

ポスターセッション

* 筆頭著者名を表記しています。

- P-1** 低用量脱メチル化剤治療により正常化するがん関連パスウェイは細胞ごとに異なる
竹島 秀幸(国立がん研究センター研究所エピゲノム解析分野)
- P-2** AID system revealed UHRF1/ DNMT1 specific functions in colorectal cancer cells for cell cycle and epigenetics state maintenance.
山口 幸佑(Epigenetics and Cell Fate, University Paris Diderot, CNRS, UMR 7216)
- P-3** 食道胃接合部がんの起源組織を予測するDNAメチル化マーカーの開発
張 春東(国立がん研究センター研究所エピゲノム解析分野、
東京大学大学院医学系研究科消化管外科学)
- P-4** 細胞種ごとのDNAメチル化変動を推定する統計手法
竹内 史比古(国立国際医療研究センター (NCGM))
- P-5** 根治的化学放射線療法治療時のFGF5遺伝子の発現上昇は、食道扁平上皮がんの治療抵抗性に関与する
西山 和宏(国立がん研究センター研究所エピゲノム解析分野)
- P-6** CRISPR/Cas9ゲノム編集を応用したTET1とVP64による特定遺伝子の相乗的発現誘導法の開発
森田 純代(群馬大学 生体調節研究所附属 生体情報ゲノムリソースセンター ゲノム科学リソース分野)
- P-7** 慢性炎症によるDNAメチル化異常の標的領域は加齢によるものと明らかに異なる
山下 聰(国立がん研究センター研究所エピゲノム解析分野)
- P-8** IGF2-DMR0はDNAメチル化依存的なIGF2 P0プロモーター特異的エンハンサーである
—ソトス症候群のインプリントDMRのDNAメチル化解析から—
東元 健(佐大医学部・分子生命・分子遺伝学・エピジェネティクス分野)
- P-9** 幹細胞の多能性維持に関するヒストンリーダーCdy1.2の同定
服部 奈緒子(国立がん研究センター研究所エピゲノム解析分野)
- P-10** 創薬評価に向けた化学物質の新規in vitro DNAメチル化影響レポーターシステムの開発
宮井 美知(星薬科大学生命機能創成科学研究室)
- P-11** クロマチンリモデリング酵素HELLSとCDCA7タンパク質との機能的相互作用
新海 晓男(理化学研究所 開拓研究本部 真貝細胞記憶研究室)
- P-12** マウス初期胚発生におけるDNMT1の新規メチル化活性が持つ機能
首浦 武作志(東邦大学理学部生物学科幹細胞リプログラミング研究室)
- P-13** マウスES細胞におけるDNMT1とDNMT3sによる協調的DNAメチル化制御
伊藤 仁将(東邦大学理学部生物学科幹細胞リプログラミング研究室)
- P-14** 組換え維持型メチル化酵素(Dnmt1)の機能評価
飯田 泰広(神奈川工科大学大学院 工学研究科)
- P-15** 古細菌由来のメチル化酵素APE_0872.1の特性評価
林 真央(神奈川工科大学 応用バイオ科学部 応用バイオ科学科)

- P-16** シロイヌナズナの脱メチル化酵素DMEは耐病性に必要である
三木 大介(中国科学院 上海植物ストレス生物学研究センター)
- P-17** 一卵性双生児のペア間におけるDNAメチル化率差の経年変化
瀧田 尚子(大阪大学大学院医学系研究科保健学専攻生体病態情報科学講座)
- P-18** 置み込みニューラルネットワークを用いるCGメチル化に関わるエピジェネティックのクロストークを推測する
歐陽 允健(九州大学 生体防御医学研究所 エピゲノム制御学分野)
- P-19** 一卵性双生児ペア内のDNAメチル化レベル差の網羅的解析
田村 夏子(大阪大学大学院医学系研究科保健学専攻生体病態情報科学講座)
- P-20** エピゲノム編集したES 細胞からの疾患モデルマウスの作製
堀居 拓郎(群馬大学生体調節研究所附属 生体情報ゲノムリソースセンター)
- P-21** PM2.5高濃度地区の妊婦臍帯血ゲノムにおけるレトロトランスポゾンのメチル化解析
鈴木 武博(国立環境研究所)
- P-22** マウス妊娠期ヒ素曝露によって誘導される仔精子のLINEおよびLTRレトロトランスポゾンのDNAメチル化変化
野原 恵子(国立環境研究所 環境リスク・健康研究センター)
- P-23** 細胞周期依存的なSer298のリン酸化によるUHRF1の相互作用因子の制御機構
郡 聰実(横市大・生命医)
- P-24** マウスIG-DMRの母方アレルにおけるインプリント制御領域のスクリーニング
原 聰史(佐賀大学医学部 分子生命科学講座 分子遺伝学・エピジェネティクス分野)
- P-25** DNAの質の低下がDNAメチル化解析に与える影響についての検討
上田 翔(国立がん研究センター研究所 エピゲノム解析分野)
- P-26** トランスポゾンにコードされる抗抑制因子の生化学的特性
齋藤 純(国立遺伝学研究所)
- P-27** 神経活性化による新規DNAメチル化を介した遺伝子エンハンサー活性制御は興奮性シナプス形成に寄与する
亀田 朋典(九州大学大学院医学研究院、広島大学大学院統合生命科学研究科)
- P-28** CRISPRを改変した技術を用いたDNA損傷によるエピジェネティックな変化と細胞老化の関係の解明
伊東 哲史(東京大学大学院医学系研究科医科学専攻)
- P-29** 転移性臍癌におけるHOXA遺伝子座のlncRNA発現異常の解析
新沼 猛(札幌医科大学 医学部 分子生物学講座)
- P-30** 臍臍がんはlncRNA TUG1によるmiR376b-DPYDの発現制御を介して5-FUの抵抗性を獲得する
田崎 慶彦(名古屋大学大学院・医・腫瘍生物学)

- P-31** 長鎖非コードRNA TUG1はDNAポリメラーゼ α を調節することにより卵巣癌のシスプラチン抵抗性を促進する
趙 萌(名古屋大学大学院医学系研究科 腫瘍生物学)
- P-32** がん進展におけるmicroRNAを介したSrcシグナルの制御
小根山 千歳(愛知県がんセンター研究所、JSTさきがけ、名古屋大学、名古屋市立大学)
- P-33** RNAとクロマチンの相互作用を網羅的に検出する系を用いたRNA局在の解析
ショートトーク
3月31日(水) 加藤 雅紀(理化学研究所生命医科学研究センター)
- P-34** ヒト神経幹細胞のアストロサイト分化におけるインプリント遺伝子H19の機能解析
室富 和俊(産業技術総合研究所バイオメディカル研究部門 脳機能調節因子研究グループ)
- P-35** 植物の生殖制御を担う多彩なnon-coding RNA
小宮 恵奈(沖縄科学技術大学大学院サイエンス アンド テクノロジーグループ、JST さきがけ)
- P-36** 慢性胃炎および胃がんに関連する長鎖non-coding RNA結合タンパク質の探索
北嶋 洋志(札幌医科大学医学部分子生物学講座)
- P-37** RNAスイッチを用いた活性miRNAの検出とその応用
濱田 京子(株式会社 aceRNA Technologies)
- P-38** 口腔扁平上皮がんにおける長鎖非コードRNA DLEU1のがん遺伝子的機能の解析
畠中 柚衣(札幌医科大学医学部分子生物学講座)
- P-39** scATAC-seq解析を用いた乳癌の多様性評価の試み
丸山 玲緒(がん研究会・がん研究所・がんエピゲノムプロジェクト)
- P-40** モデルマウスを用いたクリーフストラ症候群発症機構の解析
山田 亜夕美(理化学研究所、開拓研究本部、真貝細胞記憶研究室)
- P-41** エピジェネティックな発現制御に注目した網膜血管新生機構の解明
根尾 卓磨(福井大・院工・生物応用化学)
- P-42** in-silico解析を用いたケロイド関連遺伝子の探索
大石 真由美(名古屋大学大学院医学系研究科 腫瘍生物学)
- P-43** 子宮内膜線維芽細胞のエピゲノム制御が子宮内膜症の病因である
村岡 彩子(名古屋大学医学部附属病院・産婦人科)
- P-44** EZH2とG9aの共阻害はインターフェロンシグナルに影響を与え多発性骨髄腫の増殖を抑制する
石黒 一也(札幌医科大学医学部分子生物学講座)
- P-45** 神経芽腫における分化関連遺伝子のエピジェネティックな発現抑制メカニズムの解明
竹信 尚典(埼玉県立がんセンター臨床腫瘍研究所)
- P-46** KDM5C選択的阻害剤の同定とその抗うつ作用
鈴木 孝穎(大阪大学産業科学研究所)
- P-47** エピゲノム異常を誘導し悪性性質に関与するびまん性正中部神経膠腫の染色体構造異常
前田 紗知(名古屋大学大学院 医学系研究科 脳神経外科学)

- P-48** ヒストンメチル化酵素EZH2過剰発現細胞における新規複合体の同定
新城 恵子(名古屋大学大学院医学系研究科 腫瘍生物学)
- P-49** RNA polymerase IIによる転写とヒストン修飾の安定性制御
梶谷 卓也(福井大学学術研究院工学系部門)
- P-50** HP1 α クロモドメインを用いたFRET型蛍光プローブによる細胞分裂中のヒストン修飾動態の観察
佐々木 和樹(理研CSRS・ケミカルゲノミクス)
- P-51** Between H3K9 and DNA methylations – the crosstalk in two main gene silencing pathways
FANG QI(国立研究開発法人理化学研究所 真貝細胞記憶研究室)
- P-52** コンバージェント転写遺伝子のクロマチン制御
稻垣 宗一(東大・理、国立遺伝研、JSTさきがけ)
- P-53** ヒトNAP1のC末端酸性領域における2つのH2A-H2B結合モチーフの違い
大友 秀明(横浜市大・院・生命医科学)
- P-54** ATAC-seq法およびCUT&TAG法を用いたヒト精子エピゲノムプロフィールの解析
牧野 吉倫(東京大学・定量生命科学研究所・病態発生制御研究分野)
- P-55** 分裂酵母における胞子クロマチン動態の分子制御機構の解析
林 亜紀(基礎生物学研究所)
- P-56** マウスのヒストンH3バリエントH3mm18を含むヌクレオソームの生化学的解析
平井 誠也(東京大学 定量生命科学研究所 クロマチン構造機能研究分野、
東京大学大学院 理学系研究科 生物科学専攻)
- P-57** Kmt2b依存的な幹細胞エピゲノムが制御する精子形成機構
小林 裕貴(横浜市立大学医学部組織学講座)
- P-58** ヒストン脱メチル化酵素KDM7Aによるマクロファージの極性化制御機構
古賀 友紹(熊本大学 発生医学研究所 細胞医学分野)
- P-59** マウス初期胚におけるヒストンH3.3の動態
石内 崇士(九州大学生体防御医学研究所)
- P-60** 192億塩基対をもつドイツウニの胚性カルスにおけるH3K27me3修飾のプロファイル
中村 みゆき(スウェーデン農業科学大学、リンネセンター)
- P-61** Epstein-Barrウイルス感染によるエンハンサー異常活性化の誘導因子の探索
李 文喆(千葉大学大学院医学研究院分子腫瘍学)
- P-62** 機械学習で判別するH3K4me制御の二形態; 転写の上流と下流
大矢 恵代(東大・院理・生物科学)
- P-63** 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
森 秀世(東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻)

- P-64** 修飾ヒストンの効率的化学合成法とヒストン動態解析
林 剛介(名古屋大学大学院工学研究科生命分子工学専攻)
- P-65** H3K9メチル化を介した遺伝子発現抑制機構の解明
清水 泰希(理化学研究所 開拓研究本部 真貝細胞記憶研究室)
- P-66** タンパク質ヒスチジンπ-メチル化酵素METTL9の機能解析
島津 忠広(理化学研究所・真貝細胞記憶研究室)
- P-67** FACTによるクロマチンリモデリングで鍵となるヒストンH3テイルの動的挙動
津中 康央(横浜市大・院・生命医科学)
- P-68** SWI/SNF複合体構成因子Smarce1のノックアウトマウスES細胞では不安定なクロマチン構造が誘導される
柏木 克信(奈良県立医科大学・第二生理学講座)
- P-69** クロマチンリモデリングと染色体の安定性～ICF症候群の原因遺伝子の機能解析から見えてきたこと～
鶴木 元香(九州大学 生体防御医学研究所 エピゲノム制御学分野)
- P-70** ケミカルマップに基づくヌクレオソームDNAの相性予測
加藤 太陽(島根大学医学部病態生化学)
- P-71** パイオニア転写因子OCT4のヌクレオソームへの結合メカニズムの解明
越後谷 健太(東京大学 定量生命科学研究所 クロマチン構造機能研究分野、
東京大学大学院 理学系研究科 生物科学専攻)
- P-72** GTPに依存したヘテロクロマチン領域変動メカニズムの解析
綾野 貴仁(福井大・院工・生物化学)
- P-73** テトラヒメナのDNA削減を誘導するヘテロクロマチンの形成機構
片岡 研介(基礎生物学研究所)
- P-74** X染色体不活性化におけるSmcHD1の役割
市原 沙也(近畿大学大学院農学研究科)
- P-75** 分裂酵母ヒストンメチル化酵素複合体CLRCの機能解析
蜂須賀 亜季(自然科学研究機構基礎生物学研究所クロマチン制御研究部門)
- P-76** 反復配列に引き起こされる哺乳類異所的高次クロマチン形成系の構築と解析
白井 温子(理研・真貝細胞記憶研究室)
- P-77** 細胞老化における特異的ヘテロクロマチン領域からの遺伝子発現誘導
富松 航佑(九州大学生体防御医学研究所)
- P-78** Compartment-dependent regulation of heterochromatin formation in mouse embryonic stem cells
福田 淳(理化学研究所真貝細胞記憶研究室)
- P-79** 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
松森 はるか(熊本大学発生医学研究所)

- P-80** 癌ウイルス-ホスト間クロマチン相互作用によるヘテロクロマチンドメイン構造変化はエンハンサー異常活性化を誘導する
岡部 篤史(千葉大学大学院医学研究院分子腫瘍学)
- P-81** CRISPR/Cas9を用いた複製ドメイン形成に関わるシスエレメントの探索
鈴木 梨乃(三重大学大学院生物資源学研究科分子細胞生物学研究室)
- P-82** DNA複製時期レポーターシステムを用いた核内コンパートメント制御因子の網羅的同定
大字 亜沙美(理化学研究所 生命機能科学研究センター 発生エピジェネティクス研究チーム)
- P-83** DNA/RNAヘリケースSETXはマウス減数分裂前期パキテン期の転写制御において中心的役割を持つ
藤原 靖浩(東京大学定量生命科学研究所)
- P-84** 生殖細胞特異的ZFP541複合体は減数分裂前期脱出の転写制御に働く
高田 幸(熊本大学発生医学研究所染色体制御分野)
- P-85** Ctbp1/2の発現消失を起点とした胚性ゲノム活性化機構の解明
早川 奈緒(関西学院大学理工学部生命医化学科関研究室)
- P-86** Paused iPS細胞を用いたKLF4量依存的エピジェネティクス制御機構の解析
西村 健(筑波大学 医学医療系 遺伝子制御学)
- P-87** 肝細胞誘導転写因子のダイナミクス解析
堀澤 健一(九州大学 生体防御医学研究所 器官発生再生学分野)
- P-88** 膵島細胞の増殖制御機構の理解と再生医療への応用
平野 利忠(東京大学医科学研究所 先進病態モデル研究分野)
- P-89** コヒーシンローダーNipblは幼若脳の経験依存的な抑制性ニューロン発達に必要である
酒井 晶子(新潟大学大学院 医歯学総合研究科)
- P-90** ネズミ上科特異的シス配列の改変によるヒト化マウス胚作製の試み
田島 美怜(関西学院大学理工学部生命医化学科)
- P-91** ネズミ上科特異的シス配列の挿入による多能性ネットワークの進化的変容
弘田 正樹(関西学院大学大学院 理工学研究科 生命医化学専攻)
- P-92** エピジェネティック制御因子UHRF1の卵母細胞と着床前胚の細胞質における新機能
上村 修平(九州大学生体防御医学研究所エピゲノム制御学分野)