

令和 4 年 6 月 16 日現在

機関番号：11301

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2018～2020

課題番号：18H02164

研究課題名(和文)アクチンファミリーによるヒストンダイナミクス制御の解明と応用展開

研究課題名(英文) Analysis of roles of nuclear actin family in the maintenance of genome stability and operation of their functions using peptides

研究代表者

原田 昌彦 (Harata, Masahiko)

東北大学・農学研究科・教授

研究者番号：70218642

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,500,000円

研究成果の概要(和文)：ヒストンバリエントH2A.Zは、クロマチンに導入・排除されることで多くの遺伝子の転写制御に関わる。しかし、H2A.Z導入・排除のダイナミクスの制御機構は不明であった。H2A.Zノックアウト細胞および核内アクチンファミリー変異細胞を用いたクロマチン免疫沈降法などにより、核内アクチンファミリーがH2A.Z機能に関与することが示された。さらに、アクチンファミリーArp6、Arp8に特異的に結合する複数の二重環状ペプチド(bicyclic peptide)を細胞に導入し、H2A.Zの導入および排除の分子機構の一端を明らかにした。

研究成果の学術的意義や社会的意義

H2A/Zノックアウト細胞や、細胞核内アクチンファミリーに結合する二重環状ペプチドを用いた解析により、H2A.Zの導入や排除を行う複合体の機能メカニズムの一端を明らかにすることができた。この結果は、アクチンファミリーに結合する二重環状ペプチドによって、H2A.Zダイナミクスを介した人為的な遺伝子機能解析を行うことができる可能性を示唆しており、今後の農学・医学領域への応用も期待される。

研究成果の概要(英文)：The histone variant H2A.Z functions in the regulation of gene expression through its deposition and eviction. However, the mechanisms of the molecular function of H2A.Z was largely unknown. In this study, we showed the relationship between H2A.Z function and nuclear actin family proteins by using knockout cells for H2A.Z and actin family proteins. In addition, by using bicyclic peptides for Arp6 and Arp8, we identified molecular mechanisms regulating deposition and eviction of H2A.Z.

研究分野：分子細胞生物学

キーワード：細胞核 クロマチン ヒストンバリエント

1. 研究開始当初の背景

アクチンファミリーは、アクチン、およびアクチンに進化的・構造的に関連性を有するアクチン関連タンパク質(actin-related protein; 以下 Arp と略称)によって構成されている。Arp には、Arp1 から Arp10 の 10 種のサブファミリーが存在する。申請者は、Arp の多くのメンバー(Arp4, Arp5, Arp6, Arp7, Arp8, Arp9)が核に局在し、転写制御をはじめとする多様なエピジェネティック制御に関わることを報告し (PNAS, 1995; Mol Biol Cell, 1995)、さらにその機能を明らかにしていた (Curr Biol, 2008; PLoS Genet, 2010; J Cell Sci, 2012; PLoS One, 2014; Mol Cell, 2015; EMBO J, 2017;他)。その過程で、Arp4 がヒストンに直接結合することを申請者が示したことから(Mol Biol Cell, 1995)、核内でのアクチンとヒストンの機能的関連性がはじめて明らかにされた。さらに、H2A.Z の導入や除去を行う酵素(SRCAP, Ino80 など)と、複数の核内 Arp が複合体を形成することが示された。実際に Arp6 のノックアウト細胞では H2A.Z 存在量が減少し、一方で Arp8 のノックアウト細胞では存在量が増加した。また、これらのノックアウト細胞では遺伝子発現の変化や、環境応答の変化も観察されていた。Arp6, Arp8 がリン酸化修飾を受けることと考え合わせ、これらの結果から、アクチンファミリーが H2A.Z の導入・排除を制御する可能性が強く示されていた。

また、これらの研究過程で、申請者は核内 Arp に特異的に結合する二重環状ペプチドの取得・解析も行っていた。ファージライブラリー(>10⁹ variants)を用いたスクリーニングによる配列同定と化学合成により、核内 Arp に特異的に結合する二重環状ペプチドを複数取得した。さらに、これらペプチドの生細胞への導入と核へのデリバリーを成功させた。H2A.Z 導入量の増加と、細胞がん化との関連が多数報告されているが、申請者は Arp8 結合二重環状ペプチドの導入によって、がん細胞の特徴であるコロニー形成能が抑制されることを確認していた。この結果からも、核内 Arp の機能操作におけるこのペプチドの有用性が示されていた。

アクチンファミリーの核での機能の重要性については、近年多くの報告がされていた。一例として、2012 年に山中博士と共にノーベル賞を受賞したガードン博士は、体細胞の遺伝子が初期化して分化多能性を得る過程(万能細胞作成)に、核内のアクチンが必要であることを見出していた(Miyamoto et al., Genes Dev, 2011; Miyamoto et al., Science, 2013)。

ヒストンバリエーションについても、2011 年から EMBO ヒストンバリエーションミーティングが定期的に開催されるなど、エピジェネティック制御における重要性が注目されていた。特に H2A.Z については、保存性や機能の重要性などから、多くの研究者が解析を進めており、我々が樹立した H2A.Z 破壊細胞と遺伝学的相補解析系は、多くの共同研究者と共有利用されていた(EMBO J, 2017; 他)。

また近年、化合物でエピジェネティック機能を制御する試みが広く行なわれており、ヒストンの化学修飾については、これを制御する化合物が見出され、機能解析や創薬シーズとして利用されていた。一方で、H2A.Z の導入やクロマチン構造変換複合体の機能の制御する化合物・ペプチドは報告されていなかった。

2. 研究の目的

本研究の目的は、ヒストンバリエーション H2A.Z のクロマチンへの導入・排除の制御機構が、アクチンファミリーによってどのように制御するかを明らかにし、またアクチンファミリーに結合する二重環状ペプチドを利用して H2A.Z の導入・排除を人為的に操作するための技術基盤を創成することであった。そのために、以下の項目を実施した。(1)アクチンファミリーによる H2A.Z の導入・排除機構のゲノムワイド解析、(2)アクチンファミリーのリン酸化による H2A.Z 導入の制御の解明、(3)アクチンファミリーに特異的に結合する二重環状ペプチドによる H2A.Z 導入・排除の人為的制御。

核内のアクチンファミリーと、転写制御に重要な役割を有するヒストンバリエーション H2A.Z との機能的な関連性は、真核生物に普遍的なエピジェネティック制御機構の一つとして、その分子機構の解明が期待されていた。我々は遺伝学的相補実験によって H2A.Z 機能を解析するための H2A.Z ノックアウト細胞や導入 H2A.Z 発現系を開発しており(Nucleic Acids Res, 2010; Genes Cells, 2016; EMBO J, 2017)、これらを用いて課題の解決にアプローチした。H2A.Z は様々な生物において重要な機能を持つことが示されている。例えば、植物の H2A.Z が開花の温度適応性を規定していること、動物の発生に関与すること、またヒトでは H2A.Z は、がん化との強い関連性が指摘されている。したがって、本研究の目的の一つである H2A.Z ダイナミクスの人為的な操作は、農学や医学への応用展開が可能なエピジェネティック操作技術の創出につながることを期待された。

3. 研究の方法

(1)アクチンファミリーによる H2A.Z の導入・排除機構のゲノムワイド解析: Arp6 は、H2A.Z

の導入に関する SRCAP 酵素と複合体を形成する。Arp6 を破壊した脊椎動物細胞株を用い、抗 H2A.Z 抗体を用いた ChIP-seq 法により、Arp6 が H2A.Z をゲノム上のどのような領域にどの程度導入するかの解析を行った。一方 Arp8 は、H2A.Z を排除する Ino80 酵素と複合体を形成する。Arp8 破壊培養細胞株を ChIP-seq 法で解析することにより、Arp8 が H2A.Z の排除をどのように制御するかを解析した。これらの結果を、上記 Arp 破壊株の網羅的遺伝子発現プロファイルと比較解析することにより、H2A.Z 導入・排除を介したアクチンファミリーによる転写制御の分子機構を解析した。

(2)アクチンファミリーのリン酸化による H2A.Z 導入の制御：これまでの研究により、Arp6 と Arp8 がリン酸化修飾を受けることが示唆されていた。例えば、申請者は Arp8 の S412 のリン酸化について、この部位に変異を導入した Arp8 が転写や DNA 修復能を変化させることを見出していた。Arp6, Arp8 のノックアウト細胞に、リン酸部位に変異を導入した Arp6, Arp8 を発現させ、この細胞を用いて上記と同様な解析を行なうことにより、Arp6, Arp8 リン酸化による H2A.Z の導入・排除の制御を解析した。また、H2A.Z 転写が誘導される条件下(栄養、温度、感染、シグナルなど)での、Arp6, Arp8 のリン酸化の変化の解析を試みた。

(3)アクチンファミリーに特異的に結合するペプチドによる H2A.Z 導入・排除の人為的制御：申請者は既に、Arp6, Arp8 に特異的に結合する複数の二重環状ペプチド(bicyclic peptide)を取得し、これらによるアクチンファミリーの機能阻害を確認している。Arp6 および Arp8 結合二重環状ペプチドを用いることで、H2A.Z の導入および排除の阻害を観察することを試みた。複数の中から、最も効果の高いペプチドを選択・解析した。また、H2A.Z 導入が増加しているがん細胞株に対する、二重環状ペプチドの抗がん作用についても解析を試みた。

4. 研究成果

脊椎動物の ChIP-seq 解析に先立って、出芽酵母を用いて H2A.Z の ChIP-解析を行ったところ、アクチンファミリーに加えて、H2A.Z の存在自体が、細胞分裂後の H2A.Z の導入に強く影響することが示された。また、アクチンファミリーに特異的に結合する二重環状ペプチドを利用した解析により、H2A.Z の排除に関わる INO80 クロマチンリモデリング複合体の機能において、その構成因子であるアクチンファミリー Arp8 が同複合体のクロマチンへの結合に関与することが示された。一方、同じく構成因子のアクチンファミリー Arp5 はクロマチンへの結合には関与しないなど、これらのアクチンファミリーの機能の差異を明らかにすることができた。

本研究では、細胞核内のアクチンファミリーと H2A.Z 機能との関連を明らかにするとともに、アクチンファミリーに特異的に結合する二重環状ペプチドを用いて、H2A.Z 導入・排除を人為操作するための技術基盤構築にも取り組んだ。Arp6, Arp8 などのアクチンファミリーを欠損した細胞株を用いて、ゲノム上の H2A.Z の局在を解析することによって、これらのアクチンファミリーが H2A.Z のダイナミクスに影響を与えることを示した。また、アクチンファミリーに特異的な二重環状ペプチドを、エレクトロポレーション法によって生細胞に導入した。導入した二重環状ペプチドの影響を、遺伝子発現の解析や、クロマチン免疫沈降法などによって解析した。その結果、H2A.Z の排除に関わる INO80 クロマチンリモデリング複合体の機能において、その構成因子であるアクチンファミリー Arp8 が同複合体のクロマチンへの結合に関与することが示された。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計5件（うち査読付論文 5件/うち国際共著 2件/うちオープンアクセス 0件）

1. 著者名 Hayashi-Takanaka Yoko, Kina Yuto, Nakamura Fumiaki, Yamazaki Shota, Harata Masahiko, Soest Rob W. M. van, Kimura Hiroshi, Nakao Yoichi	4. 巻 9
2. 論文標題 Effect of mycalolides isolated from a marine sponge Mycale aff. nullarosette on actin in living cells	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 7540
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-019-44036-2	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 該当する
1. 著者名 Arimura Yasuhiro, Ikura Masae, Fujita Risa, Noda Mamiko, Kobayashi Wataru, Horikoshi Naoki, Sun Jiyong, Shi Lin, Kusakabe Masayuki, Harata Masahiko, Ohkawa Yasuyuki, Tashiro Satoshi, Kimura Hiroshi, Ikura Tsuyoshi, Kurumizaka Hitoshi	4. 巻 46
2. 論文標題 Cancer-associated mutations of histones H2B, H3.1 and H2A.Z.1 affect the structure and stability of the nucleosome	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Nucleic Acids Research	6. 最初と最後の頁 10007-10018
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/nar/gky661	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 該当する
1. 著者名 Yamazaki Shota, Harata Masahiko, Idehara Toshitaka, Konagaya Keiji, Yokoyama Ginji, Hoshina Hiromichi, Ogawa Yuichi	4. 巻 8
2. 論文標題 Actin polymerization is activated by terahertz irradiation	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 9990
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-018-28245-9	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 Sun Jiyong, Shi Lin, Kinomura Aiko, Fukuto Atsuhiko, Horikoshi Yasunori, Oma Yukako, Harata Masahiko, Ikura Masae, Ikura Tsuyoshi, Kanaar Roland, Tashiro Satoshi	4. 巻 7
2. 論文標題 Distinct roles of ATM and ATR in the regulation of ARP8 phosphorylation to prevent chromosome translocations	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 eLife	6. 最初と最後の頁 e32222
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.7554/eLife.32222	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 Fukuto Atsuhiko, Ikura Masae, Ikura Tsuyoshi, Sun Jiying, Horikoshi Yasunori, Shima Hiroki, Igarashi Kazuhiko, Kusakabe Masayuki, Harata Masahiko, Horikoshi Naoki, Kurumizaka Hitoshi, Kiuchi Yoshiaki, Tashiro Satoshi	4. 巻 9
2. 論文標題 SUMO modification system facilitates the exchange of histone variant H2A.Z-2 at DNA damage sites	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Nucleus	6. 最初と最後の頁 87-94
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1080/19491034.2017.1395543	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 -

〔学会発表〕 計37件 (うち招待講演 7件 / うち国際学会 12件)

1. 発表者名 Daisuke Takahashi, Noboru Ogihara, Masayuki Kusakabe, Saho Kitagawa, Yukako Oma, Masahiko Harata
2. 発表標題 Common and distinct roles of the isoforms of histone variant H2A.Z in transcriptional regulation
3. 学会等名 26th Wilhelm Bernhard Workshop on the cell nucleus (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 高橋祐人、町田奈々子、Tom Misteli、Robert Grosse、宮本圭、原田昌彦
2. 発表標題 Analysis of nuclear actin in human progeria cells
3. 学会等名 26th Wilhelm Bernhard Workshop on the cell nucleus (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Saho Kitagawa, Masayuki Kusakabe, Hiroyuki Oku, Daisuke Takahashi, Takumi Narimiya, Yu Nakabayashi, Masayuki Seki, Masahiko Harata
2. 発表標題 Molecular evolution of the histone variant H2A.Z
3. 学会等名 26th Wilhelm Bernhard Workshop on the cell nucleus (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Masahiko Harata
2. 発表標題 Roles of actin family proteins in chromatin and nuclear functions
3. 学会等名 26th Wilhelm Bernhard Workshop on the cell nucleus (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 原田昌彦
2. 発表標題 細胞核内の階層構造による生命機能の制御
3. 学会等名 平成31年度遺伝研研究会「クロマチン・細胞核の形成のダイナミクスによるゲノム制御」(招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Masahiko Harata
2. 発表標題 Crosstalk of nuclear actin with lipid and lamin
3. 学会等名 Nuclear Architecture, Lipids, and Phase Separation, Prague (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 伊藤汰凱、高橋大輔、日下部将之、原田昌彦
2. 発表標題 転写制御及び抗体遺伝子多様化におけるヒストンバリエントH2A.Zアセチル化修飾の寄与
3. 学会等名 日本生化学会 東北支部 第85回例会・シンポジウム
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 尾間 由佳子、折原 行希、高橋 大輔、小西 辰紀、原田 昌彦
2. 発表標題 DNA 損傷により誘導される姉妹染色分体間接着へのコヒーシンスUMO化と核膜孔複合体の関与
3. 学会等名 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
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 尾間 由佳子、折原 行希、高橋 大輔、小西 辰紀、原田 昌彦
2. 発表標題 DNA損傷損傷部位-核膜孔複合体間相互作用の損傷誘導的コヒージョンへの関与
3. 学会等名 酵母遺伝学フォーラム第52回研究報告会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 北川紗帆、日下部将之、奥 裕之、高橋大輔、成宮 巧、中林 悠、関 政幸、原田昌彦
2. 発表標題 ヒストンバリエント H2A.Z 機能構造の進化的保存性の解析
3. 学会等名 第52回酵母遺伝学フォーラム
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 上野佑也、町田奈々子、山本浩志、山崎祥他、原田昌彦
2. 発表標題 細胞核内のアクチン繊維形成によるゲノム機能制御解明と人為操作の試み
3. 学会等名 東北大学&理研 第1回ワークショップ
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 高橋祐人、町田奈々子、Tom Misteli、Robert Grosse、宮本圭、原田昌彦
2. 発表標題 早老症細胞における核内アクチン動態変化の解析
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 Daisuke Takahashi, Saho Kitagawa, Arisa Oda, Ryo Kariyazono, Yukako Oma, Kunihiro Ohta, Masahiko Harata
2. 発表標題 ヒストンバリエントH2A.Z のクロマチン導入部位決定機構解析
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 荻原望、高橋大輔、堀哲也、深川竜郎、原田昌彦
2. 発表標題 酸化ストレスに応答した転写制御におけるヒストンバリエントH2A.Zアイソフォームの機能解析
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 2020年

1. 発表者名 原田海、秋山佑亮、高橋祐一郎、町田奈々子、Cristian Heinis、原田昌彦
2. 発表標題 二重環状ペプチドによるINO80クロマチンリモデリング複合体活性の人為的制御
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 2020年

1. 発表者名 尾間 由佳子、折原 行希、高橋 大輔、小西 辰紀、原田 昌彦
2. 発表標題 DNA損傷修復における細胞核構造とクロマチンの相互作用：その機構解明と人為操作
3. 学会等名 日本農芸化学会2020年度大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 高橋祐人、町田奈々子、山本浩志、山崎祥他、原田昌彦
2. 発表標題 エピジェネティック制御における細胞核内F-アクチンの機能解析
3. 学会等名 日本生化学会東北支部 第84会例会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Yukako Oma, Yuki Orihara, Daisuke Takahashi, Tatsunori Konishi, Masahiko Harata
2. 発表標題 Contribution of nuclear pore complex to DNA damage-induced sister chromatid cohesion through promoting SUMOylation of cohesin
3. 学会等名 The Joint Annual Meeting of 51st JSDB and 70th JSCB (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 尾間由佳子、折原行希、高橋大輔、小西辰紀、原田昌彦
2. 発表標題 DNA損傷誘導的コヒージョンにおけるコヒーシンSUMO化と核膜孔複合体の関与
3. 学会等名 酵母遺伝学フォーラム第51回研究報告会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 尾間由佳子、折原行希、高橋大輔、小西辰紀、原田昌彦
2. 発表標題 DNA損傷修復における細胞核構造の役割：出芽酵母をモデル系とした解析
3. 学会等名 農芸化学会 東北・北海道合同支部大会（東北支部第153回大会）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 成宮 巧、日下部 将之、折原 行希、尾間 由佳子、原田 昌彦
2. 発表標題 がん細胞で検出されるヒストンバリエントH2A.Z変異体の解析
3. 学会等名 日本農芸化学会東北支部第153回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 高橋 大輔、日下部 将之、折原 行希、尾間 由佳子、原田 昌彦
2. 発表標題 ヒストンバリエントH2A.Zにおけるがん関連変異の遺伝子破壊細胞を用いた解析
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 町田 奈々子、村上 寛和、秋山 祐亮、Christian Heinis、Bertoldo Davide、原田 昌彦
2. 発表標題 核内アクチンによるクロマチン構造制御機能の解明に向けたアクチン結合ペプチドの開発と評価
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 平塚晶吾、町田奈々子、Christian Heinis、Bertoldo Davide、原田昌彦
2. 発表標題 転写マシナリーへの核内アクチンの寄与：核移行性アクチン結合環状ペプチドによる解析
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 原田昌彦
2. 発表標題 クロマチン構造形成におけるH2A.Zの機能とその進化的保存性
3. 学会等名 第5回ヒストンバリエーション研究会（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 原田昌彦
2. 発表標題 農学分野への応用が期待される革新的イメージング技術
3. 学会等名 多元物質科学研究所放射光産学連携準備室第1回ワークショップ（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Masahiko Harata
2. 発表標題 Cross-talk of histone and actin families affect chromosome dynamics in mitotic and interphase cells
3. 学会等名 22nd International Chromosome Conference（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Masahiko Harata
2. 発表標題 Functional Interactions between actin, ARPs and chromatin
3. 学会等名 ASCB-EMBO 2018 Meeting (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Ginji Yokoyama, Danilo Pietretti, Jules Petit, Daisuke Takahashi, Masahiko Harata, Geert F. Wiegertjes
2. 発表標題 Influence of epigenetic changes in trained immunity in common carp (Cyprinus Carpio)
3. 学会等名 19th Fish Immunology Workshop (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Yuto Takahashi, Nanako Machida, Christian Heinis, Masahiko Harata
2. 発表標題 Functional analysis of nuclear actin: approach with bicyclic peptides binding to nuclear G-actin
3. 学会等名 22nd International Chromosome Conference (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Takahashi D, Kusakabe M, Narimiya T, Kitagawa S, Oma Y, Harata M
2. 発表標題 Involvement of histone variant H2A.Z in chromosomal segregation: analysis by genetic complementation system with H2A.Z knockout cells
3. 学会等名 22nd International Chromosome Conference (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Masahiko Harata
2. 発表標題 Contribution of actin family proteins to nuclear organization
3. 学会等名 2018 4D Nucleome-ASCB Satellite meeting (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 高橋祐人、町田奈々子、Tom Misteli、Robert Grosse、宮本圭、原田昌彦
2. 発表標題 早老症モデル細胞における核内アクチン状態の解析
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 高橋大輔、北川紗帆、小田有沙、仮屋園遼、尾間由佳子、太田邦史、原田昌彦
2. 発表標題 ヒストンバリエントH2A.Zのクロマチン導入部位決定機構解析
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 北川紗帆、日下部将之、奥裕之、高橋大輔、成宮巧、中林悠、関政幸、原田昌彦
2. 発表標題 ヒストンバリエントH2A.Z機能構造の進化的保存性の解析
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 原田 海、秋山祐亮、高橋裕一朗、町田奈々子、HEINIS Christian、原田昌彦
2. 発表標題 二重環状ペプチドを用いた INO80 クロマチンリモデリング複合体機能の人為制御
3. 学会等名 日本農芸化学会2019年度大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 荻原 望、高橋大輔、日下部将之、原田昌彦
2. 発表標題 脊椎動物ヒストンバリエント H2A.Z のアイソフォーム間での転写制御機構の差異の解析
3. 学会等名 日本農芸化学会2019年度大会
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

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	太田 邦史 (Ohta Kunihiro) (90211789)	東京大学・大学院総合文化研究科・教授 (12601)	

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
---------	---------