

令和 5 年 6 月 13 日現在

機関番号：72602

研究種目：新学術領域研究（研究領域提案型）

研究期間：2018～2022

課題番号：18H05531

研究課題名（和文）核内RNAボディによるクロマチン制御機構の解明

研究課題名（英文）Elucidation of chromatin regulation by nuclear RNA bodies

研究代表者

斉藤 典子（SAITOH, Noriko）

公益財団法人がん研究会・がん研究所 がん生物部・部長

研究者番号：40398235

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 99,500,000円

研究成果の概要（和文）：細胞核内にはノンコーディングRNAが「種」となって形成されるRNAボディが多数存在する。本研究では、ホルモン依存性乳がん細胞の核内で形成されるエレノアRNAクラウドと、核内最大のRNAボディである核小体の分子メカニズムを明らかにした。特に、エレノアノンコーディングRNA群がメガベース単位のクロマチンドメインであるTAD内の転写を制御し、また、長距離クロマチン相互作用を介在して、増殖とアポトーシスの平衡を保っていることなどを解明した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

ゲノムDNA中、タンパク質をコードするのは2%以下で、mRNAは2万程度にとどまる。その一方、ゲノムのほとんどの領域が転写され、細胞内に存在するノンコーディングRNAは10万にもものぼると見積もられている。その多くは発生、分化段階、あるいは疾患特異的に発現し、核内でクロマチンに結合して遺伝子の転写制御に関わる。本研究は未解明なことが多いゲノムのノンコーディング領域の潜在的な重要性の解明に迫り、高次クロマチン構造の制御、さらに乳がんにおける意義を明らかにした。

研究成果の概要（英文）：In the cell nucleus, many RNA bodies are formed based on non-coding RNAs that act as "seeds." This study revealed the molecular mechanisms of the ELEANOR RNA cloud formed in the nucleus of hormone-dependent breast cancer cells. It also focused on the nucleolus which is the largest nuclear RNA body. Specifically, we have elucidated that, in breast cancer, the ELEANOR non-coding RNAs regulate transcription of multiple genes within the ELEANOR-TAD (topologically associated domains) that is a mega base-scale chromatin domain. ELEANOR also mediates long-range chromatin interactions to equilibrate between cancer cell proliferation and apoptosis.

研究分野：分子細胞生物学、腫瘍医学

キーワード：RNA ボディ

様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

細胞核内には核小体、核スペックル、パラスペックルなど様々な核内構造体が存在する。これらは、ゲノム DNA 中のノンコーディング領域から転写される RNA を「種」とする RNA ボディで、転写の場を反映していると考えられる。本研究では RNA ボディはクロマチンが潜在的にもつ転写調節の機序のひとつと捉え、その形成と機序の解明に取り組んだ。研究開始当初、RNA ボディは、天然変性領域を持つ RNA 結合タンパク質が密集し、物性変化に起因した液相分離が引き起こされて核質と明確に分離し、形成される、ということが分かりつつあった。研究代表者の齊藤は、再発乳がんモデル細胞 (LTED, long term estrogen deprivation) の核内で遺伝子の活性化に関わる新たな RNA ボディであるエレノア RNA クラウドを検出していたが (Tomita et al, *Nat Commun*, 2015)、その分子機序は不明であった。

また別の RNA ボディである核小体は、核内最大のボディで、リボソームの生合成、リボソーム DNA (rDNA) の転写、リボソーム RNA (rRNA) のプロセッシング、リボソームタンパク質と rRNA のアセンブリーの場であることがわかってきた。しかしその形成分子機序の詳細は不明であった。齊藤は、機械学習を用いた画像解析システムである wndchrn を生物画像群に適用して、形態の類似度から機能を推定することを可能にしており、核小体の形態と機能の関連を解明する準備ができていた (Tokunaga et al, *Sci Rep*, 2014)。

さらに、細胞種特異的に転写される遺伝子に着目してみると、常に RNA ポリメラーゼ II により転写され続けている訳ではなく、連続的に mRNA が合成される転写活性化状態と、ほとんど合成されない転写不活性化状態が動的に変化することが明らかとなってきた。本現象は転写バーストと呼ばれる。しかし、この転写動態がどのようなクロマチン因子によって制御されているかは不明であった。

2. 研究の目的

本研究では、クロマチンの潜在能力で転写制御に関わる RNA ボディの機序を解明することを目的とした。一つ目は、ER 陽性乳がん特異的に形成される RNA ボディ、エレノア RNA クラウドである。もう一つは、細胞に普遍的に形成されるが、発生分化、疾患の過程で顕著に形態が変化する RNA ボディの核小体である。具体的な研究項目は、以下の3点である。(1) ノンコーディング RNA が形成するエレノア RNA ボディの機能解析、(2) 核小体の形成と機能機序の解明、(3) 転写動態の制御機序解明。

3. 研究の方法

(1) ノンコーディング RNA が形成するエレノア RNA クラウドの機能解析 (齊藤)

- ① 大川 (木村計画研究)、平谷 (眞貝計画研究) とともに C-テクノロジーを用いて、LTED 細胞における高次クロマチン構造を解明し、エレノア RNA がいかに関わるかを明らかにした。
- ② 胡桃坂計画研究とともに、エレノア RNA がヌクレオソームを不安定化し、クロマチンを弛緩させて転写を活性化する機序を解明した。
- ③ 生体内での意義をより正確に理解するために、乳がん患者由来検体におけるエレノア RNA クラウドの解析を行った。

(2) 核小体の形成と機能機序の解析 (齊藤)

① 核小体の形態維持に必要なタンパク質を同定するために、siRNA ライブラリーと機械学習画像解析システム wndchrn を用いたハイコンテンツ画像解析と、形態の分類を行った。

② 伊藤 (木村計画研究)、原口 (山縣計画研究)、落合分担研究者とともに、一分子顕微鏡解析、電子顕微鏡解析、FISH 解析などを行い、リボソームタンパク質 RPL5 をノックダウンした細胞内の核小体のダイナミクス及び形態の詳細解析を行った。

③ DNA-FISH や粗視化分子動力学シミュレーションを行い、リボソームタンパク質 RPL5 が核小体タンパク質 NPM1 の液-液相分離を促進し、ゲノム中に散在してコードされる rDNA アレイをまとめる (bundle) ことを

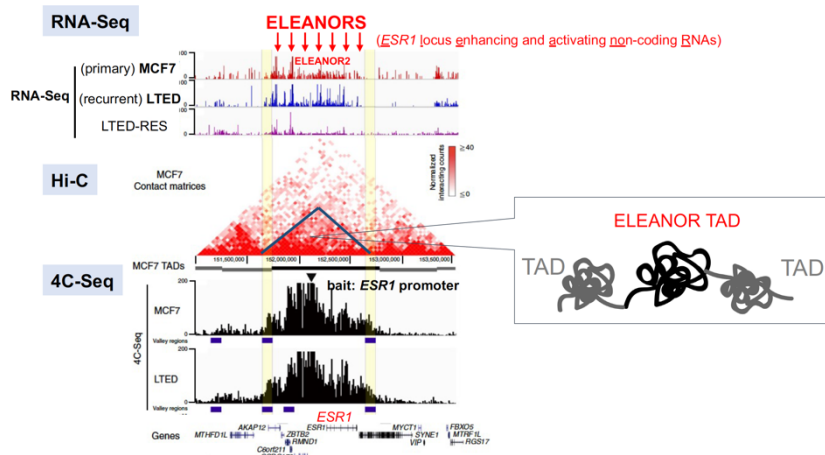


図1 : C-テクノロジー (Hi-C, 4C-Seq ほか) により、エレノアノンコーディング RNA 群 (ELEANORS) の転写が TAD を規定していることがわかった。Abdalla et al, *Nature Commun*, 2019 を改変。

モデル化した。

(3) 転写動態の制御機序解明 (落合)

- ① 1細胞 RNA-seq 解析および CRISPR ライブラリスクリーニングによってマウス胚性幹細胞における転写動態制御機構をゲノムワイドに解析し、転写伸長因子の gene body 局在やプロモーター領域でのポリコム抑制複合体 II の局在が転写動態制御に関与することを見出した。
- ② 特定内在遺伝子の転写開始点近傍の細胞核内局在と転写活性状態を定量可能な技術 (STREAMING-tag システム) を確立し、転写制御因子と同時に生細胞イメージングすることを可能にした。

4. 研究成果

(1) ノンコーディング RNA が形成するエレノア RNA クラウドの機能解析 (齊藤)

ヒト ER 陽性再発乳がん細胞核内では長鎖ノンコーディング RNA 群エレノアが、核内で凝集体/液滴であるエレノア RNA クラウドを形成し、ER をコードする *ESR1* 遺伝子の転写を活性化する。

本研究では、大川 (木村計画研究)、平谷 (眞貝計画研究) と共同し、エレノアに関わる高次クロマチン構造の解析を行った。LTED 細胞の 4C-Seq、Hi-C 解析より、エレノア RNA 群の転写領域が、*ESR1* 遺伝子を含む 0.7 Mb のトポロジカル相互作用ドメイン (TAD) にほぼ相当していることがわかった。エレノアをロックダウンすると、*ESR1* のみならず、エレノア TAD 内の他の 3 遺伝子の転写も全て低下した。一方で、エレノア TAD 外の遺伝子の転写には影響がなかった。したがって、エレノアがクロマチンドメイン単位の転写の制御を行うメカニズムを担うことを提唱した (図 1、Abdalla MOA, *Saitoh N et al, *Nature Commun*, 2019)。

さらに、4C-Seq、3C-qPCR、HiC 解析から、エレノアが 42.9Mb も離れた *ESR1* と *FOXO3* 遺伝子間をつないで協調的に転写活性とし、細胞増殖 (*ESR1*) とアポトーシス (*FOXO3*) の平衡を保つことを明らかにした。エレノアはエストロゲン及びエストロゲン様の化合物であるレスベラトロールなどで阻害される (Yamamoto et al, *Sci Rep*, 2018)。これらの化合物を LTED 細胞に投与すると、エレノアによる増殖とアポトーシスのバランスが崩れ、*ESR1* の転写が抑制され、その一方で *FOXO3* は転写活性が維持されるため、総和としてアポトーシスが惹起される (図 2)。これは、再発乳がん患者にエストロゲンを投与することで寛解する、“エストロゲン療法”の背景にあるメカニズムを説明するものと考えられる。古くから知られているものの、逆説的で敬遠されることもあった治療法であるが、本研究は根拠となりうる分子メカニズムを提供した。

また胡桃坂研究計画研究と共同して、エレノアがヌクレオソームを不安定化することを示した。それにより転写が活性化すると考えられる (図 3、Fujita R et al, *Commun Biol*, 2021)。

さらに乳がん患者の組織解析の結果、エレノアが晩期再発に関連することも見出した (Fukuoka M, Saitoh N et al, *Cancer Sci*, 2022)。晩期再発の主なメカニズムは、手術の時点で既に体内に播種していたがん細胞が、「長期休眠」に陥り体内に長い間潜伏することだと考えら

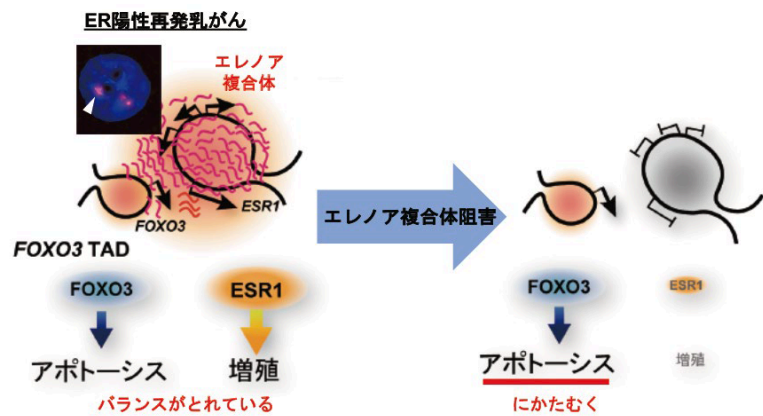


図 2 : エレノアは *ESR1* と *FOXO3* の長距離遺伝子間相互作用を介在して、がんの増殖とアポトーシスの平衡を保つ

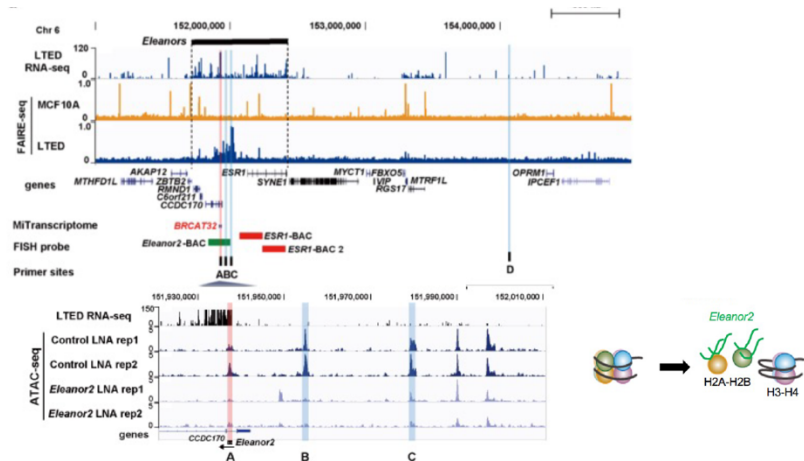


図 3 : エレノア転写部位のクロマチンは転写因子などがアクセスしやすい“オープン”構造であり、これはノンコーディング RNA にヌクレオソームを不安定化する性質があるからとわかった。Fujita et al, *Commun Biol*, 2020 を改変。

れている。この長期休眠のメカニズムの一つとして、がんの増殖とアポトーシスの平衡が提唱されており、前述のとおり、エレノアが関わっていると考えられる。

(2) 核小体の形成と機能機序の解析 (齊藤)

核小体はリボソームの生合成の場であり、リボソームがタンパク質の翻訳に機能することから、核小体は細胞のエネルギー代謝に深く関わると考えられた。さらに、細胞周期、細胞ストレス応答などに関わる事が知られていた。そこで本研究ではこれらに携わる745の細胞核や代謝に関連するタンパク質を標的とするsiRNAライブラリーを構築し、HeLa細胞に適用して、核小体の形態に影響を及ぼすものを検索した。その結果、16のsiRNAを見出した(図4)。siRNAスクリーニングの過程で得られた画像ビッグデータを、機械学習アルゴリズムであるwndchrmに適用して、画像の定量解析を行った。その結果、特定のリボソームタンパク質群が核小体の構造維持に必要であることがわかった(図5、Matsumori H, Ito Y, Haraguchi T, Saitoh N et al, *Life Science Alliance*, 2022)。

その中で最も興味深いと思われたRPL5のノックダウン細胞に焦点を絞り、まず、原口(山縣計画研究)とともに電子顕微鏡観察を行った。その結果、核小体の3層構造自身は保持されているものの、最外層のGC(granular compartment)の密度が低く、円形性が失われているなど、GCにおける液-液相分離が不全である可能性が示唆された(図6)。

さらに伊藤(木村計画研究)とともに、一分子顕微鏡解析を行い、GCの構成因子であるNPM1の動態を計測したところ、RPL5のノックダウンによりGCの粘性が低下することがわかった。

この観測は、広島大学栗津との共同研究による分子動力学シミュレーションからも支持された。

DNA-FISHの結果、本来核小体内で結束されるべきrDNA配列アレイが、RPL5ノックダウン細胞では散在し、さらにrRNAの転写とプロセッシング効率が低下していることがわかった(図6)。これらのこと

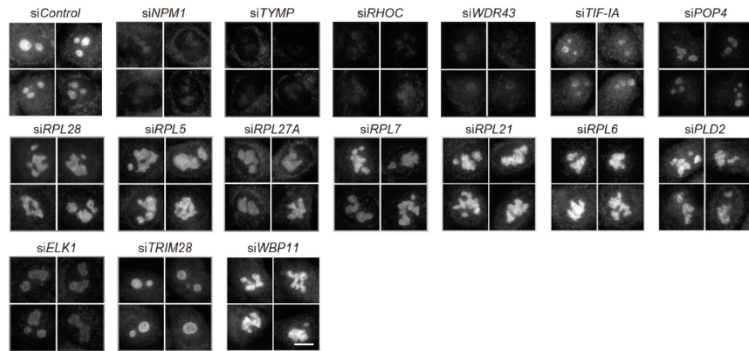


図4: siRNAライブラリーを用いた核小体の形態に関わる因子のスクリーニングにより、16のタンパク質を見出した。

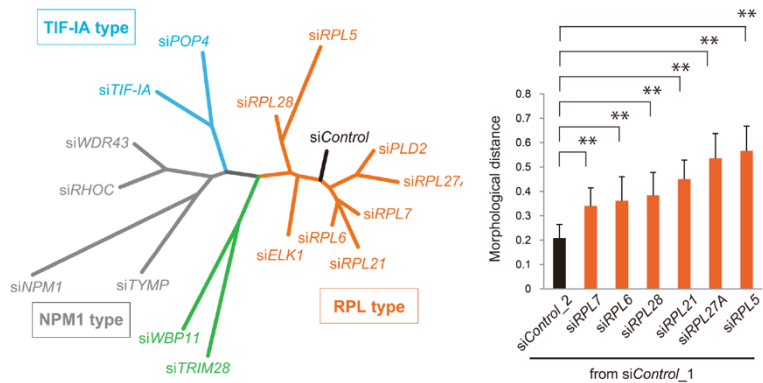


図5: siRNAライブラリースクリーニングにより得られた画像ビッグデータを、機械学習画像解析アルゴリズムwndchrmで分類したところ、RPL5を含む一群のリボソームタンパク質のノックダウンが類似した形態変化をもたらすことを見出した。Matsumori et al, *Life Sci Alliance* 2022を改変。

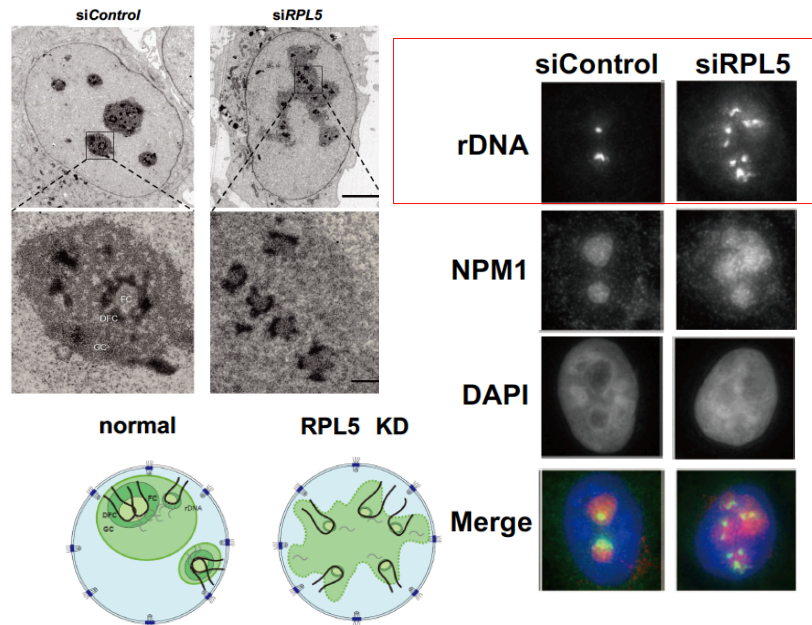


図6: RPL5ノックダウン細胞の核小体の電子顕微鏡画像(左上)。RPL5ノックダウンでは、rDNAが散在していた(右)。核小体ではRPL5による液相分離の促進により、異なる染色体に散在するrDNAアレイが結束されている可能性を提唱した。Matsumori et al, *Life Sci Alliance* 2022を改変。

から、核小体ではRPL5がNPM1の液相分離を促進し、それにより形態とrRNAの転写やプロセッシングなどの機能が発揮されていると提唱した。

(3) 転写動態の制御機序解明 (落合)

木村計画研究、大川(木村計画研究)とともに、マウス胚性幹細胞を用いて、1細胞RNA-seq解析およびCRISPRライブラリスクリーニングを行い、転写伸長因子のgene body局在やプロモーター領域でのポリコム抑制複合体IIの局在が転写動態を制御し得ることを見出した(*Ochiai et al., *Sci Adv*, 2020)。一方で、これらの特徴がすべての遺伝子に当てはまる訳でもなく、基本的に個々の遺伝子ごとに転写動態制御機構が異なることが示唆された。本研究では、ゲノム編集を得意とする落合が複数のノックイン細胞を作成し、その細胞を領域内メンバーがオミクス解析するなど、それぞれの強みを活かして推進した。

上記の研究から個々の遺伝子ごとに転写動態制御機構を解析することが重要と考えられた。特定遺伝子の転写動態を定量する技術を利用して、特定遺伝子が転写活性化している際に、RNAポリメラーゼIIや転写補因子BRD4などが遺伝子の近傍に集積することがわかった(Li, Ochiai et al, *Cell*, 2019; Li, Ochiai et al, *Nat Struct Mol Biol*, 2020)。

しかし、転写不活性化状態でこれら因子の動態は不明であった。そこで、特定内在遺伝子の転写開始点近傍の細胞核内局在と転写活性化状態を定量可能な技術(STREAMING-tag システム)を確立し、木村計画研究とともに、転写制御因子と同時に生細胞イメージングすることを可能にした(Ohishi, *Ochiai et al, *Nat Commun*, 2022)。これを利用して、特定内在遺伝子の転写活性化状態依存的にRNAポリメラーゼIIおよびBRD4が集積すること、一方補因子メディエーターは転写状態に関係なく集積することを見出した。また、木村計画研究が作製したRNAポリメラーゼIIのリン酸化状態のレポーター(mintbody)を利用した。その結果、転写活性化状態の遺伝子は、転写開始に関連したRNAポリメラーゼII(S5)リン酸化修飾が、転写伸長に関連したRNAポリメラーゼII(S2)リン酸化修飾に比べてより近くに存在することが明らかとなった。これは、STREAMING-tagシステムが転写開始点近傍の転写状態を定量していることを裏付けており、本システムの有用性を明確に示すことができた。

これらのことから、様々なクロマチン制御因子の動的な集積によって、転写動態が制御されていることを見出した。

〈引用文献〉*: 責任著者

1. Fukuoka, M., *Saitoh, N. et al. The ELEANOR non-coding RNA expression contributes to cancer dormancy and predicts late recurrence of ER-positive breast cancer. *Cancer Science*, 113, 2336-2351, 2022.
2. Matsumori, H., *Saitoh, N. et al. Ribosomal protein L5 facilitates rDNA-bundled condensate and nucleolar assembly. *Life Science Alliance*, 5 (7), e202101045, 2022.
3. Ohishi H, *Kimura H, *Ochiai H. et al. STREAMING-tag system reveals spatiotemporal relationships between transcriptional regulatory factors and transcriptional activity. *Nat Commun* 13, 7672, 2022.
4. *Ochiai, H. et al. Genome-wide analysis of kinetic properties of transcriptional bursting in mammalian cells. *Science Advances*, 6, eaaz6699, 2020.
5. Fujita, R., *Saitoh, N. et al. Nucleosome destabilization by nuclear non-coding RNAs. *Commun. Biol.*, 3, 60, 2020.
6. Li J, Ochiai H, et al. Single-gene imaging links genome topology, promoter-enhancer communication and transcription control. *Nat Struct Mol Biol* 27, 1032-1040, 2020.
7. Abdalla, M.O.A., *Saitoh, N. et al. The Eleanor ncRNAs activate the topological domain of the ESR1 locus to balance against apoptosis. *Nat. Commun*, 10: Article No. 3778, 2019.
8. Li J, Ochiai H. et al. Pertsinidis A. Single-Molecule Nanoscopy Elucidates RNA Polymerase II Transcription at Single Genes in Live Cells. *Cell* 178, 491-506, 2019.
9. Yamamoto, T., *Saitoh, N. et al. Endocrine therapy-resistant breast cancer model cells are inhibited by soybean glyceollin I through Eleanor non-coding RNA. *Sci. Rep.*, 8:15202, 2018.

〈参考リンク〉

-大豆グリセオリン I が再発乳がんモデル細胞の増殖を抑える - エストロゲン療法に関わる新たなメカニズムを解明 - <https://www.jfcr.or.jp/laboratory/news/5773.html>

-ゲノム DNA の立体構造から見た乳がん細胞の弱点 - 再発乳がんの治療に新たな道 - <https://www.jfcr.or.jp/laboratory/news/6833.html>

-ゲノム DNA の構造をこわれやすくして遺伝子の転写を制御するしくみを解明 <https://www.jfcr.or.jp/laboratory/news/7247.html>

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計26件（うち査読付論文 26件／うち国際共著 8件／うちオープンアクセス 19件）

1. 著者名 Suzuki, H., Abe, R., Shimada, M., Hirose, T., Hirose, H., Noguchi, K., Ike, Y., Yasui, N., Furugori, K., Yamaguchi, Y., Toyoda, A., Suzuki, Y., Yamamoto, T., Saitoh, N., Sato, S., Tomomori-Sato, C., Conaway, R., Conaway, J., Takahashi, H.	4. 巻 13(1)
2. 論文標題 The 3 Pol II pausing at replication-dependent histone genes is regulated by Mediator through Cajal bodies' association with histone locus bodies.	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Nature Commun	6. 最初と最後の頁 2905
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-022-30632-w.	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 該当する
1. 著者名 Smallwood, K., Saitoh, N., Weaver, K. N., et al.	4. 巻 110(5)
2. 論文標題 POLR1A variants underlie phenotypic heterogeneity in neural, craniofacial, and cardiac anomalies	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 The American Journal of Human Genetics	6. 最初と最後の頁 1_17
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ajhg.2023.03.014	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 該当する
1. 著者名 Sundararajan, S., Park, H., Kawano, S., Johansson, M., Lama, B., Saito-Fujita, T., Saitoh, N., Arnaoutov, A., Dasso, M., Wang, Z., Keifenheim, D., Clarke D.J., Azuma, Y.	4. 巻 26(5)
2. 論文標題 Methylated histones on mitotic chromosomes promote Topoisomerase II function for high-fidelity chromosome segregation	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 iScience	6. 最初と最後の頁 106743
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.isci.2023.106743	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 該当する
1. 著者名 Wakao, S., Saitoh, N., Awazu, A.	4. 巻 20(2)
2. 論文標題 Mathematical model of structural changes in nuclear speckle.	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Biophysics and Physicobiology	6. 最初と最後の頁 e200020
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2142/biophysico.bppb-v20.0020	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Ohishi, H., Shimada, S., Uchino, S., Li, J., Sato, Y., Shintani, M., Owada, H., Ohkawa, Y., Pertsinidis, A., Yamamoto, T., *Kimura, H., *Ochiai, H	4. 巻 13
2. 論文標題 STREAMING-tag system reveals spatiotemporal relationships between transcriptional regulatory factors and transcriptional activity	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 7672
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-022-35286-2	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Fukuoka, M., Ichikawa, Y., Osako, T., Fujita, T., Baba, S., Takeuchi, K., Tsunoda, N., Ebata, T., Ueno, T., Ohno, S., *Saitoh, N.	4. 巻 113(7)
2. 論文標題 The ELEANOR non-coding RNA expression contributes to cancer dormancy and predicts late recurrence of ER-positive breast cancer	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Cancer Science	6. 最初と最後の頁 2336-2351
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/cas.15373	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Matsumori, H., Watanabe, K., Tachiwana, H., Fujita, T., Ito Y., Tokunaga, M., Sakata-Sogawa, K., Osakada, H., Haraguchi, T., Awazu, A., Ochiai, H., Sakata, S., Ochiai, K., Toki, T., Ito, Et., Goldberg I., Tokunaga, K., *Nakao, M., *Saitoh, N.	4. 巻 5 (7)
2. 論文標題 Ribosomal protein L5 facilitates rDNA-bundled condensate and nucleolar assembly	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Life Science Alliance	6. 最初と最後の頁 e202101045
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.26508/lsa.202101045	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Maehara, K., Tomimatsu, K., Harada, A., Tanaka, K., Sato, S., Fukuoka, M., Okada, S., Handa, T., Kurumizaka, H., Saitoh, N., Kimura, H., *Ohkawa, Y.	4. 巻 17(11)
2. 論文標題 Modeling population size independent tissue epigenomes by ChIL-seq with single thin sections.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Molecular Systems Biology	6. 最初と最後の頁 e10323
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.15252/msb.202110323	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Jibiki, K., Kodama, T., Suenaga, A., Kawase, Y., Shibasaki, N., Nomoto, S., Nagasawa, S., Nagashima, M., Shimodan, S., Kikuchi, R., Okayasu, M., Takashita, R., Mehmood, R., Saitoh, N., Yoneda, Y., Akagi, K., *Yasuhara, N.	4. 巻 26 (12)
2. 論文標題 Importin 2 association with chromatin: Direct DNA binding via a novel DNA-binding domain	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Genes to Cells,	6. 最初と最後の頁 945-966
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/gtc.12896.	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Tachiwana, H., Dacher, M., Maehara, K., Harada, A., Seto, Y., Katayama, R., Ohkawa, Y., Kimura, H., Kurumizaka, H., *Saitoh, N.	4. 巻 10
2. 論文標題 Chromatin structure-dependent histone incorporation revealed by a genome-wide deposition assay.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 eLife	6. 最初と最後の頁 e66290
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.7554/eLife.66290	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Tachiwana, H., *Saitoh, N.	4. 巻 28(25)
2. 論文標題 Nuclear long non-coding RNAs as epigenetic regulators in cancer.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Current Medicinal Chemistry	6. 最初と最後の頁 5098-5109
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2174/0929867328666210215114506	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Akutsu, S., Miyamoto, T., Oba, D., Tomioka, K., Ochiai, H., Ohashi, H., *Matsuura, S.	4. 巻 17
2. 論文標題 iPSC reprogramming-mediated aneuploidy correction in autosomal trisomy syndromes	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 PLoS One	6. 最初と最後の頁 e0264965
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0264965	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 *Nozawa, R., Yamamoto, T., Takahashi, M., Tachiwana, H., Maruyama, R., Hirota T., *Saitoh, N.	4. 巻 111(9)
2. 論文標題 Nuclear microenvironment in cancer: control through liquid-liquid phase separation.	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Cancer Sci,	6. 最初と最後の頁 3155-3163
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/cas.14551	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 *Ochiai H, Hayashi T, Umeda M, Yoshimura M, Harada A, Shimizu Y, Nakano K, Saitoh N, Liu Z, Yamamoto T, Okamura T, Ohkawa Y, Kimura H, *Nikaido I	4. 巻 6(25)
2. 論文標題 Genome-wide kinetic properties of transcriptional bursting in mouse embryonic stem cells.	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Sci Adv	6. 最初と最後の頁 eaaz6699
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1126/sciadv.aaz6699	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 #Yamamoto, T., *#Hirosue, A., Nakamoto, M., Yoshida, R., Sakata, J., Matsuoka, Y., Kawahara, K., Nagao, Y., Nagata, M., Takahashi, N., Hiraki, A., Shinohara, M., Nakao, M., Saitoh, N.*, Nakayama, H.	4. 巻 123
2. 論文標題 BRD4 promotes metastatic potential in oral squamous cell carcinoma through the epigenetic regulation of the MMP2 gene	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Br. J. Cancer	6. 最初と最後の頁 580-590
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41416-020-0907-6	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Tachiwana H, Yamamoto T, *Saitoh N	4. 巻 61
2. 論文標題 Gene regulation by non-coding RNAs in the 3D genome architecture	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Curr Opin Genet Dev	6. 最初と最後の頁 69-74
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.gde.2020.03.002	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Li, J., Hsu, A., Hua, Y., Wang, G., Cheng, L., Ochiai, H., Yamamoto, T., Pertsinidis A.	4. 巻 27
2. 論文標題 Single-gene imaging links genome topology, promoter-enhancer communication and transcription control	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Nat Struct Mol Biol	6. 最初と最後の頁 1032-1040
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41594-020-0493-6	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Miyamoto, T., Hosoba, K., Itabashi, T., Iwane, AH, Akutsu, SN., Ochiai, H., Saito, Y., Yamamoto, T., Matsuura, S.	4. 巻 39
2. 論文標題 Insufficiency of ciliary cholesterol in hereditary Zellweger syndrome	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 EMBO J	6. 最初と最後の頁 e103499
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.15252/embj.2019103499	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Shinkai, S., Nakagawa, M., Sugawara, T., Togashi, Y., Ochiai, H., Nakato, R., Taniguchi, T., Onami, S.	4. 巻 2
2. 論文標題 PHi-C: deciphering Hi-C data into polymer dynamics	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 NAR Genom Bioinform	6. 最初と最後の頁 lqaa020
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/nargab/lqaa020	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Yasuda Y, Tokunaga K, Koga T, Goldberg I, Sakamoto C, *Saitoh N, *Nakao M	4. 巻 9(6)
2. 論文標題 Computational analysis of morphological and molecular features in gastric cancer tissues.	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Cancer Med	6. 最初と最後の頁 2223-2234
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1002/cam4.2885	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Miyazaki K, Ichikawa Y, Saitoh N, *Saitoh H	4. 巻 9
2. 論文標題 Three Types of Nuclear Envelope Assemblies Associated with Micronuclei.	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Cell Bio	6. 最初と最後の頁 14-28
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.4236/cellbio.2020.91002	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 †Abdalla MOA, †Yamamoto T, Maehara K, Ohkawa Y, Miura H, Hiratani I, Nakayama H, Nakao M, *Saitoh N	4. 巻 10(1)
2. 論文標題 The Eleanor ncRNAs activate the topological domain of the ESR1 locus to balance against apoptosis.	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Nat Commun	6. 最初と最後の頁 3778
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-019-11378-4	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 †Fujita R, †Yamamoto T, Arimura Y, Fujiwara S, Tachiwana H, Ichikawa Y, Sakata S, Yang L, Maruyama R, Hamada M, Nakao M, *Saitoh N, *Kurumizaka H	4. 巻 3(1)
2. 論文標題 Nucleosome destabilization by nuclear non-coding RNAs.	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Commun Biol	6. 最初と最後の頁 60
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s42003-020-0784-9	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Yamamoto T, *Saitoh N	4. 巻 58
2. 論文標題 Non-coding RNAs and chromatin domains.	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Curr Opin Cell Biol	6. 最初と最後の頁 26-33
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ceb.2018.12.005	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Ichikawa Y, Saitoh N, Kaufman PD	4. 巻 7
2. 論文標題 An asymmetric centromeric nucleosome	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 eLife	6. 最初と最後の頁 e37911
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.7554/eLife.37911	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Yamamoto T, Sakamoto C, Tachiwana H, Kumabe M, Matsui T, Yamashita T, Shinagawa M, Ochiai K, Saitoh N, Nakao M	4. 巻 8(1)
2. 論文標題 Endocrine therapy-resistant breast cancer model cells are inhibited by soybean glyceollin I through Eleanor non-coding RNA	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 15202
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-018-33227-y	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

〔学会発表〕 計107件 (うち招待講演 63件 / うち国際学会 17件)

1. 発表者名 Saitoh, N., Tachiwana, H.
2. 発表標題 Chromatin Associating Long Non-coding RNAs in Late Recurrence of Breast Cancer.
3. 学会等名 International Symposium On Chromatin Architecture: Structure And Function (ERATO) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Saitoh, N., Yamamoto, T., Ichikawa, Y., Fukuoka, M., Tachiwana, H.
2. 発表標題 Chromatin associating long non-coding RNAs involved in dormancy for late recurrence of breast cancer.
3. 学会等名 Cold Spring Harbor Laboratory Meeting, Epigenetics & Chromatin (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Saitoh, N., Ichikawa, Y., Fukuoka, M.
2. 発表標題 Non-coding RNAs in the molecular condensate contribute to chromatin regulation and tumor dormancy in late recurrence of breast cancer.
3. 学会等名 The FASEB Meeting, The Nuclear Bodies Conference: Hubs of Genomic Activity (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Saitoh, N.
2. 発表標題 ELEANOR non-coding RNAs activate the chromatin domain, balancing cell death and proliferation in the breast cancer dormancy.
3. 学会等名 第45回日本分子生物学会年会3AW-08 (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 乳がんの休眠に寄与するクロマチン制御ノンコーディングRNA.
3. 学会等名 第45回日本分子生物学会年会 2AW-16 (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 乳がんの晩期再発におけるノンコーディングRNAのゲノム調節.
3. 学会等名 第95回日本生化学会大会シンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 機能性RNAが制御するゲノムDNAとがん
3. 学会等名 第467回つくば分子生命科学セミナー. (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 クロマチン構造 エピジェネティクスとノンコーディングRNA 再発乳がんの診断と治療応用の可能性
3. 学会等名 福島県立医科大学医学部2年 基礎特別講義 (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 乳がんにおけるノンコーディングRNAによる染色体の構造と機能の制御.
3. 学会等名 染色体学会第73回年会 (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Yamamoto, T., Ichikawa, Y., Palihati, M., Saitoh, N.
2. 発表標題 ELEANOR non-coding RNAs associate with chromatin, and contribute to the 3D genome structure in breast cancer.
3. 学会等名 第81回日本癌学会学術総会シンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 非コードRNAが駆動するがんの悪性化とその分子基盤.
3. 学会等名 第81回日本癌学会学術総会モーニングレクチャー (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 乳がんにおけるエピジェネティクス-再発乳がんに関わるノンコーディングRNAエレノアの解析
3. 学会等名 Breast Cancer Symposium 2022特別講演II (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 ノンコーディングRNA が制御する高次生命現象とがん進展.
3. 学会等名 第30回日本乳癌学会学術総会. (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 斉藤 典子、市川 雄一、福岡恵.
2. 発表標題 再発乳がんにおけるゲノム3次元構造と核内ノンコーディング RNA.
3. 学会等名 第74回日本細胞生物学会大会. シンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 長鎖ノンコーディングRNAによる再発乳がんのエピジェネティクス制御.
3. 学会等名 第23回ホルモンと癌研究会 教育講演（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 マルダン・パルハット
2. 発表標題 Approaches to identify and characterize the roles of the ELEANOR non-coding RNA in breast cancer.
3. 学会等名 2022年度新学術領域学術研究支援基盤先端モデル動物支援プラットフォーム
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Maierdan, P.
2. 発表標題 Approaches to characterize the roles of the ELEANOR non-coding RNA in breast cancer.
3. 学会等名 新学術領域・学術変革領域A合同「若手の会2022」
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 松戸亮太
2. 発表標題 組織切片からエピゲノム情報を取得する手法の開発.
3. 学会等名 新学術領域・学術変革領域A合同「若手の会2022」
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 落合 博
2. 発表標題 超解像イメージングから解き明かす転写動態と転写制御因子クラスターの関係性
3. 学会等名 日本顕微鏡学会 第78回学術講演会（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 落合 博
2. 発表標題 イメージングによる転写動態制御機構の解明
3. 学会等名 遺伝学研究所研究会「染色体安定維持研究会」（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 落合 博
2. 発表標題 高次ゲノム構造と転写ダイナミクス
3. 学会等名 一般財団法人 染色体学会 第73 回（2022 年度）年会（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 落合 博
2. 発表標題 高次ゲノム構造と転写の動態
3. 学会等名 令和4年遺伝研究会 クロマチン・細胞核構造の動的変換とゲノム機能制御（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Hiroshi Ochiai
2. 発表標題 Revealing regulatory mechanisms of transcriptional dynamics by single-gene imaging system
3. 学会等名 Single Molecule & Chromatin meeting 2022 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Hiroshi Ochiai
2. 発表標題 単一遺伝子イメージングから解き明かす転写活性依存的な転写制御因子凝集体の形成
3. 学会等名 第45回日本分子生物学会年会 (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Hiroshi Ochiai
2. 発表標題 Transcriptional dynamics regulated by non-genomic codes
3. 学会等名 The 1st International Symposium on REPLICATION of NON GENOME (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 落合 博
2. 発表標題 遺伝子発現動態の定量的理解
3. 学会等名 定量生物学の会 第十回年会 (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Hiroshi Ochiai
2. 発表標題 Localization of transcriptional regulator condensates in transcriptional bursting revealed by STREAMING-tag system
3. 学会等名 Cretan RNA Salon Seminar Series (招待講演)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 落合 博
2. 発表標題 マウス多能性幹細胞における転写動態制御機構の解明
3. 学会等名 第4回ゲノム生物物理学セミナー (招待講演)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Saitoh, N., Matsumori, H., Watanabe, K., Tachiwana, H., Ito, Y., Sakata-Sogawa, K., Tokunaga, M., Awatsu, A., Nakao, M.
2. 発表標題 RPL5 maintains spatial organization of the ribosomal DNA arrays through regulation of biophysical properties of the nucleolus
3. 学会等名 第44回日本分子生物学会年会 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Saitoh, N.
2. 発表標題 ELEANOR non-coding RNAs associate with chromatin and regulate the 3D genome structure in breast cancer.
3. 学会等名 The 30th Hot Spring Harbor International Symposium, Chromatin Potential in Development and Differentiation, The 6th Symposium of the Inter-University Research Network for Trans-Omics Medicine; (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Saitoh, N.
2. 発表標題 Non-coding RNAs regulate the 3D genome architecture in breast cancer.
3. 学会等名 6th International Anatomical Sciences and Cell Biology Conference; (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Yamamoto, T., Ichikawa, Y., Fukuoka, M., Saitoh, N.
2. 発表標題 ELEANOR ncRNAs regulate the 3D genome structure in recurrent breast cancer.
3. 学会等名 Keystone Symposia on Molecular and Cellular Biology. Non-coding RNAs: Biology and Applications; (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 市川雄一, 斉藤典子
2. 発表標題 ELEANOR-chromatin interaction facilitates ESR1 transcription: 非コードRNAエレノアとクロマチンの相互作用を介したESR1遺伝子の転写活性化.
3. 学会等名 第80回日本癌学会学術総会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 市川雄一
2. 発表標題 ER陽性乳がん細胞で発現する長鎖非コードRNA ELEANOR2はRNAクラウドを形成し転写を促進する.
3. 学会等名 第44回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 再発乳がんの脆弱性に関わるゲノム3次元構造と核内ノンコーディングRNA.
3. 学会等名 日本生化学会関東支部オンライン例会(招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 ノンコーディングRNA による核内構造とゲノム制御.
3. 学会等名 2021年日本バイオインフォマティクス学会年会・第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)(招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 斉藤典子, 山本達郎, 市川雄一, 福岡恵
2. 発表標題 乳がんにおけるノンコーディング RNA による 3 次元ゲノム構造制御.
3. 学会等名 日本遺伝学会第93回大会(招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 The non-coding RNA world in cancer : 広がるノンコーディングRNAの世界.
3. 学会等名 第80回日本癌学会学術総会(招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 乳がんの晩期再発に関わるノンコーディングRNAとクロマチン構造.
3. 学会等名 第8回がんエピゲノムシンポジウム & 第3回造血器腫瘍研究セミナー合同シンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 ノンコーディングRNAによる乳がんのエピジェネティクス制御.
3. 学会等名 エピジェネティック療法研究会第14回講演会 (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 乳がんにおけるエピジェネティクス: 再発乳がんに関わるノンコーディングRNAエレノアの解析.
3. 学会等名 Breast Cancer Expert Seminar (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 乳がんにおけるエピジェネティクス: 再発乳がんに関わるノンコーディングRNAエレノアの解析.
3. 学会等名 Future Generations Breast-Cancer Oncologist & Pathologist Conference (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 福岡恵, 市川雄一, 角田伸行, 上野貴之, 斉藤典子
2. 発表標題 ELEANOR non-coding RNA correlates with late recurrence in ER positive breast cancer, partly through CD44 gene activation : エレノアノンコーディングRNAは、CD44遺伝子の活性化を一部に介して、ER陽性乳癌の晩期再発に関与する。
3. 学会等名 第80回日本癌学会学術総会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 立和名博昭, 胡桃坂仁志, 斉藤典子
2. 発表標題 Analysis of chromatin dynamics using permeabilized cells and reconstituted histone complex : 透過性細胞とヒストン複合体を用いたクロマチンダイナミクスの解析.
3. 学会等名 第80回日本癌学会学術総会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 立和名博昭
2. 発表標題 Analysis of histone dynamics in cancer cells : がん細胞におけるヒストンダイナミクスの解析.
3. 学会等名 第80回日本癌学会学術総会 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 立和名博昭, 大川恭行, 胡桃坂仁志, 斉藤典子
2. 発表標題 クロマチン構造による遺伝子発現制御機構 : ヒストンH2A.Zによる転写活性化クロマチン認識機構の解析.
3. 学会等名 第94回日本生化学会大会 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 立和名博昭
2. 発表標題 ヒストンバリエーションの形成するクロマチン構造と機能の解析.
3. 学会等名 第94回日本生化学会大会 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Ochiai, H.
2. 発表標題 STREAMING-tag system: A novel technology to analyze the spatiotemporal relationship between transcriptional regulators and transcriptional dynamics at the single gene level
3. 学会等名 The 30th Hot Spring Harbor International Symposium -Chromatin Potential in Development and Differentiation (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Ochiai, H.
2. 発表標題 Genome-wide kinetic properties of transcriptional bursting revealed by single cell analysis
3. 学会等名 The 2nd ASHBi SignAC Workshop, Integrating Single-cell Analysis and Mathematics (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Ochiai, H.
2. 発表標題 Relationship between higher-order genome structural dynamics and transcriptional dynamics
3. 学会等名 富岳プロジェクトセミナー (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 市川雄一, 齊藤典子
2. 発表標題 ER陽性乳がんで高発現している非コードRNA Eleanorsを介した転写活性化
3. 学会等名 第20回関東ホルモンと癌研究会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 齊藤典子
2. 発表標題 ホルモン療法耐性乳がんにおける非コードRNAの機能的意義
3. 学会等名 第20回関東ホルモンと癌研究会 (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 渡邊健司, 山本達郎, 市川雄一, 泉厚志, 落合孝次, 齊藤典子
2. 発表標題 内分泌療法耐性乳がんモデル細胞におけるGlyceollin Iのエストロゲンレセプター非依存的な細胞増殖抑制機構
3. 学会等名 第20回関東ホルモンと癌研究会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 福岡恵, 大迫智, 市川雄一, 上野貴之, 齊藤典子
2. 発表標題 原発性乳癌のエレノアノンコーディングRNAの発現解析
3. 学会等名 第20回関東ホルモンと癌研究会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Yamamoto, T., Ichikawa, Y., Fukuoka, M., Saitoh, N.
2. 発表標題 Eleanor ncRNAs modulate the 3D genome architecture in recurrent breast cancer
3. 学会等名 Cold Spring Harbor Laboratory Meeting: Genome Organization & Nuclear Function (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 再発乳がんにおけるノンコーディングRNAによるクロマチン制御
3. 学会等名 日本遺伝学会第92回大会 (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 福岡恵, 大迫智, 上野貴之
2. 発表標題 乳癌におけるエレノアノンコーディングRNA発現の検討
3. 学会等名 第28回日本乳癌学会総会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 斉藤典子, 市川雄一, 福岡恵, 立和名博昭, 山本達郎
2. 発表標題 Non-coding RNAs in the 3D genome architecture in recurrent breast cancer
3. 学会等名 第79回日本癌学会学術総会 (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 渡邊健司, 山本達郎, 市川雄一, 泉厚志, 落合孝次, 斉藤典子
2. 発表標題 内分泌療法耐性乳がんモデル細胞における Glyceollin I のエストロゲンレセプター非依存的な細胞増殖抑制機構
3. 学会等名 第79回日本癌学会学術総会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 立和名博昭, ダッシェマリコ, 前原一満, 原田哲仁, 大川恭行, 木村宏, 胡桃坂仁志, 斉藤典子
2. 発表標題 転写制御に機能するヒストンH2A.Z のクロマチン局在機構の解析
3. 学会等名 第93回日本生化学会大会; (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 山本達郎, 市川雄一, 福岡恵, 立和名博昭, 渡邊健司, 斉藤典子
2. 発表標題 乳がんの3次元ゲノム構造に関わる機能性RNA
3. 学会等名 第43回日本分子生物学会年会 (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 市川雄一, 斉藤典子
2. 発表標題 ER陽性乳がん細胞における新規RNAクラウドの発見
3. 学会等名 第43回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 ER生物学
3. 学会等名 第18回日本臨床腫瘍学会学術集会（招待講演）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 松森はるか, 渡邊健司, 中尾光善, 斉藤典子
2. 発表標題 リボソームタンパク質RPL5 によるリボソームDNA3次元構造と核小体の物性制御
3. 学会等名 第14回日本エピジェネティクス研究会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 落合 博
2. 発表標題 クロマチン潜在能による転写バースト制御
3. 学会等名 第43回日本分子生物学会年会（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 落合 博
2. 発表標題 分子の動きを「見る」ためのゲノム編集技術
3. 学会等名 第4回 広島大学先端科学セミナー「 “ゲノム編集” で未来社会を拓く」（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 乳がん再発におけるノンコーディングRNAと核内構造体の役割
3. 学会等名 横浜市立大学セミナー（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Saitoh N
2. 発表標題 Non-coding RNAs delineate the 3D genome architecture in endocrine-therapy resistant breast cancer
3. 学会等名 Riken IMS Cancer Immunology Seminar Series（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 乳がん再発に関わる細胞核内長鎖ノンコーディングRNAとゲノム立体構造
3. 学会等名 第21回クロマチン代謝制御セミナー（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 松森はるか、中尾光善、斉藤典子
2. 発表標題 核小体の構造、機能、物性に関わる60Sリボソームタンパク質
3. 学会等名 第19回日本タンパク質科学会年会 第71回日本細胞生物学会大会 合同年次大会、神戸（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Yamamoto T, Ichikawa Y, Ohkawa Y, Hiratani I, Nakao M, Saitoh N
2. 発表標題 Non-coding RNAs that define the active chromatin domain in endocrine therapy resistant breast cancer cells. International Symposium for Female Researchers in Chromatin Biology 2019. Riken CDB, Kobe
3. 学会等名 International Symposium for Female Researchers in Chromatin Biology 2019 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 立和名博昭、ダッシェマリコ、前原一満、原田哲仁、大川恭行、木村宏、胡桃坂仁志、斉藤典子
2. 発表標題 クロマチン高次構造によるヒストンの取り込み制御機構
3. 学会等名 第92回日本生化学会大会 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Tachiwana H, Ueda K, Kurumizaka H, Saitoh N
2. 発表標題 Analyzing H2A.Z functions in cancer progression
3. 学会等名 第78回日本癌学会学術総会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 立和名博昭、ダッシェマリコ、前原一満、原田哲仁、大川恭行、木村宏、胡桃坂仁志、斉藤典子
2. 発表標題 高次クロマチン構造依存的なヒストン取り込み機構
3. 学会等名 第42回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 市川雄一、斉藤典子
2. 発表標題 Eleanor RNAクラウドを介した転写活性化機構
3. 学会等名 RNAフロンティアミーティング2019
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 市川雄一、斉藤典子
2. 発表標題 ER陽性乳がん細胞におけるEleanor RNAクラウドを介した転写活性化機構
3. 学会等名 第42回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 山本達郎、Abdalla Mohamed Osama、前原一満、野上順平、大川恭行、三浦尚、Rawin Poonperm、平谷伊智朗、中山秀樹、中尾光善、斉藤典子
2. 発表標題 Eleanor 非コードRNAは乳がんの増殖と細胞死のバランスに関わる遠距離クロマチン相互作用を制御する
3. 学会等名 第42回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Tachiwana H, Dacher M, Harada A, Maehara K, Ohkawa Y, Kimura H, Kurumizaka H, Saitoh N.
2. 発表標題 Analysis of histone incorporation at the DNA sequence-level using permeabilized cells and reconstituted histone complexes.
3. 学会等名 EMBO Workshop: Chromatin and Epigenetics (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Yamamoto T, Abdalla, MOA, Ohkawa Y, Hiratani I, Nakao M, Saitoh N
2. 発表標題 Eleanor ncRNAs activate the chromatin domain and the long-range chromatin interaction in endocrine-therapy resistant breast cancer.
3. 学会等名 Gordon Research Seminar on Genome Architecture in Cell Fate and Disease (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 市川雄一、斉藤典子
2. 発表標題 Eleanor RNAクラウドを介した転写活性化
3. 学会等名 第37回染色体ワークショップ・第18回核ダイナミクス研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 渡邊健司、山本達郎、市川雄一、泉厚志、落合孝次、斉藤典子
2. 発表標題 乳がん細胞におけるGlyceollin Iのエストロゲンレセプター非依存的な増殖抑制機構の解析, 第42回日本分子生物学会年会
3. 学会等名 第78回日本癌学会学術総会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 渡邊健司、山本達郎、市川雄一、泉厚志、落合孝次、斉藤典子
2. 発表標題 乳がん細胞におけるGlyceollin Iのエストロゲンレセプター非依存的な増殖抑制機構の解析
3. 学会等名 第37回染色体ワークショップ・第18回核ダイナミクス研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 山本達郎、中山秀樹、中尾光善、斉藤典子
2. 発表標題 乳がん細胞のエレノアクロマチンドメインは非コードRNAとクロマチン相互作用により制御される
3. 学会等名 第78回日本癌学会学術総会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 山本達郎、Abdalla Mohamed Osama、前原一満、大川恭行、三浦尚、平谷伊智朗、中尾光善、斉藤典子
2. 発表標題 Eleanor 非コード RNA を介したクロマチン相互作用は治療耐性乳がんの増殖と細胞死に関わる
3. 学会等名 第37回染色体ワークショップ・第18回核ダイナミクス研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 福岡恵、上野貴之、市川雄一、山本達郎、斉藤典子
2. 発表標題 ER陽性乳癌におけるEleanor 非コードRNAの臨床的意義の解明
3. 学会等名 第42回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 福岡恵、大迫智、市川雄一、上野貴之、斉藤典子
2. 発表標題 原発性乳癌におけるエレノアノンコーディングRNAの臨床的意義の解明
3. 学会等名 第37回染色体ワークショップ・第18回核ダイナミクス研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Saitoh, N.
2. 発表標題 Nuclear non-coding RNAs Eleanors, define the active ESR1 chromatin domain in breast cancer cells.
3. 学会等名 Cold Spring Harbor Conferences Asia, RNA Biology. (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Saitoh, N.
2. 発表標題 Saitoh, N. Chromatin regulation by nuclear non-coding RNA in breast cancer cells.
3. 学会等名 HiHA 国際ワークショップ ?染色体動態、分配と機能の理解に向けて (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 乳がんの高次クロマチンドメインに関わるノンコーディングRNA.
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会 (招待講演)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 乳がんに関わるノンコーディングRNAと細胞核内ゲノム構造.
3. 学会等名 千葉大学 第16回クロマチン代謝制御セミナー (招待講演)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 立和名博昭
2. 発表標題 ヒストンH2Aファミリーのダイナミクス
3. 学会等名 蛋白研セミナー：細胞核とクロマチン構造が操る高次生命現象（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 市川雄一
2. 発表標題 セントロメア特異的なヌクレオソームに含まれるコアヒストンが8量体を形成する意義
3. 学会等名 生命機能研究科セミナー、大阪大学（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 斉藤典子
2. 発表標題 ncRNA によるクロマチンの制御
3. 学会等名 研究会・染色体研究の最前線2019（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 立和名 博昭
2. 発表標題 クロマチンの高次構造とヒストンダイナミクスの解析
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 立和名博昭
2. 発表標題 クロマチンの機能特徴づけるヒストンバリエーションの取り込み機構
3. 学会等名 第36回染色体ワークショップ、第17回核ダイナミクス研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 酒田祐佳
2. 発表標題 乳がんの治療抵抗性獲得に関わる lncRNA Eleanor の機能解析
3. 学会等名 第 6 回X 染色体研究会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 市川雄一
2. 発表標題 ER陽性乳がんの治療抵抗性獲得に關与するノンコーディングRNA Eleanorの機能解析
3. 学会等名 第36回 染色体ワークショップ、第17回 核ダイナミクス研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 落合博
2. 発表標題 ゲノム構造再編成における動的核変形の役割
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 落合博
2. 発表標題 細胞多様性決定要因の網羅解析技術の開発
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 落合博
2. 発表標題 転写バーストに由来する遺伝子発現量多様性
3. 学会等名 第36回 染色体ワークショップ・第17回 核ダイナミクス研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 落合博
2. 発表標題 マウス胚性幹細胞における遺伝子発現量多様性の制御機構の包括的解析
3. 学会等名 第91回日本生化学会大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Saitoh, N.
2. 発表標題 Eleanors define the active ESR1 chromatin domain in endocrine therapy-resistant breast cancer cells
3. 学会等名 Keystone Symposia. Long Noncoding RNAs (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Saitoh, N.
2. 発表標題 Nuclear non-coding RNAs Eleanors, define the active ESR1 chromatin domain in breast cancer cells
3. 学会等名 The 77th Annual Meeting of the Japanese Cancer Association
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Hiroaki Tachiwana
2. 発表標題 Analysis of histone dynamics using permeabilized cells and reconstituted histone complexes
3. 学会等名 The 77th Annual Meeting of the Japanese Cancer Association
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 市川雄一
2. 発表標題 ER陽性乳がんで高発現しているノンコーディングRNAエレノアの機能解析
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 山本達郎
2. 発表標題 Eleanor非コードRNAは、乳癌の脆弱性に関連するクロマチン構造に影響を及ぼす
3. 学会等名 第77回日本癌学会学術総会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 山本達郎
2. 発表標題 Eleanor非コードRNAは、乳がんの増殖・細胞死に関わるクロマチン構造を制御する
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2018年

〔図書〕 計12件

1. 著者名 斉藤典子、立和名博昭、松戸亮太	4. 発行年 2022年
2. 出版社 羊土社	5. 総ページ数 -
3. 書名 「実験医学」増刊 第40巻	

1. 著者名 立和名博昭、斉藤典子	4. 発行年 2022年
2. 出版社 文光堂	5. 総ページ数 -
3. 書名 「病理と臨床」2022年臨時増刊号40巻	

1. 著者名 Ichikawa Y., Saitoh, N.	4. 発行年 2021年
2. 出版社 Elsevier Inc.	5. 総ページ数 -
3. 書名 Cytogenomics	

1. 著者名 渡辺健司、斉藤典子	4. 発行年 2022年
2. 出版社 丸善出版/日本遺伝学会	5. 総ページ数 -
3. 書名 「遺伝学の百科事典 継承と多様性の源」	

1. 著者名 伊藤由馬、斉藤典子	4. 発行年 2022年
2. 出版社 羊土社	5. 総ページ数 -
3. 書名 相分離 解析プロトコール	

1. 著者名 市川雄一、斉藤典子	4. 発行年 2021年
2. 出版社 羊土社	5. 総ページ数 -
3. 書名 実験医学 39巻10号 染色体座位顆粒	

1. 著者名 市川雄一、斉藤典子	4. 発行年 2020年
2. 出版社 ニューサイエンス社	5. 総ページ数 -
3. 書名 月刊「細胞」52(9) 非ゲノム情報の複製機構	

1. 著者名 市川雄一、山本達郎、斉藤典子	4. 発行年 2020年
2. 出版社 ニューサイエンス社 月刊「細胞」	5. 総ページ数 -
3. 書名 月刊「細胞」52(6) 遺伝子制御の基盤となる細胞核・クロマチン構造	

1. 著者名 山本達郎、福岡恵、斉藤典子	4. 発行年 2020年
2. 出版社 医歯薬出版株式会社,	5. 総ページ数 -
3. 書名 医学のあゆみ 第272巻・第1号,	

1. 著者名 大石 裕晃、落合 博	4. 発行年 2020年
2. 出版社 羊土社	5. 総ページ数 -
3. 書名 実験医学別冊 最強のステップUPシリーズ 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 (大川恭行, 宮成悠介 / 編)	

1. 著者名 野澤竜介、斉藤典子	4. 発行年 2018年
2. 出版社 羊土社	5. 総ページ数 -
3. 書名 「実験医学」増刊 第36巻第17号、平野達也・胡桃坂仁志 編 「染色体の新常識」	

1. 著者名 落合博	4. 発行年 2019年
2. 出版社 北隆館	5. 総ページ数 -
3. 書名 月刊「細胞」	

〔出願〕 計2件

産業財産権の名称 E R陽性乳がんの晩期再発を検査する方法、及び治療薬のスクリーニング方法	発明者 福岡 恵、斉藤 典子、他	権利者 同左
産業財産権の種類、番号 特許、2022-65345	出願年 2022年	国内・外国の別 国内

産業財産権の名称 グリセオリン I の作用機序とその利用	発明者 山本達郎、立和名博昭、斉藤典子、井出剛、落合孝次	権利者 同左
産業財産権の種類、番号 特許、2018-192177	出願年 2018年	国内・外国の別 国内

〔取得〕 計0件

〔その他〕

<p>広島大学 大学院 統合生命科学研究科 分子遺伝学研究室 落合グループ https://home.hiroshima-u.ac.jp/ochiai/ 公益財団法人がん研究会がん生物部 https://www.jfcr.or.jp/laboratory/department/cancer_biology/www/default.htm がん研究所 https://www.jfcr.or.jp/laboratory/department/cancer_biology/index.html</p>

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	落合 博 (OCHIAI Hiroshi) (60640753)	広島大学・統合生命科学研究科(理)・准教授 (15401)	

6. 研究組織（つづき）

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
連携研究者	立和名 博昭 (TACHIWANA Hiroaki) (70546382)	公益財団法人がん研究会・がん研究所・がん生物部・研究員 (72602)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関			
米国	University of Kansas			
米国	ViQi Inc	Memorial Sloan Kettering Cancer Center		
オーストラリア	Centenary Institute			
韓国	Yonsei University College of Medicine			
米国	Mindshare Medical Inc,	Memorial Sloan Kettering Cancer Center		