

令和 6 年 5 月 10 日現在

機関番号：82401

研究種目：基盤研究(S)

研究期間：2018～2022

課題番号：18H05276

研究課題名(和文)コンデンシンIとIIの分子メカニズムの解明

研究課題名(英文)Molecular mechanisms of condensins I and II

研究代表者

平野 達也(Hirano, Tatsuya)

国立研究開発法人理化学研究所・開拓研究本部・主任研究員

研究者番号：50212171

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 148,800,000円

研究成果の概要(和文)：多くの真核細胞において、2種の異なるコンデンシン複合体(コンデンシンIとII)が協調して分裂期染色体構築に関わる。両者の分子メカニズムを理解するため、カエル卵抽出液を利用して、組換え型コンデンシン複合体(野生型及び各種変異型)の機能解析を行なった。その結果、2つの複合体の類似性と相違性を明らかにすることができた。また、それぞれの複合体に固有の天然編成領域がリン酸化を介した細胞周期制御に関与していることがわかった。数理モデリングとシミュレーションにより、コンデンシンによって生み出される超らせん構造が染色体構築に大きく寄与することが示唆された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究の成果は、分裂期染色体構築に中心的な役割を果たす2つのコンデンシン複合体の機能とその制御の理解に対して、実験と理論の両面から大きな貢献をするものである。本研究で得られた成果は、いずれも世界をリードするものであり、分裂期染色体構築を超えて周辺分野(例えばコヒーシオンによる間期染色体構築)に対して大きなインパクトを与えるものである。その意味において学術的意義はきわめて大きい。

研究成果の概要(英文)：In many eukaryotic cells, two distinct condensin complexes (condensins I and II) cooperate to support mitotic chromosome assembly. To understand the molecular mechanisms of action of the two complexes, we performed a comprehensive set of functional analyses of recombinant complexes (wild type and various mutants) using frog egg extracts. As a result, we were able to identify functional similarities and differences between condensins I and II. We also found that an intrinsically disordered region unique to each complex is involved in phosphorylation-mediated cell cycle regulation. Mathematical modeling and simulations revealed the possibility that the superhelical tension introduced by condensins contributes to mitotic chromosome assembly.

研究分野：細胞生物学

キーワード：細胞生物学 生化学 数理生物学 染色体 細胞分裂

様式 C - 19、F - 19 - 1 (共通)

1. 研究開始当初の背景

過去20年余りの研究により、2種のコンデンシン複合体(コンデンシン I と II)が分裂期染色体構築の主役であるというコンセンサスは揺るぎないものとなった。しかし、これらの巨大なタンパク質複合体がどのようなメカニズムを通して染色体を作り上げているかという根本的な問題についての理解は、まだ端緒についたばかりである。

研究代表者・平野の研究室では、内在性のコンデンシンを組換え型コンデンシン I (野生型及び変異型)に置き換えて、その機能を検証しようとするアプローチを確立した。さらには、従来用いられてきたカエル精子核の代わりにマウス精子核を基質として利用することにより、この染色体構築系の可能性を大きく広げた。組換え型複合体を用いた実験系は、今後コンデンシン II の機能解析についても適用されるべきであり、またマウス精子核の利用は組換え型コンデンシンの機能解析にも深い洞察を与えることが期待される。

コンデンシン I とコンデンシン II 複合体は、コアとなる SMC サブユニット (SMC2 と SMC4) を共有するが、異なるセット制御サブユニットを有する。これまで、脊椎動物のコンデンシンの生化学活性の解析は、カエル卵抽出液あるいは HeLa 細胞核抽出液から精製した天然型コンデンシン I を用いた解析に限られていた。コンデンシン II に至っては、天然型複合体の精製やその解析すら報告されていない。本研究グループでは、(コンデンシン I に続いて)組換え型コンデンシン II 複合体の発現・精製にも成功しているばかりでなく、組換え型 cyclin B-Cdk1 を用いたコンデンシン I のリン酸化反応を試験管内に再現する準備を整えている。分裂期染色体構築を理解するためには、コンデンシン I とコンデンシン II の生化学活性のうち、何が共通しており何が固有なのかを明らかにしていくことが特に重要である。

一方、こうした生化学実験を相補する有力なアプローチの一つが、数理モデリングとシミュレーションである。研究分担者・立川は、染色体の形作りと分離の問題に取り組んでおり、平野との共同研究を通してコンデンシン間の相互作用がこれらの過程に大きな役割を果たすことを示している。しかし現行のモデリングは第一世代というべきものであり、今後、2つのコンデンシンの異なる時空間的挙動や役割を考慮したモデリングに発展させる必要がある。

2. 研究の目的

分裂期の染色体構築は、複製した遺伝情報を二つの娘細胞に分配するために必須な準備過程である。研究代表者・平野は、この過程に中心的な役割を果たす二つのタンパク質複合体(コンデンシン I と II)を発見し、その生体内機能および分子メカニズムの研究において世界をリードしてきた。最近では、コンデンシン I を含むわずか6種類の精製タンパク質を用いて染色体様構造を試験管内に再構成することに成功したばかりでなく、ヌクレオソーム形成が起こらない条件下においてもコンデンシンに依存して染色体様構造が構築されうることを示して世界を驚かせた。本研究の目的は、**生化学と数理モデリングという2つの相補的なアプローチを組み合わせることにより、コンデンシン I と II の共同作業による染色体構築の分子メカニズムの全貌を明らかにすることにある。**

3. 研究の方法

(1) カエル卵抽出液を利用したコンデンシン I と II の機能解析

組換え型コンデンシン I 複合体とコンデンシン II 複合体を内在性のコンデンシンを除去したカエル卵抽出液に導入し、その機能を検定する実験系を確立する。野生型複合体を用いて実験系を確立したのち、様々な変異型複合体(サブユニット欠失型・天然変性領域欠失型・点変異型)を調整しそれらが示す表現型を観察することによって、2つのコンデンシン複合体の作用機序についての情報を得る。

(2) コンデンシン I と II の比較生化学

上記で調製した野生型及び変異型複合体の活性を extract-free の条件下で比較検討する。コンデンシンの活性は分裂期特異的リン酸化によって制御されていることが知られているため、組換え型 cyclin B-Cdk1 を調整し、コンデンシン I とコンデンシン II を適切にリン酸化する条件を確立する。その上で、各種機能アッセイにおいて非リン酸化型とリン酸化型複合体の活性を比較する。特に、ループ押し出し活性の解析に力を入れたい。

(3) コンデンシン機能の数理モデリングとシミュレーション

コンデンシンにはループ押し出し活性とともに、DNA にねじれを入れて超らせん化を促進させるねじれ活性の存在が実験的に示されているが、コンデンシンが超らせんを生み出すメカニズムは分かっていない。そこで、新たにねじれと曲げに対する復元力を正しく組み込んだ DNA モデルおよびねじれ活性を持つコンデンシンモデルを構成し、シミュレーションすることで超らせん形成とその染色体凝縮のメカニズムを明らかにする。

4. 研究成果

(1) カエル卵抽出液を利用したコンデンシン I と II の機能解析

- コンデンシン I 複合体とコンデンシン II 複合体は、それぞれ5つのサブユニットから構成される。組換え型サブユニットを昆虫細胞内で共発現させ、それぞれの複合体を2ステップのカラムクロマトグラフィーで精製する方法を確立した (Kinoshita et al, 2022; Yoshida et al, 2022)。
- 内在性のコンデンシン I と II を除去したカエル卵抽出液に組換え型コンデンシン I あるいはコンデンシン II 複合体を添加して、それらの機能を検定するアッセイ系 (standard add-back assay) を確立した。さらにトポイソメラーゼ II (topo II) を除去した条件下で同様のアッセイ (topo II-depleted add-back assay) を行うことにより、それぞれの複合体の機能についてより深い洞察を得ることに成功した (Kinoshita et al, 2022; Yoshida et al, 2022; Yoshida et al, 2024)。
- コンデンシン I の変異型複合体 (サブユニット欠失型、天然変性領域欠失型、点変異型) を多数作製し、上記の機能アッセイに供した。その結果、これらの変異型複合体は、大きく2つのクラス (hyper-compaction を引き起こす class 1 と hypo-compaction を引き起こす class 2) に分類することができた (Kinoshita et al, 2022)。
- コンデンシン II 野生型複合体が示す表現型はコンデンシン I 変異型複合体 class 1 が示す表現型に似ていることがわかった。また、コンデンシン II から C 末端天然変性領域 (D3 C-tail) を削除すると、コンデンシン I 野生型複合体様の活性を有することがわかった (Yoshida et al, 2024)。このように、変異を導入することによって、コンデンシン I をコンデンシン II 様に、コンデンシン II をコンデンシン I 様に変換することができた。
- コンデンシン I では、CAP-H サブユニットの N 末端天然変性領域 (HN-tail) が複合体の染色体結合に対して抑制的に働いていることがわかった (Tane et al, 2022)。一方、コンデンシン II では、CAP-D3 サブユニットの C 末端天然変性領域 (D3 C-tail) が複合体の染色体結合に対して抑制的に働いていることがわかった (Yoshida et al, 2022; Yoshida et al, 2024)。両複合体において、これらの領域の分裂期特異的リン酸化がその抑制を解除する役割を果たしている証拠を得た。すなわち、2つのコンデンシン複合体は、異なるサブユニットの異なる天然変性領域を使って細胞周期特異的制御を受けているらしい。
- このように、カエル卵抽出液を利用した機能アッセイを駆使することにより、コンデンシン I とコンデンシン II の類似性と相違性が明確に浮かび上がってきた。これらは世界をリードする知見であり、当初の目標を超える成果が上がったといえる。

(2) コンデンシン I と II の比較生化学

- 昆虫細胞から精製した組換え型コンデンシン I と II を活性化するためには、cyclin B-Cdk1 による適切なリン酸化が必須であると考えられた。そこで組換え型 cyclin B-Cdk1 とそのアダプタータンパク質 Suc1 の発現・精製法を確立し、十分に活性を有する標品を得ることに成功した (Shintomi et al, 2024, PLoS One)。
- 上記の cyclin B-Cdk1 及び Suc1 を用いてコンデンシン I と II のリン酸化条件を最適化した (Shintomi et al, 2024, PLoS One; Yoshida et al, 2024; 未発表)。Non-SMC サブユニットの天然変性領域 (特に HN-tail, D2 C-tail, D3 C-tail) が cyclin B-Cdk1 の良いターゲットになっていることが判明した。また、Suc1 存在下では、天然変性領域に存在する複数の部位が効率的にリン酸化されることがわかった。
- Extract-free 条件下で、組換え型コンデンシン複合体の複数の活性 (トポロジカル・ローディング、ATP 加水分解、ループ押し出し) を検定するためのアッセイ系を確立した (Kinoshita et al, 2022; Yoshida et al, 2022; Tane et al, 2022; 未発表)。特に、コンデンシン I の野生型および各種変異型複合体のループ押し出し活性を比較した結果、ループ押し出し活

性の有無だけからはカエル卵抽出液中における染色体形成能の違いを説明することができないことがわかった (Kinoshita et al, 2022)。現在、リン酸化がループ押し活性に与える影響を検討するとともに、コンデンシン II の野生型および各種変異型複合体の解析も進めている (未発表)。

- このように、若干の遅れはあるものの、ほぼ当初の計画通りに研究が進んだ。ここで得られた成果はいずれも世界初の成果である。また、ここで準備した数々のタンパク質標品は今後の研究で有効活用することができる。引き続き、多くの新しい情報を提供してくれるものと期待することができる。

(3) コンデンシン機能の数理モデリングとシミュレーション

- コンデンシンの時空間的挙動や役割を考慮した染色体凝縮過程の数理モデリングとシミュレーションを進めるにあたり、まず、凝縮過程でのクロマチン繊維に起きうるエネルギー変化量の見積りを行った。染色体はコンデンシンによって形態自由度を制限されたクロマチン繊維であり、この制限による自由エネルギーの上昇はコンデンシンのモーター活性が生み出す仕事として供給されていると考えられる。凝縮状態のクロマチン繊維の配位を転送行列法によって求めることで染色体凝縮過程における自由エネルギー変化を見積り、コンデンシンのモーター活性との比較を行った。モーター活性のエネルギー源として 熱ゆらぎ ATP 加水分解を候補として比較したところ、熱ゆらぎ駆動モデルにおいて 1 反応サイクルあたりのループ伸長は 150 nm 程度となり、十分な伸長効率がえられないことが分かった。一方 ATP 駆動モデルでは、1 反応サイクルあたりのループ伸長は 1850 nm 程度であり、13 サイクルでヒト染色体で観察されるループサイズを形成することができるため、モデルとして妥当であると結論付けた (Yokota & Tachikawa, 2022)。
- コンデンシンのループ押し活性とねじれ活性がどのように DNA の高次構造を生み出すのか調べるためには、まず、ループ伸長活性およびねじれ活性を持つコンデンシンのモデルと、ねじれと曲げに対する復元力を持つ DNA のモデルを持つシミュレーターの構築が必要となる。そのため、まず主鎖と副鎖がバネビーズで構成されており、ねじれ角が定義できる DNA 様ポリマーの数理モデルを構築した。またこの DNA 様ポリマーモデルのループ構造をねじれ角を固定した状態で把持するコンデンシンモデル (力学ポテンシャル) を設計し、ループ伸長と共にループ内にねじれが蓄積するようポテンシャル変化プロセスを定めた。この DNA-コンデンシンモデルのテストシミュレーションをパラメータ調整しながら行うことで、ループ伸長と共にループ内にねじれを蓄積させられることを示した (Yokota & Tachikawa, 2024)。
- 上で構築した DNA-コンデンシンモデルシミュレーターを用いてループ・ねじれ形成シミュレーションを行い、どのような高次構造が構築されるか調べた。その結果、異符号のねじれがループ内とループ外に形成され、このループ内外のねじれが協同的に超らせん構造を生み出すことを見出した。この協同性により形成される超らせん構造はコンデンシンが把持して形成するループの外側にも広がり、実質的なループサイズを拡大する働きを持つ。また境界条件を様々に変えたシミュレーションの結果から、この超らせん構造のループ外への拡大は染色体密度等の物理的環境に依存して決まることを示した。これらの結果はコンデンシンがループの根元に配置されるとするモデルを更新するものであり、多コンデンシンによる入れ子状ループ形成においてもねじれおよびらせん構造が重要であることを示している。(Yokota & Tachikawa, in preparation)。
- 本研究の成果は、コンデンシンのねじれ活性により生み出される超らせん構造が染色体凝縮に大きく寄与する可能性を示唆している。これまでループ押し活性が注目され理論実験の双方から解析されてきたが、われわれの結果は従来の描像に再考を促すものであり、染色体凝縮メカニズムの解明を目指す国内外の研究コミュニティに大きなインパクトを与えるものである。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計13件（うち査読付論文 13件／うち国際共著 1件／うちオープンアクセス 5件）

1. 著者名 K. Kinoshita, Y. Tsubota, S. Tane, Y. Aizawa, R. Sakata, K. Takeuchi, K. Shintomi, T. Nishiyama, and T. Hirano	4. 巻 221
2. 論文標題 A loop extrusion-independent mechanism contributes to condensin I-mediated chromosome shaping	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 J. Cell Biol.	6. 最初と最後の頁 e202109016
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1083/jcb.202109016	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 K. Shintomi and T. Hirano	4. 巻 12
2. 論文標題 Guiding functions of the C-terminal domain of topoisomerase IIa advance mitotic chromosome assembly	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Nat. Commun.	6. 最初と最後の頁 2917
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41467-021-23205-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 -
1. 著者名 Hara, K., K. Kinoshita, T. Migita, K. Murakami, K. Shimizu, K. Takeuchi, T. Hirano, and H. Hashimoto	4. 巻 209
2. 論文標題 Structural basis of HEAT-kleisin interactions in the human condensin I subcomplex	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 EMBO Rep.	6. 最初と最後の頁 e47183
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.15252/embr.201847183	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 Sakai, Y., T. Hirano, and M. Tachikawa	4. 巻 2004
2. 論文標題 Molecular dynamics simulations of condensin-mediated mitotic chromosome assembly	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Methods in Mol. Biol.	6. 最初と最後の頁 319-334
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1007/978-1-4939-9520-2_22	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 K. Shintomi, Y. Masahara-Negishi, Masami Shima, Shoji Tane, and T. Hirano	4. 巻 19
2. 論文標題 Recombinant cyclin B-Cdk1-Suc1 capable of multi-site mitotic phosphorylation in vitro	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 PLoS One	6. 最初と最後の頁 e0299003
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0299003	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 H. Yokota, and M. Tachikawa	4. 巻 11
2. 論文標題 Simulation study on "torsion" and local structure of chromosome: Loop structure via torsion-adding loop extrusion	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 JASSE	6. 最初と最後の頁 54-72
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.15748/jasse.11.54	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 M. M. Yoshida, M. M., K. Kinoshita, K. Shintomi, Y. Aizawa and T. Hirano	4. 巻 35
2. 論文標題 Regulation of condensin II by self-suppression and release mechanisms	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Mol. Biol. Cell	6. 最初と最後の頁 ar21
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1091/mbc.E23-10-0392	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 T. Yamamoto, K. Kinoshita, and T. Hirano	4. 巻 122
2. 論文標題 Elasticity control of entangled chromosomes: crosstalk between condensin complexes and nucleosomes	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Biophys J.	6. 最初と最後の頁 P3869-3881
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.bpj.2023.08.006	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 M. Sun, M. H. Amiri, A. B. Tong, K. Shintomi, T. Hirano, C. Bustamante, and R. Heald	4. 巻 120
2. 論文標題 Monitoring the compaction of single DNA molecules in <i>Xenopus</i> egg extract in real time	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Proc. Natl. Acad. Sci. USA.	6. 最初と最後の頁 e2221309120
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1073/pnas.2221309120	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 S. Tane, K. Shintomi, K. Kinoshita, Y. Tsubota, M. M. Yoshida, T. Nishiyama, and T. Hirano	4. 巻 11
2. 論文標題 Cell cycle-specific loading of condensin I is regulated by the N-terminal tail of its kleisin subunit	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 eLife	6. 最初と最後の頁 e84694
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.7554/eLife.84694	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 M. M. Yoshida, K. Kinoshita, Y. Aizawa, S. Tane, D. Yamashita, K. Shintomi, and T. Hirano	4. 巻 11
2. 論文標題 Molecular dissection of condensin II-mediated chromosome assembly using in vitro assays	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 eLife	6. 最初と最後の頁 e78984
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.7554/eLife.78984	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 H. Yamazaki, M. Takagi, H. Kosako, T. Hirano, and S. H. Yoshimura	4. 巻 24
2. 論文標題 Cell cycle-specific phase separation regulated by protein charge	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Nat. Cell Biol.	6. 最初と最後の頁 625-632
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41556-022-00903-1	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 H. Yokota, and M. Tachikawa	4. 巻 2022
2. 論文標題 Evaluation of loop formation dynamics in a chromatin fiber during chromosome condensation	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Prog. Theor. Exp. Phys.	6. 最初と最後の頁 053J01
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/ptep/ptac065	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41件 (うち招待講演 26件 / うち国際学会 23件)

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 Modality of mitotic chromosomes
3. 学会等名 The 44th Annual Meeting of the Molecular Biology Society of Japan (Virtual) (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 A loop extrusion-independent mechanism contrivutes to chromosome shaping
3. 学会等名 The second meeting on "Genome Modality" (Virtual) (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 DNA topology in mitotic chromosome assembly and shaping
3. 学会等名 EMBO Workshop on "DNA topology in genomic transactions" (Virtual) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 M. Tachikawa
2. 発表標題 Self-organized formation of Golgi apparatus
3. 学会等名 RIKEN BDR Symposium 2022 (Virtual) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 M. Tachikawa
2. 発表標題 Physical model simulations for understanding the structures of organelles
3. 学会等名 5th NanoLSI Symposium (Virtual) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 Unexpected functional crosstalk between topoisomerase II and a linker histone
3. 学会等名 121st International Titisee Conference (Virtual) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 Condensin-based chromosome organization: new insights from in vitro assays
3. 学会等名 ASCB EMBO 2019 meeting (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 The two faces of condensin I
3. 学会等名 第42回日本分子生物学会年会 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 The two faces of condensin I
3. 学会等名 EMBO Workshop on "SMC proteins" (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 Condensin-based chromosome organization: new insights from cell-free extracts
3. 学会等名 Gordon Research Conference on "Chromosome Dynamics" (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 横田宏, 立川正志
2. 発表標題 生体高分子におけるloop構造のエネルギー定量化のモデル
3. 学会等名 第9回 高分子物理学研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 横田宏, 立川正志
2. 発表標題 生体高分子における loop構造のエネルギー定量化のモデル
3. 学会等名 日本数理生物学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 横田宏, 立川正志
2. 発表標題 生体高分子における loop構造のエネルギー定量化のモデル
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 横田宏, 立川正志
2. 発表標題 生体高分子における loop構造のエネルギー定量化のモデル
3. 学会等名 第75回日本物理学会年次大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 Condensin-based chromosome organization: new insights from in vitro assays
3. 学会等名 ASCB EMBO 2019 meeting (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 The two faces of condensin I
3. 学会等名 第42回日本分子生物学会年会 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 The two faces of condensin I
3. 学会等名 EMBO Workshop on "SMC proteins" (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 Condensin-based chromosome organization: new insights from cell-free extracts
3. 学会等名 Gordon Research Conference on "Chromosome Dynamics" (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 横田宏, 立川正志
2. 発表標題 生体高分子におけるloop構造のエネルギー定量化のモデル
3. 学会等名 第9回 高分子物理学研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 横田宏, 立川正志
2. 発表標題 生体高分子における loop構造のエネルギー定量化のモデル
3. 学会等名 日本数理生物学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 横田宏, 立川正志
2. 発表標題 生体高分子における loop構造のエネルギー定量化のモデル
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 横田宏, 立川正志
2. 発表標題 生体高分子における loop構造のエネルギー定量化のモデル
3. 学会等名 第75回日本物理学会年次大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 A tale of two condensins: molecular dissection of mitotic genome folding machines
3. 学会等名 RIKEN International Symposium on "Nuclear Structure and Function" (招待講演)(国際学会)
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 Condensins and mitotic genome folding
3. 学会等名 Research Lectures at Nobel Forum (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 横田宏, 立川正志
2. 発表標題 ねじれの効果を考慮したループ押し出しによる染色体の局所構造
3. 学会等名 第41回染色体ワークショップ
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 Mitotic chromosome assembly: what happens when DNAs remain entangled?
3. 学会等名 BIE International Symposium 2024 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 How does condensin II differ from condensin I?
3. 学会等名 The 4th Meeting on "Genome Modality" (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 H. Yokota, M. Tachikawa, Y. Nishimura
2. 発表標題 Understanding chromosome condensation based on dynamical modes of twistable-polymer
3. 学会等名 The 4th Meeting on "Genome Modality" (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 Mitotic genome folding by topoisomerase II and condensins
3. 学会等名 Department Seminar, Karolinska Institutet (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 H. Yokota and M. Tachikawa
2. 発表標題 Simulation study on "torsion" and local structure of chromosome: Loop structure via one side loop extrusion with twist deformation
3. 学会等名 The 42nd JSST Annual International Conference on Simulation Technology (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 A tale of two condensins: molecular dissection of mitotic genome folding machines
3. 学会等名 The 11th International Conference on Biological Physics (ICBP2023) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 A tale of two condensins: molecular dissection of mitotic genome folding machines
3. 学会等名 Gordon Research Conference on “Chromosome Dynamics” (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 Genome building without TADs (in mitosis)
3. 学会等名 Mini-symposium on “Genome Building from TADs” (招待講演)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 Comparative molecular dissection of condensins I and II
3. 学会等名 The 3rd Meeting on “Genome Modality” (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 H. Yokota and M. Tachikawa
2. 発表標題 Understanding chromosome condensation during mitotic phase through twist-bend coupling.
3. 学会等名 The 3rd Meeting on “Genome Modality” (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 横田宏, 立川正志
2. 発表標題 Twist変形を伴う片側ループ押し出し機構によるループ構造のループ長さ依存性
3. 学会等名 ソフトバイオ研究会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 Mitotic genome folding by topoisomerase II and condensins
3. 学会等名 The 125th International Titisee Conference on "Genome folding: physics and function" (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 Condensins: what we know and what we don't know
3. 学会等名 Biochemical Society Meeting on "Genome organization by SMC complexes" (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 横田宏, 立川正志
2. 発表標題 熱的に駆動されるクロマチンループ生成の動力学とその妥当性
3. 学会等名 高分子物理学研究会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 T. Hirano
2. 発表標題 Modality of mitotic chromosomes
3. 学会等名 The 74th Annual Meeting of the Japan Society for Cell Biology (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 横田宏, 立川正志
2. 発表標題 熱的なクロマチンループ形成のダイナミクスとその妥当性
3. 学会等名 ゲノムモデリング研究会 (招待講演)
4. 発表年 2022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	立川 正志 (Tachikawa Masashi) (30556882)	国立研究開発法人理化学研究所・数理創造プログラム・客員 研究員 (82401)	

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