田)
 NFATシグナル減衰振動パターンの数理解析(南・鈴木)
 mTORC1シグナルの数理解析(岡田・鈴木)

細胞運動・細胞形態変化の数理解析

血管新生における走化性の数理解析(澤井・鈴木)
 細胞マルチポラリティ形成の数理解析(中村・鈴木)
 細胞膜プレブ形成・退縮機構の数理解析(池ノ内)
 アメーバのかたちを決めるメカノシグナル伝達(岩槻)
 PLKと中心体複製制御機構の数理解析(武川・鈴木)
 EGFR含有エンドソーム輸送の数理解析(花房・武川・鈴木)

細胞運命決定・免疫応答の数理解析

神経細胞分化と遺伝子発現の数理解析(久保田)
 細胞の生/死決定機構の数理解析(藤田・鈴木)
 細胞システム動態の分岐解析(田中)
 mRNA分解による概日リズム制御の数理解析(高橋)
 B細胞分化誘導の数理解析(篠原)
 上皮間葉転換(EMT)とMETの数理解析(井上・鈴木)
 T細胞特異的CBM複合体経路の数理解析(徳永・鈴木)
 好中球走化性の数理解析の数理解析(徳永・鈴木)
 多細胞環境での細胞死制御の数理解析(武川・鈴木)

疾患の数理解析

インスリン-AKT経路と糖尿病の数理解析(久保田・松本)
 肥満とグルコース代謝異常の数理解析(久保田・松本)
 がん細胞の遺伝子変異不均一性の数理解析(岩本)
 肺癌細胞の抗がん剤耐性機構の数理解析(伊東・鈴木)
 神経-筋接合部形成機構の数理解析(山梨・鈴木)
 肝がん発症機構の数理解析とその制御法の予測(鈴木)

基盤を班員間で広く共有した結果、5年間で104件もの共同研究が稼働した。特に本領域独自の試みとして実施した「数理解析 study グループ研修会」は極めて有効に機能し、計画班のみならず公募班も含めて数理-生命科学者間の異分野連携と相互理解が飛躍的に進歩した。実際に数理生物学分野の成果として、「細胞走化性パラドクス」の数理解析、肝癌発症機構の数理解析、腫瘍血管新生と細胞浸潤のシミュレーション、肺癌薬剤抵抗性獲得機構の数理解析、個体レベルでのインスリン作用の数理解析、肥満/糖尿病の数理解析、p38/JNK 経路と MKK 時空間動態の数理解析、ERK と神経筋接合部形成の数理解析、リン酸化による古典的 NF- κ B 経路減衰振動モデル、非古典的 NF- κ B 経路、T 細胞特異的 CBM 複合体シグナル、中心体複製シグナル、Hippo 経路、NFAT 経路、エンドソームと LARK 経路、mTOR 経路を始め、多彩なシグナル伝達経路や生命現象、更には癌や糖尿病などの疾患に関する世界初の数理解析モデルが多数構築された。また、数理解析から新たな制御を解明することにも成功するなど、数理生物学領域を先導するインパクトの高い成果が多数得られた。実際に本領域が企画した、数理生物学に関するシンポジウムは、日本癌学会、生化学会、分子生物学会、応用数理解析学会などで頻繁に採択（12回開催）されている。またこの他にも、計画班員は国内外の学術会議で多くの招待講演を行っていることから、本領域の成果は、当該学術分野及び関連分野において国の内外を問わず高く評価されていると思われる。

また、新たなシグナル伝達機構と疾患発症機構の解明においても多くの重要な成果が得られた。特に、新規ヒト酸化ストレス・センサー分子の同定と炎症・感染免疫における機能の解明（武川）、OPTN 遺伝子変異による筋萎縮性側索硬化症発症機構の解明（徳永）、サリドマイドの催奇形性誘導メカニズムと副作用の少ない薬剤開発法の同定（澤崎）、世界初の植物におけるチロシンキナーゼの同定とその意義の解明（澤崎）などは、マスメディアを通して広く社会に報道された。この他、ストレス応答のアナログ-デジタル変換機構、癌における ERK-AKT 経路間クロストーク、T 細胞白血病ウイルス病因因子 (TAX) による発癌機構、自然免疫センサー DDX41 の構造-機能連関、MIB2 による家族性円柱種症発症機構、インスリン分泌異常による糖尿病発症機構の解明など、未知の生命現象や疾患の本質的理解に繋がる多くの成果が得られている。加えて応用研究・薬剤開発の面でも、新型コロナウイルス治療薬候補フサンの同定と臨床試験の実施（井上：記者会見し報道多数）を始め、CYLD 阻害剤の同定（徳永/澤崎）、LUBAC 阻害剤の同定と B 細胞リンパ腫および乾癬に対する効果の解析（徳永）、腫瘍関連分子の同定と癌診断・治療への応用（武川：特許出願）など、学術的価値のみならず、社会的なインパクトを有する多くの成果が得られた。

生命機能解析理論・技術の確立に関しては、新たな数理理論として、生体反応時空間動態の演繹的モデリング法、生体応答パラメータ解析技術、ハイブリッドシミュレーションによ

る組織レベルでの生命現象解析法、トランスクリプトームとプロテオームを繋ぐ情報解析技術、キナーゼ-基質間ネットワークを視覚化し同定する情報解析技術の開発など、数理・情報科学分野を先導する多くの成果が得られた。更に、新たな技術開発として、O-GlcNAc 修飾蛋白質の定量的検出法、細胞内 pH センサー化合物、光依存的にアクチン繊維を崩壊させる化合物、新規ゲノム編集ツール、ヒト脱ユビキチン化酵素アレイ、新規近接依存性ビオチン化酵素 AirID、モノクローナル抗体評価システム CF-PA²Vtech、新規エピトープタグの開発など、汎用性の高い技術的成果が多数得られており、計画班員分のみで 11 件の知財を確保した（出願中含む）。これらの成果は多数の論文となって既に公開されており、国内外の当該学問分野や関連分野に与えたインパクトは極めて大きいと考えられる。