

平成28年度医療研究開発推進事業費補助金  
(生命動態システム科学推進拠点事業) 補助事業成果報告書

## I. 基本情報

事業名：創薬等ライフサイエンス研究支援基盤事業（生命動態システム科学推進拠点事業）  
Platform Project for Supporting Drug Discovery and Life Science Research  
(Platform for Dynamic Approaches to Living System)

補助事業課題名：（日本語）核内クロマチン・ライブダイナミクスの数理研究拠点形成  
（英語）Establishing the Research Center for the Mathematics on Chromatin  
Live Dynamics

補助事業担当者（日本語）広島大学理学研究科 教授 楯 真一  
所属 役職 氏名：（英語）Shin-ichi Tate, Professor,  
Graduate School of Science, Hiroshima University

実施期間：平成 28 年 4 月 1 日 ～ 平成 29 年 3 月 31 日

## II. 成果の概要（総括研究報告）

楯 教授(広島大学 大学院理学研究科)が拠点長をつとめるクロマチン動態数理研究拠点(以下, R<sub>c</sub>M<sub>c</sub>D と記す)は, 核内におけるクロマチンの立体構造と, その動態の定量的解析を実現するための新たな研究手法・解析手法の確立を目標として, 数理系研究者と実験系研究者の緊密な協力による異分野融合研究を進めた. また, R<sub>c</sub>M<sub>c</sub>D は, 数理生命科学を将来発展させる中核となる若手研究者の育成と, 先導的な異分野融合研究を進める海外の研究機関との連携構築もミッションとした.

細胞核内の DNA はヒストンタンパク質との複合体であるヌクレオームが数珠状に繋がったクロマチン繊維として収納されている. 核内に周密に格納されたクロマチン繊維は, 細胞が生きた状態では活発に立体構造を変化させており, その構造動態が遺伝情報読み出しなどの機能制御に関わる.

近年 Hi-C 法およびその派生技術の開発や, 蛍光顕微鏡観測法の進展により, 核内クロマチン構造・動態を捉えることが可能になってきた. しかし, Hi-C データや顕微鏡観測から得られる動態データには, クロマチンの構造・運動性に関する多様な物理量が含まれているにも関わらず, 多くの場合は視覚的なデータ解釈に留まっている. 観測されたデータを数理科学的に精密に解析し, クロマチン構造・動態の

物理的特性を捉える研究は非常に遅れている。RcMcD では、クロマチン構造・動態を計算機上で正確に再現するモデル化技術の構築を最終的な目標として、主としてクロマチン動態データを対象にして様々な数理的解析を行ってきた。RcMcD で得た理論的研究の成果から主要なものを以下に挙げる。

1. 核内クロマチン構造は複数の構造状態間を遷移する構造動態を持つ（菅原研究員ら）： 分裂酵母をモデルとして用い、7 箇所の遺伝子座を蛍光標識して各遺伝子座の動態データを取得した。遺伝子座ごとの動態データから、核内のクロマチン繊維は、4~5 つの異なる構造状態間を遷移するような動態を持つことを明らかにした。Hi-C 解析からは明らかにできない、クロマチン構造の動的多型性を明らかにした初めての研究例になる。
2. 核内クロマチン動態の網羅的計測データにもとづくクロマチン構造動態モデルの構築（難波研究員・菅原研究員ら）： 分裂酵母が持つ 3 本のクロマチンの全領域を網羅する 133 箇所に蛍光標識を導入し、分裂酵母のクロマチン全領域にわたる動態データを取得した。Hidden Markov 解析により、最も短い第 3 クロマチンは 3 つの主要な構造状態間を遷移することを明らかにした。また、第 3 染色体が取り得る 3 つの主要構造を明らかにした。興味深いことに、Hi-C データ等との比較から、存在率の低い第 3 の構造の出現が、転写活性化と相関する可能性が示唆された。網羅的に集積したクロマチン動態のデータからクロマチンの動的構造を再構築した最初の研究例になる。また、Hi-C データと動態データを併用する新たなクロマチン構造動態研究のためのアプローチを確立した。
3. ヒト細胞中での遺伝子座の可動空間サイズの理論的推定法の確立（新海研究員・富樫特任准教授）： 蛍光点の動態データからクロマチン繊維の可動領域の大きさを推定する理論を構築した。ヌクレオソームに蛍光標識し、個々のヌクレオソームの動態を一分子レベルで計測した動態データを用いて、クロマチン繊維の可動領域サイズを定量的に評価した。その結果、核の内側 ( $\langle R \rangle = 358\text{nm}$ ) と核膜周辺部 ( $\langle R \rangle = 191\text{nm}$ ) では明らかに異なる可動空間サイズを持つ事を明らかにした。核内遺伝子座の異常拡散現象から、クロマチン線維のフラクタル次元（折り畳みのコンパクトさ）と遺伝子座の可動範囲を算定する理論であり、様々なタイプの動態データ解析に応用できる。
4. ポリマーモデル（Rouse model）を用いた Hi-C データからクロマチン構造動態情報を抽出する理論の構築（中川研究員ら）： Hi-C データは空間的に近接した遺伝子座のコンタクトマップを与える。しかし、核内で大きな振幅をもちダイナミックに動いているクロマチン繊維上の遺伝子座間がコンタクトする頻度は、単純に静的な距離だけではなく動的な構造揺らぎの大きさにも依存する。中川らは、Rouse モデルをもとにして、遺伝子座の構造揺らぎの大きさを contact capture radius として表現することにより、Hi-C データにおける接触頻度と各遺伝子座を含む領域の構造揺らぎの関係を解析的に表現する理論を構築した。これは、Hi-C データをもとにクロマチン構造動態の理論モデルを構築する上で必須の物理量を与える理論的基盤になる。Hi-C データは、遺伝子座の空間的近接関係以外にも構造動態や、局所のトポロジー情報を含むが、それらを分けて解析するには数理モデルに基づいた定量的解析が必要である。今回の研究では、クロマチン繊維の局所構造と動態の双方を解析的に記述する理論を構築したものであり、この解析式をもとにした Hi-C データの定量的構造解析が可能になる。Hi-C を用いたクロマチン構造解析精度を大きく変えることになる。

人材育成については以下の様な成果を得た。RcMcD 研究者の中から 3 名は、PI（教授 1 名、准教授 2 名）として独立した。さらに 1 名は、JST/さきがけ専任研究員として独立して研究を進めている。RcMcD 研究者から大学にポストを得て研究を継続する者が 4 名（研究員 2 名、助教 1 名、講師 1 名）、理研 QBiC

研究員として研究を続ける者が1名いる。3名の研究者は、企業で研究者としてのポストを得た。RcMcD事業で研究費支援を行った博士課程後期大学院生の中から、理研 QBiC の研究員となった者1名がおり、同様の支援を行った留学生2名は、学位取得後それぞれ中国科学院（北京）、Weill Cornell Univ.（米国）で PD として関連分野の研究を継続している。企業へ就職した研究員を除いても、3名の PI を含む12名の数理生命科学分野の研究者を本事業から輩出することができた。なお、上記のうち准教授2名（内1名は女性）と助教1名は、広島大学・数理分子生命理学専攻の教員として残り、RcMcD で築いてきた数理生命科学研究を、数理分子生命理学専攻教員と協力して引き続き発展させる。

海外との連携に関しては、事業期間中に欧米の複数研究グループ（米・NIH、英・Cambridge、スイス・バーゼル大学等を含む）と連携して 4D Nucleome コンソーシアムを立ち上げた。核内の4次元構造（クロマチン構造の時間展開）解析を、数理系・実験系の研究者が協働して進める大きな異分野融合研究テーマとして国際的に浸透させ、異分野の研究者が多く参画する研究領域として展開させることを目的としている。メンバーは、定期的に国際会議を開催して長期にわたり国際的に連携した活動を続ける。

Research Center for the Mathematics on Chromatin Live Dynamics (RcMcD), directed by Prof. Tate (Department of Mathematical and Life Sciences, School of Science, Hiroshima Univ.), aimed to establish the theoretical approaches to quantitatively explore the structure and dynamics of the chromatin inside cell nucleus under interdisciplinary collaborations by young researchers; which approaches have not been usually exploited in the chromatin researches conducted in cell biology. In parallel, RcMcD fostered the young investigators who will lead the interdisciplinary researches based on mathematical and/or physical approaches during the research activities. RcMcD has made the international relations with the leading-edge institutes in the world to expand the interdisciplinary researches to encourage the researchers having mathematics and/or physics backgrounds to work on the problems in life science.

Our genetic information encoded in DNA is stored as chromatin fiber inside nucleus. The chromatin is tightly packed into a small nuclear space, but it can change its structure when gene regulation is required. Chromatin conformation capturing approaches like Hi-C, in combination with the advanced high-resolution fluorescence microscopies, have revealed in regarding the chromatin structure and dynamics in a nucleus. Despite the data gained from the state-of-art technologies, the full details in the physical properties of chromatin encoded into the data are not gained at present, because of the lack of appropriate theoretical approaches established.

In considering the situation in the current biology on chromatin structure and dynamics, RcMcD has focused on devising the theoretical approaches to get the physical details from the data in the chromatin structure and dynamics to quantitatively describe how chromatin structure changes in accordance with the cell functions. I will describe the representative achievements limited on the theoretical works done in this project; the significant contributors' names are in parentheses.

1. Chromatins transit among the distinctive structures in a nucleus (Dr. Sugawara and coworkers): We analyzed the chromatin structure dynamics using seven different gene positions in fission yeast cell. Each gene showed the structural transitions among 4 – 5 different states. The results

clearly demonstrated that chromatin in a cell nucleus has significant structural dynamics that travel distinct conformational states in the interphase nucleus. Hi-C data cannot define how many distinct structural states are allowed in chromatin, but it rather assumes the chromatin adopts single conformations. Our study rectifies the insights into the currently assumed insights into the chromatin structures in a cell nucleus.

2. Chromatin dynamics of the entire genomic positions in fission yeast to model the chromatin structure and dynamics (Dr. Namba, Dr. Sugawara and coworkers): We collected the conformational dynamics data on the 133 genomic positions that cover the entire chromatin in fission yeast. With the use of this comprehensive data set on the chromatin dynamics, we could constitute the model structures to reproduce the experimental data. In the case of the shortest chromatin 3 in fission yeast, for example, we found there are three different chromatin structures. The collected data for the dynamics of the chromatin 3 could be reproduced by the combination of the three distinct structures, implying the chromatin 3 travels among these three distinct conformations. Intriguingly, the least populated conformation could be related to the active state for transcription of the genes in this chromatin, which was suggested in comparing the Hi-C deriving contact maps. The comprehensive collection of the gene dynamic data for the entire positions in cell has never been done in other cells. The structural determination for the distinct conformations of chromatin to be adopted in their dynamical process is also the first example.
3. Building the theory to estimate the size of the sphere for the genetic position can move in a cell nucleus (Dr. Shinkai and Prof. Togashi): The physical theory was made up to quantify the size for the space where the fluorescence-labeled gene locus can move around. Using the data of the dynamics of the fluorescence-labeled nucleosomes in a nucleus, we estimated the sphere sizes for allowing the gene migration; the diameters in the spheres for the genes located inner part of the nucleus, and the ones near the nuclear membrane were 358 nm and 191 nm, respectively. The type of quantification of the chromatin motion has never been attained.
4. Extracting the topological properties and local conformational dynamics from Hi-C data with newly found physical theories using Rouse polymer model (Dr. Nakagawa and coworkers): Hi-C data should contain both the topological and the structural dynamics information but they are not readily discriminated. We established the theory to distinguish the topological parameters and dynamical information from the Hi-C data. This theory is essentially applied to get the precise structural information of the chromatin by discriminating the structural dynamics contribution to the Hi-C contact maps, which therefore make the structure analyses using Hi-C improved.

Regarding the fostering researchers, 12 researchers in RcMcD have got the other positions to carry on their interdisciplinary researches, in which three of them become PIs and one got funds to continue his own research independently, while five of them got research positions in academia. Two PIs and one assistant professor from RcMcD will have faculty positions in our department, Dept. Mathematical and Life Sciences in Hiroshima Univ., who will carry on the interdisciplinary researchers that emerged in this project.

4D nucleome consortium built during the project will continue to keep the international relations and collaborations to the leading-edge researchers, including the people in NIH in US, Cambridge in UK, and Basel in Swiss. We pledged to regularly hold an worldwide meeting to exchange our activities and expand these particular research interests to attract the young researchers, especially who have strong mathematics and physics backgrounds.

### III. 成果の外部への発表

(1) 学会誌・雑誌等における論文一覧 (国内誌 5件、国際誌 25件)

1. Saito M, Kaneda A, Shigeto H, Hanata N, Otokuni K, Matsuoka H. Development of an optimized 5-stage protocol for the in vitro preparation of insulin-secreting cells from mouse ES cells. *Cytotechnology*. 2016, 68, 987-998.
2. Misumi K, Sun J, Kinomura A, Miyata Y, Okada M, Tashiro S. Enhanced gefitinib-induced repression of the epidermal growth factor receptor pathway by ataxia telangiectasia-mutated kinase inhibition in non-small-cell lung cancer cells. *Cancer Sci*. 2016, 107(4), 444-451.
3. Livingston GK, Khvostunov IK, Gregoire E, Barquinero JF, Shi L, Tashiro S. Cytogenetic effects of radioiodine therapy: a 20-year follow-up study. *Radiat. Environ. Biophys*. 2016, 55(2), 203-213.
4. Togashi Y. Screening for Mechanical Responses of Proteins Using Coarse-grained Elastic Network Models. *NOLTA, IEICE*. 2016, 7, 190-201.
5. Sekiya R, Uemura Y, Naito H, Naka K, Haino T. Chemical functionalisation and photoluminescence of graphene quantum dots. *Chem. Eur. J*. 2016, 22, 8198-8206.
6. 堀越保則, 福戸敦彦, 孫継英, 時林, 田代聡. 相同組換え修復の核トポグラフィ. *広島医学*. 2016, 69(4), 281-283.
7. Saito M, Imai K, Koyama M. A tetracysteine-tag and HeLa cell system for the dynamic analysis of the localization and gating properties of a specific connexin isoform. *Electrochemistry*. 2016, 84, 299-301.
8. Otaki Y, Marumoto M, Miyagi Y, Hirao T, Haino T, Sanda F. Synthesis and Properties of Novel Optically Active Platinum-containing Poly(phenyleneethynylene)s. *Chem. Lett*. 2016, 45, 937-939.
9. Hirofuji T, Ikeda T, Haino T, Yamamoto Y, Kawachi A. Synthesis of a pentacene-type silaborin via double dehydrogenative cyclization of 1,4-diboryl-2,5-disilylbenzene. *Chem. Eur. J*. 2016, 22, 9734-9739.
10. Shimoyama D, Yamada H, Ikeda T, Sekiya R, Haino T. Allostery in guest binding of rim-to-rim-connected homoditopic biscavitands. *Eur. J. Org. Chem*. 2016, 3300-3303.

11. 斉藤美佳子. 単一細胞からの組織の創製を支えるフェムトインジェクション技術. 再生医療等製品の開発と実用化展望 製造技術・支援技術編 第30章, シーエムシー出版. 2016, 235-243.
12. Ikeda T, Iijima T, Ryo S, Takahashi O, Haino T. Cooperative self-assembly of carbazole derivatives driven by multiple dipole-dipole interactions. *J. Org. Chem.* 2016, 81, 6832-6837.
13. Makino A, Abe M, Ishitsuka R, Murate M, Kishimoto T, Sakai S, Hullin-Matsuda F, Shimada Y, Inaba T, Miyatake H, Tanaka H, Kurahashi A, Pack CG, Kasai RS, Kubo S, Schieber NL, Dohmae N, Tochio N, Hagiwara K, Sasaki Y, Aida Y, Fujimori F, Kigawa T, Nishibori K, Parton RG, Kusumi A, Sako Y, Anderluh G, Yamashita M, Kobayashi T, Greimel P, Kobayashi T. A novel sphingomyelin/cholesterol domain-specific probe reveals the dynamics of the membrane domains during virus release and in Niemann-Pick type C. *FASEB Journal.* 2017, 31, 1301-1322.
14. Fukumoto W, Ishida M, Sakai C, Tashiro S, Ishida T, Nakano Y, Tatsugami F, Awai K. DNA damage in lymphocytes induced by cardiac CT and comparison with physical exposure parameters. *Eur. Radiol.* 2017, 27(4), 1660-1666.
15. 堀越保則, 福戸敦彦, 孫継英, 時林, 田代聡. RAD51 による相同組換え修復の制御機構. 長崎医学会雑誌. 2016, 91, 187-189.
16. 時林, 孫継英, 木野村愛子, 福戸敦彦, 堀越保則, 田代聡. 構造関連蛋白質 Matrin3 と DNA 損傷修復蛋白質 RAD51 の相互作用の解析. 長崎医学会雑誌. 2016, 91, 190-192.
17. Shinkai S, Nozaki T, Maeshima K, Togashi Y. Dynamic Nucleosome Movement Provides Structural Information of Topological Chromatin Domains in Living Human Cells. *PLoS Comput. Biol.* 2016, 12, e1005136.
18. Tochio N, Umehara K, Uewaki J, Flechsig H, Kondo M, Dewa T, Sakuma T, Yamamoto T, Saitoh T, Togashi Y, Tate S. Non-RVD Mutations that Enhance the Dynamics of the TAL Repeat Array along the Superhelical Axis Improve TALEN Genome Editing Efficacy. *Sci. Rep.* 2016, 6, 37887.
19. Kuwasako K, Nameki N, Tsuda K, Takahashi M, Sato A, Tochio N, Inoue M, Terada T, Kigawa T, Kobayashi N, Shirouzu M, Ito T, Sakamoto T, Wakamatsu K, Güntert P, Takahashi S, Yokoyama S, Muto Y. Solution structure of the first RNA recognition motif domain of human spliceosomal protein SF3b49 and its mode of interaction with a SF3b145 fragment. *Protein Science.* 2017, 26, 280-291.
20. Eguchi Y, Okajima T, Tochio N, Inukai Y, Shimizu R, Ueda S, Shinya S, Kigawa T, Fukamizo T, Igarashi M, Utsumi R. Angucycline antibiotic waldiomycin recognizes common structural motif conserved in bacterial histidine kinases. *The Journal of Antibiotics.* 2017, 70, 251-258.
21. Tsunoda Y, Takatsuka M, Sekiya R, Haino T. Supramolecular graft copolymerization of a polyester via guest-selective encapsulation of a self-assembled capsule. *Angew. Chem. Int. Ed.* 2017, 56, 2613-2618.
22. Hiraishi N, Maruno T, Tochio N, Sono R, Otsuki M, Takatsuka T, Tagami J, Kobayashi Y. Hesperidin interaction to collagen detected by physico-chemical techniques. *Dental Materials.* 2017, 33, 33-42.

23. Saito M, Asai Y, Imai K, Hiratoko S, Tanaka T. Connexin30.3 is expressed in mouse embryonic stem cells and is responsive to leukemia inhibitory factor. *Sci. Rep.* 2017, 7, 42403.
24. Kameda T, Isami S, Togashi Y, Nishimori H, Sakamoto N, Awazu A. The 1-Particle-per-k-Nucleotides (1PkN) Elastic Network Model of DNA Dynamics with Sequence-Dependent Geometry. *Front. Physiol.* 2017, 8, 103.
25. Ikeda T, Ueda Y, Komori N, Abe M, Haino T. Light-harvesting organogel based on tris(phenylisoxazoly)benzene. *Supramol. Chem.* 2017, 29, 471-476.
26. Nakamura A, Tochio N, Fujioka S, Ito S, Kigawa T, Shimada Y, Matsuoka M, Yoshida S, Kinoshita T, Asami T, Seto H, Nakano T. Molecular actions of two synthetic brassinosteroids, iso-carbaBL and 6-deoxoBL, which cause altered physiological activities between Arabidopsis and rice. *PLoS One.* 2017, 12, e0174015.
27. Shinkai S, Nozaki T, Maeshima K, Togashi Y. Bridging the Dynamics and Organization of Chromatin Domains by Mathematical Modeling. *Nucleus.* 2017, in press.
28. 中川正基, 大仲修平, 羅志偉, 富樫祐一. 非一様な多機能触媒反応系における少数分子成分効果. 京都大学数理解析研究所講究録. 2017, in press.
29. Sugawara T, Kimura A. Physical properties of the chromosomes and implications for development. *Dev. Growth. Differ.* 2017, in press.
30. Arai R, Sugawara T, Sato Y, Nabeshima K, Kimura H, Kimura A. Reduction of chromosome mobility accompanies the nuclear organization during early embryogenesis in *Caenorhabditis elegans*. *Scientific Reports.* 2017, in press.

(2) 学会・シンポジウム等における口頭・ポスター発表

1. 反応・構造変化する高分子の鎖-動的クロマチン構造モデル, ポスター, 富樫祐一, 理研シンポジウム「細胞システムの動態と論理 VIII」, 2016/04/14-15, 国内.
2. 染色体の動的階層性, 口頭, 新海創也, 理研シンポジウム「細胞システムの動態と論理 VIII」, 2016/04/14-15, 国内.
3. Regulation of homologous recombinational repair by lamin B1 in radiation-induced DNA damage, ポスター, 田代聡, Cold Spring Harbor Laboratory meeting: Nuclear Organization & Function, 2016/05/03-07, 国外.
4. Nuclear Topography of Homologous Recombinational Repair, 口頭, 田代聡, Genomic Instability & Cancer Genetics Research Program Meeting at Cancer Institute of New Jersey, 2016/05/09, 国外.
5. 1分子動態を指標とした Class C GPCR の活性推定, 口頭, 柳川正隆, 廣島通夫, 富樫祐一, 山下高廣, 七田芳則, 村田昌之, 上田昌宏, 佐甲靖志, 第13回GPCR研究会, 2016/05/13-14, 国内.
6. ディスポーザブルケージ型個別飼育システムを用いた長期施設運用における清浄度の検証, ポスター, 大友弘法, 佐久間健治, 乙訓桂子, 林進, 松岡英明, 斎藤美佳子, 第63回日本実験動物

- 学会総会, 2016/05/18, 国内.
7. 実験動物マウス飼育中の環境ストレス指標としての糞便 pH の検討, ポスター, 大友弘法, 佐久間健治, 乙訓桂子, 林 進, 松岡英明, 斉藤美佳子, 第 63 回日本実験動物学会総会, 2016/05/18, 国内.
  8. カリックスアレーン・C60 およびビスポルフィリンの会合により形成される超分子ポリマーの創製, 口頭, 灰野岳晴, 第 65 回高分子学会年次大会, 2016/05/25-27, 国内.
  9. カリックス[4]アレーンを有する三重らせん型錯体の協同的ゲスト包接挙動, 口頭, 山崎祐太郎, 関谷亮, 灰野岳晴, 第 65 回高分子学会年次大会, 2016/05/25-27, 国内.
  10. 三種類のホスト・ゲスト相互作用により構造制御された超分子三元周期共重合体の合成, 口頭, 工藤央成, 平尾岳大, 灰野岳晴, 第 65 回高分子学会年次大会, 2016/05/25-27, 国内.
  11. 超分子架橋を用いたポルフィリン超分子ポリマーの構造制御, ポスター, 丸山慧, 灘本昂平, 池田俊明, 灰野岳晴, 第 65 回高分子学会年次大会, 2016/05/25-27, 国内.
  12. Synthesis of Fluorescent Graphene Quantum Dots, 口頭, Haino T, 229th ECS Meeting, 2016/05/29-06/02, 国外.
  13. Supramolecular Porphyrin Copolymer directed by Host-Guest Interactions and Metal Coordination, 口頭, Haino T, 229th ECS Meeting, 2016/05/29-06/02, 国外.
  14. カリックス[5]アレーン共結晶中における小分子ゲストの挙動解析, 口頭, 加治木泰範, 関谷亮, 灰野岳晴, 第 14 回ホスト・ゲスト化学シンポジウム, 2016/06/04-05, 国内.
  15. ホスホン酸エステルによって水酸基を架橋されたビスキャビタントの協同的ゲスト包接, ポスター, 下山大輔, 池田俊明, 関谷亮, 灰野岳晴, 第 14 回ホスト・ゲスト化学シンポジウム, 2016/06/04-05, 国内.
  16. カリックス[4]アレーンからなる包接サイトを複数有する三重らせん型錯体の協同的なゲスト包接, ポスター, 山崎祐太郎, 関谷亮, 灰野岳晴, 第 14 回ホスト・ゲスト化学シンポジウム, 2016/06/04-05, 国内.
  17. 三種類のホスト・ゲスト錯体を基盤とした超分子 ABC 周期共重合体の合成, ポスター, 工藤央成, 平尾岳大, 灰野岳晴, 第 14 回ホスト・ゲスト化学シンポジウム, 2016/06/04-05, 国内.
  18. RAD51 による相同組換え修復の制御機構, 口頭, 堀越保則, 福戸敦彦, 孫継英, 時林, 田代聡, 第 57 回原子爆弾後障害研究会, 2016/06/05, 国内.
  19. 核内クロマチン動態とクロマチンドメイン構造をつなぐモデルのデザインと実験との融合, ポスター, 新海創也, 野崎慎, 前島一博, 富樫祐一, CREST「生命動態の理解と制御のための基盤技術の創出」研究領域第 6 回数理解デザイン道場, 2016/06/13-14, 国内.
  20. 触媒反応ネットワークにおける少数性効果を予言する, ポスター, 中川正基, CREST「生命動態の理解と制御のための基盤技術の創出」研究領域第 6 回数理解デザイン道場, 2016/06/13-14, 国内.
  21. グルコキナーゼヘテロ欠損マウスにおけるコネクシン発現パターンの解析, ポスター, 高橋玄宇, 高橋さくら, 乙訓桂子, 斉藤美佳子, 第 68 回日本細胞生物学会大会, 2016/06/17, 国内.
  22. Development of Supramolecular Polymers based on Unique Molecular Recognition Motifs, 口頭, Haino T, Collaborative Conference on 3D & Materials Research (CC3DMR) 2016, 2016/6/20-24, 国外.

23. Cell-cell contact super sensitive connexin found in mouse embryonic stem cells, ポスター, Saito M, Asai Y, Imai K, Hiratoko S, Ogawa Y, International Society of Stem Cell Research Annual Meeting 2016, 2016/06/24, 国外.
24. ゲノム修復における動的クロマチン構造変換, 口頭, 田代聡, 新学術領域 第4回班会議「動的クロマチン構造と機能」, 2016/07/09, 国内.
25. Supramolecular Polymers Formed via Unique Molecular association of Bisporphyrin cleft, 口頭, Haino T, The 11th International Symposium on Macrocyclic and Supramolecular Chemistry (ISMSC-2016), 2016/07/10-14, 国外.
26. Allosteric Molecular Recognition of Octaphosphonate Biscavitands, ポスター, Shimoyama D, Yamada H, Ikeda T, Sekiya R, Haino T, The 11th International Symposium on Macrocyclic and Supramolecular Chemistry (ISMSC-2016), 2016/07/10-14, 国外.
27. Cooperative Guest Encapsulation of Calix[4]arene-based Metallohelicates, ポスター, Yamasaki Y, Sekiya R, Haino T, The 11th International Symposium on Macrocyclic and Supramolecular Chemistry (ISMSC-2016), 2016/07/10-14, 国外.
28. Cytogenetic effects of radioiodine therapy and CT scan -Application of biodosimetry to medicine-, 口頭, 田代聡, IAEA-Consultants Meeting on Clinical applications of biodosimetry and BIODOSE/RADBIO lab concept, 2016/07/12, 国外.
29. 分子修飾情報を実装した染色体数理モデルによるクロマチンドメイン内相互作用の動態, 口頭, 新海創也, 富樫祐一, 菅原武志, 新学術領域研究「染色体 OS」第3回領域会議, 2016/07/19-20, 国内.
30. 触媒反応ネットワークにおける少数性効果の解析的枠組み, 口頭, 中川正基, 2016年玉原サマースクール「生命ダイナミクスの数理とその応用:新規課題の探索と新しい方法論の探求」, 2016/07/28-30, 国内.
31. バクテリア走化性精度に関する定量的解析, 口頭, 難波利典, 2016年玉原サマースクール「生命ダイナミクスの数理とその応用:新規課題の探索と新しい方法論の探求」, 2016/07/29, 国内.
32. 細胞核内クロマチン動態の新奇現象: Stagnant, Itinerant Chromatin dynamics inside the Fission Yeast Nucleus, 口頭, Sugawara T, Masuda K, Uewaki J, Awazu A, Tate S, Nishimori H, Ueno M, 山口大学第2回理学部講演会, 2016/08/19, 国内.
33. Functional regulation through the dynamic ensembles of protein structures mediated by intrinsically disordered regions (IDRs), 口頭, Tate S, ICMRBS, 2016/08/25, 国内.
34. 非共有結合を操り, ポリマーを合成する, 口頭, 灰野岳晴, 第10回超分子若手懇談会, 2016/8/29-30, 国内.
35. Regulatory mechanism of the exchange of histone variant H2A,Z-2 at DNA damaged sites, 口頭, 田代聡, 福戸敦彦, 第9回広島-明治-龍谷合同合宿, 2016/08/30, 国内.
36. 多機能性に偏りがある触媒反応ネットワークにおける少数性効果, ポスター, 中川正基, 第9回広島-明治-龍谷合同合宿, 2016/8/30-31, 国内.
37. Stagnant, itinerant chromatin dynamics inside the fission yeast nucleus, 口頭, Sugawara T, Masuda K, Uewaki J, Awazu A, Tate S, Nishimori H, Ueno M, 第9回広島-明治-龍谷合同合宿, 2016/08/31, 国内.

38. フェニルイソオキサゾリル基をもった平面  $\pi$  共役分子の自己集合における共同性, 口頭, 池田俊明, 足立浩明, 飯島辰弥, 関谷亮, 灰野岳晴, 第 27 回基礎有機化学討論会, 2016/09/01-03, 国内.
39. カリックス[4]アレーンからなる内部空孔を持つ三重らせん型錯体の協同的ゲスト包接, ポスター, 山崎祐太郎, 関谷亮, 灰野岳晴, 第 27 回基礎有機化学討論会, 2016/09/01-03, 国内.
40. フェニルイソオキサゾリル基を導入したジチエノゲルモールの自己集合とキラル光物性, ポスター, 平野喬平, 安達洋平, 中村優志, 池田俊明, 大下浄治, 灰野岳晴, 第 27 回基礎有機化学討論会, 2016/09/01-03, 国内.
41. 特異な分子認識により生成する超分子 ABC 周期共重合体の合成, ポスター, 工藤央成, 平尾岳大, 灰野岳晴, 第 27 回基礎有機化学討論会, 2016/09/01-03, 国内.
42. レゾルシンアレーン骨格を持つビスキャビタンドの協同的ゲスト包接, ポスター, 下山大輔, 池田俊明, 関谷亮, 灰野岳晴, 第 27 回基礎有機化学討論会, 2016/09/01-03, 国内.
43. 超分子架橋を用いた亜鉛テトラキスポルフィリン超分子ポリマーの高次構造制御, ポスター, 丸山慧, 灘本昂平, 池田俊明, 灰野岳晴, 第 27 回基礎有機化学討論会, 2016/09/01-03, 国内.
44. Dynamic nucleosome movement provides structural information of topological chromatin domains in living human cells, ポスター, Shinkai S, Nozaki T, Maeshima K, Togashi Y, 2016 Workshop on DNA Reactions and DNA/Chromosome Dynamics, 2016/09/11-16, 国外.
45. 分子認識により生成する超分子ポリマーの設計と合成, 口頭, 灰野岳晴, 日本セラミック協会第 29 回秋期シンポジウム, 2016/09/07-09, 国内.
46. 触媒反応ネットワークにおける少数性効果を予言する解析的枠組み, ポスター, 中川正基, 日本物理学会 2016 年秋季大会, 2016/9/12-16, 国内.
47. Stagnant, itinerant chromatin dynamics inside the fission yeast nucleus, 口頭, Sugawara T, Masuda K, Uewaki J, Awazu A, Tate S, Nishimori H, Ueno M, 日本物理学会 2016 年秋季大会, 2016/09/13, 国内.
48. Chemophoresis engine: Theory of cargo transports using ATP hydrolysis, 口頭, Sugawara T, Kaneko K, 日本物理学会 2016 年秋季大会, 2016/09/13, 国内.
49. Stagnant, Itinerant Chromatin dynamics inside the Fission Yeast Nucleus, 口頭, Sugawara T, Masuda K, Uewaki J, Awazu A, Tate S, Nishimori H, Ueno M, ICY14, 2016/09/14, 国内.
50. フェニルイソオキサゾリル基を導入した平面  $\pi$  共役系分子の超分子ポリマー形成における共同性, 口頭, 池田俊明, 足立浩明, 飯島辰弥, 関谷亮, 灰野岳晴, 第 65 回高分子討論会, 2016/09/14-16, 国内.
51. ポリマーを側鎖に持つキャビタンドの合成, ポスター, 高塚芽衣, 灰野岳晴, 第 65 回高分子討論会, 2016/09/14-16, 国内.
52. フェニルイソオキサゾリル基を導入したジチエノゲルモールの自己集合によって生成するキラル超分子ポリマーの光物性, ポスター, 平野喬平, 安達洋平, 中村優志, 池田俊明, 大下浄治, 灰野岳晴, 第 65 回高分子討論会, 2016/09/14-16, 国内.
53. 金属配位を用いたテトラキスポルフィリン超分子ポリマーの高次構造制御, ポスター, 丸山慧, 灘本昂平, 池田俊明, 灰野岳晴, 第 65 回高分子討論会, 2016/09/14-16, 国内.
54. クロマチン構造と機能との相互干渉を表現するアクティブ鎖モデル: 遺伝子配列の影響, ポスター, 富樫祐一, 日本物理学会 2016 年秋季大会, 2016/09/16, 国内.

55. Ultra-sensitive regulation of the nucleosome binding of FACT, a chromatin remodeler,, through multiple phosphorylation to its intrinsically disordered regions (IDRs), 口頭, Tate S, 14th Discovery on TARGET, 2017/09/22, 国外.
56. 分子集積化による新しいポリマーの開発, 口頭, 灰野岳晴, 産総研・広島大学環境共生スマート材料研究拠点連携セミナープログラム, 2016/09/26, 国内.
57. 生菌標準物質をオフサイトで利用するための一時保存法, ポスター, 斉藤美佳子, 高谷周督, 五十君静信, 松岡英明, 日本防菌防黴学会第43回年次大会, 2016/09/26, 国内.
58. 細胞のロバストネスを規定するタンパク質複合体のダイナミクス, 口頭, 田代聡, 第89回日本生化学会大会, 2016/09/26, 国内.
59. Development of HeLa cell lines expressing specific connexins, ポスター, Saito M, Hiratoko S, Tokunaga N, Ogawa Y, PRiME 2016, 2016/10/04, 国外.
60. バクテリア化学受容体の確率的活性変化とべん毛モーターの出力制御, ポスター, 難波利典, 研究会「理論と実験」2016, 2016/10/07, 国内.
61. Dynamics nucleosome movement provides structural information of topological chromatin domains in living human cells, ポスター, Shinkai S, Nozaki T, Maeshima K, Togashi Y, 研究会「理論と実験」2016, 2016/10/07-08, 国内.
62. 3成分の触媒反応ネットワークに有効な解析的枠組みを多成分系にも拡張したい・クロマチン動態の数理モデルを解析する試み, ポスター発表, 中川正基, 研究会「理論と実験」2016, 2016/10/07-08, 国内.
63. An Active Chain Model to Consider the Crosstalk between the Chromatin Structure and Reaction, ポスター, Togashi Y, 研究会「理論と実験」2016, 2016/10/07-08, 国内.
64. Inter-domain communication between the domains tethered by intrinsically disordered region (IDR) – intramolecular ‘fly-casting’ mechanism facilitating ligand recognition, 口頭, Tate S, The 7th Asia-Pacific Symposium on Intrinsically Disordered Proteins (APIDPs), 2016/10/26, 国外.
65. Protein structure dynamics in different magnitudes and time domains for folded and intrinsically disordered proteins (IDPs), 口頭, Tate S, UNIST Invited Lecture, 2016/10/28, 国外.
66. 配位結合により架橋された超分子ポルフィリンポリマーのらせん構造, 口頭, 丸山慧, 灘本昂平, 池田俊明, 灰野岳晴, 2016年日本化学会中国四国支部大会, 2016/11/05-06, 国内.
67. 高塚芽衣, 角田優太, 灰野岳晴, 口頭, 8本のポリスチレン側鎖を導入した超分子カプセルの合成, 2016年日本化学会中国四国支部大会, 2016/11/05-06, 国内.
68. Molecular Recognition-directed Supramolecular Polymerization of Fullerene and Porphyrin, 口頭, Haino T, International Symposium on Catalysis and Fine Chemicals 2016 (C&FC2016), 2016/11/10-14, 国外.
69. State, Shape, and Small-Number Issues in Molecular Machinery, 口頭, Togashi Y, Interdisciplinary Applications of Nonlinear Science, 2016/11/06, 国内.
70. タンパク質の構造ダイナミクスと機能制御ー安定構造を持つタンパク質から天然変性タンパク質までを対象として, 口頭, 楯真一, 日本学術振興会・構造生物169委員会・第51回研究会, 2016/11/08, 国内.

71. Analysis of glucose-dependent chromosome dynamics in fission yeast, 口頭・ポスター, 上野勝, 10th 3R symposium, 2016/11/15, 国内.
72. A mathematical study for deep understanding of relationship between chromatin dynamics and contact map, ポスター, 中川正基, 第 54 回日本生物物理学会年会, 2016/11/24-27, 国内.
73. 【高効率発光材料】 グラフェンと有機材料の複合化による白色発光炭素材料の創製, 口頭, 灰野岳晴, 5 回 島津新素材セミナー 2016 東京, 2016/11/25, 国内.
74. Comparative analysis of diffusion-function relationship of G protein-coupled receptors on the living cell surface, ポスター, Yanagawa M, Hiroshima M, Togashi Y, Yamashita T, Shichida Y, Murata M, Ueda M, Sako Y, 第 54 回日本生物物理学会年会, 2016/11/25, 国内.
75. Comprehensive Analysis of Chromatin Dynamics in Fission Yeast, ポスター, Namba T, Suzuki S, Sugawara T, Ding DQ, Hiraoka Y, Togashi Y, Ueno M, Tate S, 第54回日本生物物理学会年会, 2016/11/26, 国内.
76. Search for Common Structural Basis of Mechanical Communication in Proteins: from Known Structures, ポスター, Togashi Y, 第 54 回日本生物物理学会年会, 2016/11/27, 国内.
77. RAD51 による相同組換え修復の制御機構, ポスター, 堀越保則, 島弘季, 河野一輝, 鈴木秀和, 松田俊, Schmid VJ, 福戸敦彦, 木野村愛子, 孫継英, 松田知成, 井倉毅, 楯真一, 五十嵐和彦, Cremer M, Cremer T, 田代聡, 第 39 回日本分子生物学会年会, 2016/11/30, 国内.
78. Analysis of glucose-dependent chromosome dynamics in fission yeast, ポスター, 上野勝, 第 39 回日本分子生物学会年会シンポジウム: クロマチン動態のライブイメージングによる核機能理解, 2016/12/01, 国内.
79. 細胞内温度を記述する術を我々は手にしているか?, 口頭, 新海創也, 第 1 回 Biothermology Workshop – 生命システムの熱科学–, 2016/12/10-11, 国内.
80. Allosteric Guest Binding of Homoditopic Octaphosphonate Biscavitands, 口頭, Shimoyama D, Yamada H, Ikeda T, Sekiya R, Haino T, The 13th Nano Bio Info Chemistry Symposium, 2016/12/11-12, 国内.
81. Chiral induction of helical supramolecular porphyrin polymers cross-linked by bispyridines, 口頭, Maruyama K, Nadamoto K, Ikeda T, Haino T, The 13th Nano Bio Info Chemistry Symposium, 2016/12/11-12, 国内.
82. Allosteric Guest Binding Behavior of Triple-stranded Helicates based on Calix[4]arenes, 口頭, Yamasaki Y, Sekiya R, Haino T, The 13th Nano Bio Info Chemistry Symposium, 2016/12/11-12, 国内.
83. ホスホン酸エステルにより架橋されたビスキャビタンドの協同的ゲスト包接挙動, ポスター, 下山大輔, 池田俊明, 関谷亮, 灰野岳晴, 第 10 回有機  $\pi$  電子系シンポジウム, 2016/12/16-17, 国内.
84. カリックス[4]アレーンを複数有する三重らせん型ホスト分子の不斉増幅挙動, ポスター, 山崎祐太郎, 関谷亮, 灰野岳晴, 第 10 回有機  $\pi$  電子系シンポジウム, 2016/12/16-17, 国内.
85. RAD51 による相同組換え修復の制御機構, ポスター, 堀越保則, 福戸敦彦, 田代聡, 第八回「光塾」, 2016/12/17, 国内.

86. サブマイクロスケールのクロマチンドメインは核内でどれくらい動いているのか?—数理モデルとシミュレーションからの示唆—, ポスター, 新海創也, 富樫祐一, 第八回「光塾」, 2016/12/17-18, 国内.
87. 生体分子の状態・形・少数性がシステムにもたらす効果～抽象モデルから, 口頭, 富樫祐一, 細胞動態システム科学研究会 2016, 2016/12/21, 国内.
88. Fast cycling of integrin-clutch formation as revealed by single-molecule imaging, 口頭, Ishibashi M, Miyanaga Y, Matsuoka S, Kozuka J, Togashi Y, Kinashi T, Ueda M, Quantitative BioImaging 2017, 2017/01/05, 国外.
89. アロステリック制御を実現するタンパク構造基盤の探索, ポスター, 富樫祐一, 定量生物学の会 第八回年会, 2017/01/08-09, 国内.
90. セントロメアとテロメアのグルコース依存的動態の解析, 口頭, 上野勝, 第 34 回染色体ワークショップ・第 15 回核ダイナミクス研究会, 2017/01/11, 国内.
91. RAD51 による相同組換え修復の制御機構, 口頭, 堀越保則, 福戸敦彦, 田代聡, 第 34 回染色体ワークショップ・第 15 回核ダイナミクス研究会, 2017/01/11, 国内.
92. サブマイクロスケールのクロマチンドメインは核内でどれくらい動いているのか?—数理モデルとシミュレーションからの示唆—, ポスター, 新海創也, 富樫祐一, 第 34 回染色体ワークショップ・第 15 回核ダイナミクス研究会, 2017/01/11-13, 国内.
93. 反応に伴うクロマチン構造変化が反応に与えるフィードバック, ポスター, 富樫祐一, 第 34 回染色体ワークショップ・第 15 回核ダイナミクス研究会, 2017/01/11-13, 国内.
94. Stagnant, itinerant chromatin dynamics inside the fission yeast nucleus, 口頭, Sugawara T, Masuda K, Uewaki J, Awazu A, Tate S, Nishimori H, Hiraoka Y, Ueno M, 第 34 回染色体ワークショップ・第 15 回核ダイナミクス研究会, 2017/01/11-13, 国内.
95. デザインされた分子認識により形成される超分子構造と機能, 口頭, 灰野岳晴, 平成 28 年度高分子学会東海支部 東海シンポジウム, 2017/01/12-13, 国内.
96. Radiation, chromosome and FISH, 口頭, 田代聡, IAEA・HICARE 協働センターによる先進的放射線治療に関する国際医療研修, 2017/02/02, 国内.
97. An Active Chain Model to Consider the Crosstalk between the Structure and Function of Chromatin: Effects of Heterogeneity, ポスター, Togashi Y, The Biophysical Society 61st Annual Meeting, 2017/02/14, 国外.
98. Inter-domain communication between the folded proteins tethered by the intrinsically disordered regions (IDRs), 口頭, Tate S, Asia Pacific NMR 2017, 2017/02/18, 国外.
99. Bridging the dynamics and organization of chromatin domains by mathematical modeling, 口頭, Shinkai S, The 4th Meeting on Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas “Chromosome Orchestration System (Chromosome OS)”, 2017/02/20-22, 国外.
100. Stagnant, itinerant chromatin dynamics inside the fission yeast nucleus, 口頭, Sugawara T, Masuda K, Uewaki J, Awazu A, Tate S, Nishimori H, Hiraoka Y, Ueno M, The 5th annual winter q-bio meeting, 2017/02/21-24, 国外.
101. Synchronization of bacterial flagellar motors induced by intracellular signaling dynamics, ポスター, Namba T, Shibata T, The 5th annual winter q-bio meeting, 2017/02/22, 国外.

102. Topographical regulation of homologous recombinational repair by RAD51, 口頭, Horikoshi Y, Fukuto A, Tashiro S, 5th International Symposium of the Mathematics on Chromatin Live Dynamics, 2017/03/07, 国内.
103. Bridging the dynamics and organization of chromatin domains by mathematical modeling, 口頭・ポスター, Shinkai S, Nozaki T, Maeshima K, Togashi Y, 5th International Symposium of the Mathematics on Chromatin Live Dynamics, 2017/03/07-09, 国内.
104. Stagnant, itinerant chromatin dynamics, 口頭, Sugawara T, Masuda K, Uewaki J, Awazu A, Nishimori H, Hiraoka Y, Ueno M, 5th International Symposium of the Mathematics on Chromatin Live Dynamics, 2017/03/07-09, 国内.
105. Dynamic Contact Maps: analytical results in the case of Rouse model, ポスター, 中川正基, 5th International Symposium of the Mathematics on Chromatin Live Dynamics, 2017/03/07-09, 国内.
106. Comprehensive Dynamics Analysis in Fission Yeast Chromatin, ポスター, Namba T, Suzuki S, Sugawara T, Ding DQ, Hiraoka Y, Togashi Y, Ueno M, Tate S, 5th International Symposium of the Mathematics on Chromatin Live Dynamics, 2017/03/08, 国内.
107. A Modeling Study on the Crosstalk between the Structure and Function of Chromatin: Possible Feedback Control in Gene Expression, ポスター, Togashi Y, 5th International Symposium of the Mathematics on Chromatin Live Dynamics, 2017/03/08-09, 国内.
108. Different regulation of centromere and telomere movement by glucose, medium and DNA damage in fission yeast, 口頭・ポスター, 上野勝, 5th International Symposium of the Mathematics on Chromatin Live Dynamics, 2017/03/09, 国内.
109. 平面  $\pi$  電子系化合物の集積によって発現する超分子らせんキラリティーと発光, 口頭, 灰野岳晴, 日本化学会第 97 春季年会, 2017/03/16-19, 国内.
110. 自己組織化により生じる特異な超分子構造の機能, 口頭, 灰野岳晴, 日本化学会第 97 春季年会, 2017/3/16-19, 国内.
111. ポリスチレンを側鎖にもつ超分子カプセルのホストゲスト錯体によるグラフトポリマーの合成, 口頭, 高塚芽衣, 角田優太, 灰野岳晴, 日本化学会第 97 春季年会, 2017/03/16-19, 国内.
112. 三組のホストゲストペアにより配列制御された超分子 ABC 周期共重合体の構造, 口頭, 工藤央成, 平尾岳大, 網本智子, 灰野岳晴, 日本化学会第 97 春季年会, 2017/03/16-19, 国内.
113. 四つのビピリジン部位に置換基を有する自己集合カプセルの分子認識, 口頭, 前原健志, 今村太亮, 関谷亮, 灰野岳晴, 日本化学会第 97 春季年会, 2017/03/16-19, 国内.
114. ビスレゾルシンアレーンの合成, 口頭, 下山大輔, 山田仁美, 池田俊明, 関谷亮, 灰野岳晴, 日本化学会第 97 春季年会, 2017/03/16-19, 国内.
115. キラルなビスピリジンによる超分子ポルフィリンポリマーのらせん構造制御, 口頭, 丸山慧, 灘本昂平, 池田俊明, 灰野岳晴, 日本化学会第 97 春季年会, 2017/03/16-19, 国内.
116. クロマチン動態プローブ開発, ポスター, 栃尾尚哉, 川寄亮祐, 青木大将, 梅原康平, 吉村優一, 上脇隼一, Flechsigs H, 富樫祐一, 楯真一, 生命動態システム科学四拠点・CREST・PRESTO・QBiC 合同シンポジウム 2017 “生命動態の分子メカニズムと数理”, 2017/03/17, 国内.

117. 分裂酵母のテロメアとセントロメアの動きを制御する要因の探索とその意義の解明, ポスター, 上野勝, 生命動態システム科学四拠点・CREST・PRESTO・QBiC 合同シンポジウム 2017 “生命動態の分子メカニズムと数理”, 2017/03/17, 国内.
118. ゲノム修復におけるクロマチン動態, ポスター, 堀越保則, 福戸敦彦, 田代聡, 生命動態システム科学四拠点・CREST・PRESTO・QBiC 合同シンポジウム 2017 “生命動態の分子メカニズムと数理”, 2016/03/17, 国内.
119. クロマチン動態と構造をつなぐ数理, 口頭, 新海創也, 生命動態システム科学四拠点・CREST・PRESTO・QBiC 合同シンポジウム 2017 “生命動態の分子メカニズムと数理”, 2016/03/17, 国内.
120. Stagnant, Itinerant Chromatin dynamics, 口頭, Sugawara T, Masuda K, Uewaki J, Awazu A, Tate S, Nishimori H, Ueno M, 生命動態システム科学四拠点・CREST・PRESTO・QBiC 合同シンポジウム 2017 “生命動態の分子メカニズムと数理”, 2016/03/17, 国内.
121. 生体高分子の構造・反応クロストークと少数性問題—酵素反応と動的クロマチン構造を例に, ポスター, Amyot R, 中川正基, 富樫祐一, 生命動態システム科学四拠点・CREST・PRESTO・QBiC 合同シンポジウム 2017 “生命動態の分子メカニズムと数理”, 2017/03/17-18, 国内.
122. 分裂酵母クロマチンの網羅的動態解析, ポスター, 難波利典, 鈴木沙弥香, 菅原武志, 丁大橋, 平岡泰, 富樫祐一, 上野勝, 楯真一, 生命動態システム科学四拠点・CREST・PRESTO・QBiC 合同シンポジウム 2017 “生命動態の分子メカニズムと数理”, 2017/03/17-18, 国内.
123. クロマチン構造と機能との相互干渉: 構造を介した遺伝子発現頻度のフィードバック, ポスター, 富樫祐一, 日本物理学会第 72 回年次大会, 2017/03/20, 国内.
124. Cx30.3 の ES 細胞における特異機能, 口頭, 平床聖也, 岸 亮太, 徳永成和, 斉藤美佳子, 電気化学会第 84 回大会, 2017/03/27, 国内.
125. 細胞内ナノ空間動態解析のための光顕-電顕イメージング照合法の開発, 口頭, 平床聖也, 福場郁子, 加治木泰範, 楯真一, 斉藤美佳子, 電気化学会第 84 回大会, 2017/03/27, 国内.

### (3) 「国民との科学・技術対話社会」に対する取り組み

1. 放射線被ばくの人体影響について, 田代聡, 広島大学公開講座, 2016/06/16, 国内.
2. 酵母菌を使ってがんを研究する, 上野勝, 平成 28 年度広島大学公開講座「バイオテクノロジーってなあに?」, 2016/07/23, 国内.
3. がん治療の現状, 上野勝, 世羅町せら成人大学教養講座 公開講座 バイオテクノロジーってなんだろう, 2016/08/27, 国内.
4. 細胞間動的コミュニケーションにおけるコネクシンの新機能, 斉藤美佳子, 国立精神・神経医療研究センター-農工大合同シンポジウム, 2016/09/20, 国内.
5. DNA と老化やがんとの関係について, 上野勝, 比治山女子高等学校出張講義, 2016/10/27, 国内.
6. がん治療の未来像, 上野勝, 世羅町せら成人大学教養講座 公開講座 バイオテクノロジーってなんだろう, 2016/10/29, 国内.

7. 単一細胞工学と細胞再生工学, 斉藤美佳子, 東京農工大学工学部研究室大公開, 2016/11/12, 国内.
8. 数理科学と生命科学の融合—アリの社会分業の仕組みを実験と数理モデルで解明する—, 西森拓, 広島大学クロマチン動態数理研究拠点市民講演会「数理と生命科学」, 2017/03/12, 国内.
9. 粘菌からロボットへ—単細胞が教えてくれること—, 小林亮, 広島大学クロマチン動態数理研究拠点市民講演会「数理と生命科学」, 2017/03/12, 国内.
10. Cell-cell communication in ES cells & Prediabetic model mice, Saito M, Laboratory Seminar at National Taiwan University, 2017/03/17, 国外.

(4) 特許出願