

令和 5 年 6 月 18 日現在

機関番号：12601

研究種目：基盤研究(A) (一般)

研究期間：2019～2022

課題番号：19H00995

研究課題名(和文) 抑制と抗抑制によるエピゲノム分化機構の解明と操作

研究課題名(英文) Controlling mechanisms of epigenome by silencing and anti-silencing

研究代表者

角谷 徹仁 (Kakutani, Tetsuji)

東京大学・大学院理学系研究科(理学部)・教授

研究者番号：20332174

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 34,500,000円

研究成果の概要(和文)：(1)シロイヌナズナの抗抑制因子であるH3K9脱メチル化酵素IBM1の変異体で誘発される発生異常を抑圧する変異としてH3K4me1脱メチル化酵素LDL2を同定していた。もう一つのH3K4me1脱メチル化酵素FLDが転写伸長を負に制御すること、またこれらと構造の類似したLDL3がH3K4me2を脱メチル化する活性が転写と共役していることを見出した。(2)H3K9meの確立にはCGメチル化が必要なことを示した。(3)トランスポゾンのコードする抗抑制タンパク質VANCとDNAの相互作用様式を原子間力顕微鏡および結晶解析で明らかにした。また、VANCの標的がRNAiの標的であることを示した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

塩基配列以外の形で遺伝子のON/OFF情報が継承されるエピゲノム制御は個体発生、環境応答、ゲノム進化などの重要な生命現象に関与する。活性のある領域と不活性な領域とにエピゲノムが分化することは、遺伝子の適切な発現を保証するのに加え、トランスポゾンなどの反復配列を安定的に抑制するのにも重要である。本課題では、シロイヌナズナのヒストン修飾やDNAメチル化に関与する変異体、およびトランスポゾンのコードする抗抑制因子を用いた遺伝学およびゲノム学アプローチで、抑制と抗抑制経路の理解を大きく進めた。これらの成果はエピゲノムの理解につながると期待できる。

研究成果の概要(英文)：(1)Arabidopsis mutations in H3K9 demethylase IBM1 induces genic accumulation of H3K9me and developmental defects. This defect is suppressed by mutations of H3K4me1 demethylase LDL2. In addition, another H3K4me1 demethylase FLD control transcriptional elongation negatively. On the other hand, H3K4me2 is removed from transcribed genes by another demethylase LDL3. (2) Importance of CG methylation for establishment of H3K9me is shown. (3) Mode of interaction between a transposon-encoded anti-silencing factor VANC and the target DNA was shown by AFM and structural analysis. It is shown that target sequence of VANC are subject of RNAi-based silencing by host.

研究分野：植物遺伝学

キーワード：DNAメチル化 ヒストン修飾 クロマチン トランスポゾン エピゲノム

1. 研究開始当初の背景

塩基配列以外の形で遺伝子の ON/OFF 情報が継承されるエピゲノム制御は個体発生、環境応答、ゲノム進化などの重要な生命現象に關与する。活性のある領域と不活性な領域とにエピゲノムが分化することは、遺伝子の適切な発現を保證するのに加え、トランスポゾンなどの反復配列を安定的に抑制するのにも重要である。安定的なエピゲノム分化の確立には抑制と抗抑制との両方が必要であるが、後者(抗抑制)の研究は、その重要性にもかかわらず、大部分が未開拓であった。

2. 研究の目的

私達は、シロイヌナズナの DNA 低メチル化変異体で誘発される発生異常を遺伝解析するという独自のアプローチにより、DNA 低メチル化で可動化されるトランスポゾン配列を多数見出し、その動態の研究から、新奇の配列特異的抗抑制因子とその標的配列を見出している。また、転写されている領域から抑制目印を除く活性のあるタンパク質 IBM1 を順遺伝学的アプローチで同定し、その遺伝解析から、遺伝子内修飾のエピゲノム分化へのインパクトを示していた。本提案では、これらの蓄積を生かし、エピゲノム分化機構の理解のため、以下の二つの関連した大きな問いに答を出すことを目的とした。

問1「遺伝子内抗抑制修飾はどのように制御され、どのように表現型に貢獻するか？」

問2「配列特異的抗抑制因子はどのような機構でゲノムの広範囲に影響するか？」

3. 研究の方法

問1「遺伝子内抗抑制修飾はどのように制御され、どのように表現型に貢獻するか？」

これまで私達は、遺伝子内抗抑制における H3K4me1 の重要性を明らかにしてきた。本課題では、H3K4me1/2/3 に影響する因子の変異体を用いることで、その役割と制御機構、および発生の文脈でのエピゲノム相互作用とその分化機構および表現型へのインパクトを解明した。

問2「配列特異的抗抑制因子はどのような機構でゲノムの広範囲に影響するか？」

遺伝学とゲノミクスに基づくアプローチ及び構造生物学的アプローチをとる。前者では、抑制修飾の解除される変異体の heritable な効果を利用して、トランスに働く抗抑制効果を網羅的に解析するアプローチと、抗抑制因子を除いた後の再抑制に影響する因子を遺伝学的に探索した。後者では VANC と標的 DNA との結合様式を原子間力顕微鏡及び結晶構造解析で明らかにした。

4. 研究成果

問1「遺伝子内抗抑制修飾はどのように制御され、どのように表現型に貢獻するか？」

シロイヌナズナの抗抑制因子である H3K9 脱メチル化酵素 IBM1 の変異体で誘発される発生異常を抑圧する変異として H3K4me1 脱メチル化酵素 LDL2 を同定していた。構造の類似した脱メチル化酵素 LDL3 が H3K9me2 を標的として再分化に貢獻すること(論文10)をふまえ、これが転写と共役して働くことを示した(Mori et al *bioRxiv*, 論文 revise 中)。また、構造の類似したもう一つの H3K4me1 脱メチル化酵素 FLD が転写伸長を負に制御することで開花に影響することを示した(論文8)。これらの H3K4 脱メチル化酵素に加え、7種類の H3Km4 メチル化酵素の変異体を用い、これらの酵素の H3K4me1/2/3 への影響と転写との関連を統一的に整理した(論文3)。

また、よく研究されている RNAi 依存の抑制修飾確立系に加え、RNAi に依存しない経路が存在することを示すとともに(論文9)その経路では CG 配列における DNA メチル化が鍵となることを示した(論文5)。またこの経路やクロマチンリモデリングの伴う抑制修飾維持にはヒストン H2A のバリエーションが關与することを示した(論文7、9)。

問2「配列特異的抗抑制因子はどのような機構でゲノムの広範囲に影響するか？」

トランスポゾンのコードする抗抑制タンパク質 VANC と DNA の相互作用様式を原子間力顕微鏡お

よび結晶解析で明らかにした（論文準備中）。また、継世代的に継承されるトランスポゾン脱抑制の網羅的な解析から抗抑制の祖先型と思われるシステムを同定した（論文4）。さらに、VANCの標的がRNAiの標的であることを示し、進化における意義を考察した（論文1）。

主な論文業績（すべて査読あり）

（原著論文）

1. Sasaki T, Kato K, Hosaka A, Fu Y, Toyoda A, Fujiyama A, Tarutani Y, Kakutani T (2023) Arms race between anti-silencing and RdDM in noncoding regions of transposable elements

EMBO Reports e56678

2. Asanuma T, Inagaki S, Kakutani T, Aburatani H, Murakami Y (2022) Tandemly repeated genes promote RNAi-mediated heterochromatin formation via an antisilencing factor, Epe1, in fission yeast. **Genes Dev** 36 1-15

3. Oya S, Takahashi M, Takashima K, Kakutani T, Inagaki S (2022) Transcription-coupled and epigenome-encoded mechanisms direct H3K4 methylation **Nature Communications** 13 4521

4. Sasaki T, Ro K, Caillieux E, Manabe R, Bohl-Viallefond G, Baduel P, Colot V, Kakutani T, Quadrana L (2022) Fast co-evolution of anti-silencing systems shapes the invasiveness of Mu-like DNA transposons in eudicots. **EMBO J** e110070

5. To TK, Yamasaki C, Oda S, Tominaga S, Kobayashi A, Tarutani Y, Kakutani T (2022) Local and global crosstalk among heterochromatin marks drives DNA methylome patterning in Arabidopsis. **Nature Communications** 13 861

6. Naish M, Alonge M, Wlodzimierz P, Tock AJ, Abramson BW, Schmücker A, Mandáková T, Jamge B, Lambing C, Kuo P, Yelina N, Hartwick N, Colt K, Smith LM, Ton J, Kakutani T, Martienssen RA, Schneeberger K, Lysak MA, Berger F, Bousios A, Michael TP, Schatz MC, Henderson IR (2021) The genetic and epigenetic landscape of the Arabidopsis centromeres. **Science** 374 (6569)

7. Osakabe A, Jamge B, Axelsson E, Montgomery SA, Akimcheva S, Kuehn AL, Pisupati R, Lorković ZJ, Yelagandula R, Kakutani T, Berger F (2021) The chromatin remodeler DDM1 prevents transposon mobility through deposition of histone variant H2A.W. **Nature Cell Biol**, 23, 391-400.

8. Inagaki S, Takahashi M, Takashima K, Oya S, Kakutani T (2021) Chromatin-based mechanisms to coordinate convergent overlapping transcription. **Nature Plants** 7, 295-302.

9. To TK, Nishizawa Y, Inagaki S, Tarutani Y, Tominaga S, Toyoda A, Fujiyama A, Berger F, Kakutani T (2020) RNA interference-independent reprogramming of DNA methylation in Arabidopsis. **Nature Plants** 6, 1455-1467.

10. Ishihara H, Sugimoto K, Tarr PT, Temman H, Kadokura S, Inui Y, Sakamoto T, Sasaki T, Aida M, Suzuki T, Inagaki S, Morohashi K, Seki M, Kakutani T, Meyerowitz EM, Matsunaga S. (2019) Primed histone demethylation regulates shoot regenerative competency. **Nature Communications**. 10, 1786

（総説）

11. Fukagawa T, Kakutani T (2023) Transgenerational epigenetic control of constitutive heterochromatin, transposons, and centromeres. **Curr Opin Genet Dev** 78, 102021

12. To TK, Kakutani T (2022) Crosstalk among pathways to generate DNA methylome **Curr Opin Plant Biol** 68, 102248

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計12件（うち査読付論文 12件 / うち国際共著 4件 / うちオープンアクセス 7件）

1. 著者名 To Taiko Kim, Yamasaki Chikae, Oda Shoko, Tominaga Sayaka, Kobayashi Akie, Tarutani Yoshiaki, Kakutani Tetsuji	4. 巻 13
2. 論文標題 Local and global crosstalk among heterochromatin marks drives DNA methylome patterning in Arabidopsis	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 861
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41467-022-28468-5	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 Osakabe Akihisa, Jamge Bhagyshree, Axelsson Elin, Montgomery Sean A., Akimcheva Svetlana, Kuehn Annika Luisa, Pisupati Rahul, Lorkovic Zdravko J., Yelagandula Ramesh, Kakutani Tetsuji, Berger Frederic	4. 巻 23
2. 論文標題 The chromatin remodeler DDM1 prevents transposon mobility through deposition of histone variant H2A.W	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Nature Cell Biology	6. 最初と最後の頁 391 ~ 400
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41556-021-00658-1	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 該当する
1. 著者名 Naish M, Alonge M, Wlodzimierz P, Tock AJ., Abramson BW., Schmcker A, Mandkov T, Jamge B, Lambing C, Kuo P, Yelina N, Hartwick N, Colt K, Smith LM, Ton J, Kakutani T, Martienssen RA, Schneeberger K, Lysak MA, Berger F, Bousios A, Michael TP, Schatz MC, Henderson IR	4. 巻 374
2. 論文標題 The genetic and epigenetic landscape of the Arabidopsis centromeres	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Science	6. 最初と最後の頁 eabi7489
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1126/science.abi7489	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 Yamaguchi Nobutoshi, Matsubara Satoshi, Yoshimizu Kaori, Seki Motohide, Hamada Kouta, Kamitani Mari, Kurita Yuko, Nomura Yasuyuki, Nagashima Kota, Inagaki Soichi, Suzuki Takamasa, Gan Eng-Seng, To Taiko, Kakutani Tetsuji, Nagano Atsushi J., Satake Akiko, Ito Toshiro	4. 巻 12
2. 論文標題 H3K27me3 demethylases alter HSP22 and HSP17.6C expression in response to recurring heat in Arabidopsis	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 3480
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41467-021-23766-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 Sasaki Taku, Ro Kyudo, Caillieux Erwann, Manabe Riku, Bohl Viallefond Gregoire, Baduel Pierre, Colot Vincent, Kakutani Tetsuji, Quadrana Leandro	4. 巻 41
2. 論文標題 Fast co evolution of anti silencing systems shapes the invasiveness of Mu like DNA transposons in eudicots	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 The EMBO Journal	6. 最初と最後の頁 e110070
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.15252/embj.2021110070	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 To Taiko Kim, Nishizawa Yuichiro, Inagaki Soichi, Tarutani Yoshiaki, Tominaga Sayaka, Toyoda Atsushi, Fujiyama Asao, Berger Frederic, Kakutani Tetsuji	4. 巻 6
2. 論文標題 RNA interference-independent reprogramming of DNA methylation in Arabidopsis	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Nature Plants	6. 最初と最後の頁 1455 ~ 1467
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41477-020-00810-z	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 Inagaki Soichi, Takahashi Mayumi, Takashima Kazuya, Oya Satoyo, Kakutani Tetsuji	4. 巻 7
2. 論文標題 Chromatin-based mechanisms to coordinate convergent overlapping transcription	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Nature Plants	6. 最初と最後の頁 295 ~ 302
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41477-021-00868-3	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 Higo Asuka, Saihara Noriko, Miura Fumihito, Higashi Yoko, Yamada Megumi, Tamaki Shojiro, Ito Tasuku, Tarutani Yoshiaki, Sakamoto Tomoaki, Fujiwara Masayuki, Kurata Tetsuya, Fukao Yoichiro, Moritoh Satoru, Terada Rie, Kinoshita Toshinori, Ito Takashi, Kakutani Tetsuji, Shimamoto Ko, Tsuji Hiroyuki	4. 巻 11
2. 論文標題 DNA methylation is reconfigured at the onset of reproduction in rice shoot apical meristem	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 4079
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-020-17963-2	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 -

1. 著者名 Rymen B, Kawamura A, Lambolez A, Inagaki S, Takebayashi A, Iwase A, Sakamoto Y, Sako K, Favero DS, Ikeuchi M, Suzuki T, Seki M, Kakutani T, Roudier F, Sugimoto K.	4. 巻 2
2. 論文標題 Histone acetylation orchestrates wound-induced transcriptional activation and cellular reprogramming in Arabidopsis.	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Communications Biology	6. 最初と最後の頁 404
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s42003-019-0646-5	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 Ito T, Nishio H, Tarutani Y, Emura N, Honjo MN, Toyoda A, Fujiyama A, Kakutani T, Kudoh H.	4. 巻 10
2. 論文標題 Seasonal Stability and Dynamics of DNA Methylation in Plants in a Natural Environment.	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Genes (Basel)	6. 最初と最後の頁 E544
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/genes10070544	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 Sasaki Taku, Kato Kae, Hosaka Aoi, Fu Yu, Toyoda Atsushi, Fujiyama Asao, Tarutani Yoshiaki, Kakutani Tetsuji	4. 巻 on line
2. 論文標題 Arms race between anti silencing and <sc>RdDM</sc> in noncoding regions of transposable elements	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 EMBO reports	6. 最初と最後の頁 e56678
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.15252/embr.202256678	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 Matsumura Yasuhiro, To Taiko Kim, Kunieda Takekazu, Kohno Hiroki, Kakutani Tetsuji, Kubo Takeo	4. 巻 12
2. 論文標題 Mblk-1/E93, an ecdysone related-transcription factor, targets synaptic plasticity-related genes in the honey bee mushroom bodies	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 21367
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-022-23329-z	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47件（うち招待講演 7件 / うち国際学会 11件）

1. 発表者名 Tetsuji Kakutani
2. 発表標題 Epigenetic control of transposable elements (TEs)
3. 学会等名 CHSA meeting, Integrative Epigenetics in Plants (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Taiko To, Tetsuji Kakutani
2. 発表標題 Local and global crosstalk among heterochromatin marks drives epigenome patterning in plants
3. 学会等名 第95回日本生化学会シンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Taiko To, Tetsuji Kakutani
2. 発表標題 Local and global crosstalk among heterochromatin marks drives epigenome patterning in plants
3. 学会等名 第1回非ゲノム情報複製シンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 藤泰子、角谷徹仁
2. 発表標題 非ゲノム情報のゲノム内パターン形成における非ゲノム情報間クロストーク - 植物の視点から -
3. 学会等名 第74回細胞生物学会 シンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 藤 泰子, 山崎慈恵, 小田頌子, 富永さやか, 竹内俊平, 角谷徹仁
2. 発表標題 2種のDNAメチル化間のクロストークが植物エピゲノムパターン形成を駆動する
3. 学会等名 第94回日本遺伝学会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Taiko To, Chikae Yamasaki, Shoko Oda, Shumpei Takeuchi, Sayaka Tominaga, Tetsuji Kakutani
2. 発表標題 Crosstalk between CG and non-CG DNA methylation drives plant epigenomic pattern formation
3. 学会等名 CHSA meeting, Integrative Epigenetics in Plants (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 越阪部晃永, 山崎慈恵, Jange Bhagyshree, 田中祐梨子, 小川公美, Lorkovic Zdravko, Berger Frederic, 角谷徹仁
2. 発表標題 クロマチンリモデリング因子によるヒストンバリエントダイナミクスを介したトランスポゾン調節機構
3. 学会等名 第15回日本エピジェネティクス研究会年会 (博多)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 越阪部晃永, 山崎慈恵, Jange Bhagyshree, 田中祐梨子, 小川公美, Lorkovic Zdravko, Berger Frederic, 角谷徹仁
2. 発表標題 遺伝子様エピゲノムを獲得したトランスポゾンの発現調節機構
3. 学会等名 第94回日本遺伝学会大会 (札幌)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 越阪部晃永、山崎慈恵、Jamge Bhagyshree、田中祐梨子、小川公美、Lorkovic Zdravko、Berger Frederic、角谷徹仁
2. 発表標題 ヒストンバリエントのダイナミクスを介したトランスポゾン調節機構
3. 学会等名 第95回日本生化学会大会（名古屋）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 越阪部晃永、滝沢由政、堀越直樹、Berger Frederic、胡桃坂仁志、角谷徹仁
2. 発表標題 DDM1によるクロマチンリモデリング活性とそのヒストンバリエント嗜好性
3. 学会等名 第45回日本分子生物学会年会（幕張）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Akihisa Osakabe, Yoshimasa Takizawa, Naoki Horikoshi, Frederic Berger, Hitoshi Kurumizaka, and Tetsuji Kakutani
2. 発表標題 Structural and biochemical analyses for the chromatin remodeling activity of DDM1
3. 学会等名 CHSA meeting, Integrative Epigenetics in Plants (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Akihisa Osakabe, Bhagyshree Jamge, Elin Axelsson, Sean A Montgomery, Svetlana Akimcheva, Annika Luisa Kuehn, Rahul Pisupati, Zdravko J Lorkovic, Ramesh Yelagandula, Tetsuji Kakutani, and Frederic Berger
2. 発表標題 DDM1 silences transposons by deposition of the histone variant H2A.W
3. 学会等名 International symposium on chromatin architecture: structure and function (オンライン) (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Satoyo Oya, Tetsuji Kakutani, Takumi Noyori, Soichi Inagaki
2. 発表標題 Comprehensive analyses of rules behind chromatin targeting of H3K4 methyltransferases
3. 学会等名 CHSA meeting, Integrative Epigenetics in Plants (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 森秀世, 大矢恵代, 稲垣宗一, 角谷徹仁
2. 発表標題 シロイヌナズナにおける転写と共役した遺伝子内H3K4メチル化の脱メチル化機構
3. 学会等名 第15回日本エピジェネティクス研究会年会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 森秀世, 大矢恵代, 稲垣宗一, 角谷徹仁
2. 発表標題 RNAポリメラーゼIICTDのリン酸化を介した新奇転写共役的H3K4me2脱メチル化機構
3. 学会等名 日本遺伝学会第94回大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Shusei Mori, Satoyo Oya, Soichi Inagaki, Tetsuji Kakutani
2. 発表標題 Co-transcriptional removal of H3K4me2 via targeting of demethylase to phosphorylated RNA polymerase II
3. 学会等名 Integrative epigenetics in plants, CSHA (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Sayuri Tsukahara, Akie Kobayashi, Akira Kawabe, Kae Kato, Leandro Quadrana, Basile Laduque, Tetsuji Kakutani
2. 発表標題 Targeted integrations of copia and gypsy retroelements into non-genic repetitive regions in Arabidopsis
3. 学会等名 CHSA meeting, Integrative Epigenetics in Plants (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 佐々木卓、盧達都、真鍋陸、角谷徹仁
2. 発表標題 VANDALトランスポゾンの脱抑制機構の進化
3. 学会等名 第94回日本遺伝学会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Shoko Oda, Sayaka Tominaga, Shunpei Takeuchi, Taiko To, Tetsuji Kakutani
2. 発表標題 The roles of histone H2A variants for the establishment of transposon-specific silent modification in Arabidopsis
3. 学会等名 CSHA meeting, Integrative Epigenetics in Plants (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Tetsuji Kakutani
2. 発表標題 How are transposable elements (TEs) specifically modified and silenced?
3. 学会等名 Cold Spring Harbor Asia "Integrative Epigenetics in Plants" Pre-conference (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 角谷徹仁
2. 発表標題 シロイヌナズナのトランスポゾンによる配列特異的な抗抑制系とその速い進化
3. 学会等名 日本遺伝学会第93回大会シンポジウム「ゲノム進化と多様性」(招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 小田頌子、藤泰子、富永さやか、角谷徹仁
2. 発表標題 シロイヌナズナのトランスポゾンにおける抑制修飾間のクロストーク
3. 学会等名 日本遺伝学会第93回大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 山崎慈恵、藤泰子、富永さやか、角谷徹仁
2. 発表標題 シロイヌナズナの遺伝子における抑制修飾間のクロストーク
3. 学会等名 日本遺伝学会第93回大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 矢部寛之助、神尾明日香、大矢恵代、田中尚人、高橋まゆみ、角谷徹仁、稲垣宗一
2. 発表標題 転写領域のエピゲノム修飾による転写抑制に拮抗するメカニズム
3. 学会等名 日本遺伝学会第93回大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 大矢恵代、角谷徹仁、稲垣宗一
2. 発表標題 転写共役型と(エピ)ゲノムに制御される型の2種類の酵素がH3K4メチル化を担う
3. 学会等名 日本遺伝学会第93回大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 越阪部晃永、Bhagyshree Jamge, Elin Axelsson, Annika Luisa Kuehn, Sean Akira Montgomery, Svetlana Akimcheva, Rahul Pisupati, Ramesh Yelagandula, 角谷徹仁, and Frederic Berger
2. 発表標題 Mechanism for transposon silencing regulated by chromatin remodeling factor
3. 学会等名 日本遺伝学会 第93回大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 越阪部晃永、山崎慈恵、田中祐梨子、Bhagyshree Jamge, Zdravko Lorkovic, Frederic Berger、角谷徹仁
2. 発表標題 ヒストンバリエントのダイナミクスを介したトランスポゾン発現制御機構
3. 学会等名 第44回分子生物学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Akihisa Osakabe, Bhagyshree Jamge, Elin Axelsson, Sean A Montgomery, Svetlana Akimcheva, Annika Luisa Kuehn, Rahul Pisupati, Zdravko J Lorkovi, Ramesh Yelagandula, Tetsuji Kakutani, Frederic Berger
2. 発表標題 The chromatin remodeling factor DDM1 mediates the deposition of heterochromatic histone variant for TE silencing
3. 学会等名 Cold Spring Harbor Asia “Integrative Epigenetics in Plants” Pre-conference (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 越阪部晃永、山崎慈恵、田中祐梨子、Bhagyshree Jameg、Zdravko Lorkovic、Frederic Berger、角谷徹仁
2. 発表標題 ヒストンバリエーションによるトランスポゾン発現制御機構
3. 学会等名 第39回染色体ワークショップ・第20回核ダイナミクス研究会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Tetsuji Kakutani
2. 発表標題 Control of VANC anti-silencing systems in Arabidopsis.
3. 学会等名 Cold Spring Harbor Meeting “Transposable Elements” (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 越阪部晃永、Bhagyshree Jameg、Elin Axelsson、Sean A. Montgomery、Svetlana Akimcheva、Annika Luisa Kuehn、Rahul Pisupati、Ramesh Yelagandual、角谷徹仁、Frederic Berger
2. 発表標題 クロマチンリモデリング因子DDM1によるトランスポゾン発現抑制機構
3. 学会等名 第38回染色体ワークショップ・第19回核ダイナミクス研究会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 藤泰子、西澤優一郎、稲垣宗一、樽谷芳明、富永さやか、豊田敦、藤山秋佐夫、Frederic Berger、角谷徹仁
2. 発表標題 「トランスポゾンの遺伝子コード領域および非コード領域におけるヘテロクロマチンの消失とその継世代的回復」
3. 学会等名 第38回染色体ワークショップ・第19回核ダイナミクス研究会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 大矢恵代、稲垣宗一、角谷徹仁
2. 発表標題 記憶と解読；機械学習が示すH3K4メチル化制御の2つの形式
3. 学会等名 第38回染色体ワークショップ・第19回核ダイナミクス研究会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 稲垣宗一、高橋まゆみ、高嶋和哉、大矢恵代、角谷徹仁
2. 発表標題 アンチセンス転写を介したクロマチン制御
3. 学会等名 第38回染色体ワークショップ・第19回核ダイナミクス研究会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 大矢恵代、稲垣宗一、角谷徹仁
2. 発表標題 Recorder and decoder; two modes of H3K4 methylation revealed by machine learning
3. 学会等名 第62回日本植物生理学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 稲垣宗一、高橋まゆみ、高嶋和哉、大矢恵代、角谷徹仁
2. 発表標題 アンチセンス転写を介したクロマチン制御と植物の環境応答
3. 学会等名 日本植物学会第84回大会シンポジウム「植物環境応答の頑健性と柔軟性」
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 森秀世、大矢恵代、稲垣宗一、角谷徹仁、
2. 発表標題 シロイヌナズナにおける遺伝子内H3K4メチル化の制御機構
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 角谷徹仁
2. 発表標題 遺伝子内ヒストン修飾によるエピゲノム分化制御
3. 学会等名 日本細胞生物学会第71回大会ワークショップ「染色体のホメオスタティック制御システム」
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 稲垣宗一
2. 発表標題 Control of convergently transcribed genes through modulating gene-body chromatin modification
3. 学会等名 "Epigenetics"Gordon Research Conference
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 塚原小百合、加藤夏恵、河邊昭、豊田敦、角谷徹仁
2. 発表標題 セントロメア特異的に転移するレトロトランスポゾンTa1の挿入領域のロングリードシーケンスによる解析
3. 学会等名 日本遺伝学会第91回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 藤泰子、西澤優一郎、稲垣宗一、樽谷芳明、富永さとみ、加藤夏恵、高橋まゆみ、高嶋和哉、豊田敦、藤山秋佐夫、角谷徹仁
2. 発表標題 トランスポゾンの遺伝子コード領域および非コード領域におけるヘテロクロマチンの消失とその継世代的回復
3. 学会等名 日本遺伝学会第91回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 稲垣宗一、高橋まゆみ、高嶋和哉、角谷徹仁
2. 発表標題 遺伝子内クロマチン修飾によるコンバージェント遺伝子の転写制御
3. 学会等名 日本遺伝学会第91回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 森秀世、大矢恵代、稲垣宗一、角谷徹仁
2. 発表標題 シロイヌナズナPaf1C変異体における遺伝子内クロマチン修飾の解析
3. 学会等名 日本遺伝学会第91回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 稲垣宗一
2. 発表標題 Control of convergently transcribed genes through modulating gene-body chromatin modification
3. 学会等名 新学術領域研究「環境記憶統合」第5回若手の会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 大矢恵代
2. 発表標題 Fantastic H3K4 methylases and where to find them
3. 学会等名 新学術領域研究「環境記憶統合」第5回若手の会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 星野新
2. 発表標題 Analysis of the relationship between acquisition of environmental stress-induced memory and epigenetic changes in fission yeast.
3. 学会等名 新学術領域研究「環境記憶統合」第5回若手の会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 塚原小百合、角谷徹仁
2. 発表標題 Analysis of repeats-targeted de novo integration of retrotransposons by PacBio sequencing
3. 学会等名 「先進ゲノム支援」2019年度拡大班会議
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
---------	---------------------------	-----------------------	----

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			
オーストリア	Gregor Mendel Institute			
英国	Cambridge University			
フランス	Ecole Normale Superieure			