

令和 2 年 6 月 4 日現在

機関番号：12601

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2017～2019

課題番号：17H03711

研究課題名(和文) 有糸分裂期と減数分裂期の染色体再編成の違いを生み出す要因の解明

研究課題名(英文) Distinction of DSB repair pathways in mitosis and meiosis

研究代表者

太田 邦史(Ohta, Kunihiro)

東京大学・大学院総合文化研究科・教授

研究者番号：90211789

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,600,000円

研究成果の概要(和文)：ゲノムDNAの切断は、様々な染色体再編成や遺伝子変異を生じ、がん化や細胞老化などの疾患に結びつく。一方、減数分裂期にはSpo11がDNA切断を担うが、染色体転座などは抑制される。今回大規模ゲノム再編成系TAQingシステムを、有糸分裂期と減数分裂期の酵母細胞に適用し、ゲノム再編成への影響を比較した。その結果、有糸分裂期には減数分裂期にはまれな転座やコピー数変動が多数見られた。Spo11欠損株で減数分裂期にTAQingを実施したが、正常な相同染色体の分離が回復しなかった。Spo11によるDNA切断が予想以上に重要であることが判明した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

今回の解析により、有糸分裂期に生じたDNA切断は、転座やコピー数変動などの染色体異常を誘発しやすいが、減数分裂期のSpo11によるDSB形成は何らかの機構でそのような異常を抑制していることが示唆された。この結果は、線虫や分裂酵母の先行研究からは予測できなかったものであり、Spo11によるDSB形成の未知の役割が新たに示されたことになる。また、有糸分裂期のDSB形成で生じる染色体再編成は、がん細胞内で生じる変化に極めて近いものであり、発がんにおけるDNA切断の役割についても重要な示唆が得られた。

研究成果の概要(英文)：DNA double strand breaks (DSBs) cause various chromosomal rearrangements, leading to diseases such as cancer and cell senescence. On the other hand, DSB formation by Spo11 during meiosis occurs at recombination hotspots, but chromosomal translocations are suppressed, resulting in conservative genomic alterations. Application of TAQing system, a gross genome rearrangement-inducing system, to yeast cells in mitosis and meiosis revealed distinct effects on genome rearrangements. While rare translocations and copy number fluctuations occur during meiosis, they are often detected in TAQed mitotic cells. The spo11 deletion strain TAQed in meiosis failed to complete normal segregation of homologous chromosomes, suggesting that DNA cleavage by Spo11 was more important than expected.

研究分野：分子生物学

キーワード：減数分裂 組換え 染色体 ゲノム再編成

## 様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

1. 研究開始当初の背景 減数分裂は有性生殖の基盤となる生命現象の一つで、この時期に両親から受け継いだ相同染色体間で遺伝的組換えが活性化することで、子孫の生命多様性が確保される。多くの生物種において減数分裂期組換えは、相同染色体の分離に不可欠な役割を果たす。基本的に遺伝的組換えの行程は DNA 二重鎖切断 (Double Strand Break, DSB) によって開始され、その後非相同末端結合や相同染色体間を介して染色体組換えが実行される。有糸分裂期においては、ゲノム DNA の切断は、細胞に致命的な影響を及ぼすだけでなく、修復経路によって様々なタイプの染色体再編成や遺伝子変異などを生じ、がん化や細胞老化などの疾患に結びつくことが知られている。一方、減数分裂期には、真核生物で広く保存されたタンパク質である Spo11 により、ゲノム DNA 切断が組換えホットスポットにおいて限局的に生じる。減数分裂基期の DSB 形成では、染色体転座などは抑制され、大きな染色体再編成を伴わない保守的なゲノム変化をもたらす。両者の違いは、相同染色体の対合やシナプトネマ構造といった減数分裂特異的な染色体構造の存在に起因すると考えられるが、その詳細は不明であった。

2. 研究の目的 本研究では、申請者が独自に開発した多部位ゲノム DNA 切断技術を用いて、有糸分裂期と減数分裂期の染色体再編成の本質的な違いや分子機構をゲノムワイド解析なども活用して明らかにすることを目的とした。我々は、耐熱性細菌由来で DNA 切断活性が温度に依存する制限酵素 *TaqI* を生細胞に導入し、さらに一過的に加温することで、条件的に生細胞内で多部位 DSB を誘発する「TAQing システム」を構築した。この系を用いることで、有糸分裂期の細胞に擬似的に減数分裂期のような多部位 DSB を一過的に誘発することができる。本研究により、減数分裂期組換えが、なぜ普遍的に Spo11 により開始されるのか、Spo11 による DSB 形成の役割は何なのか、また有性生殖や発がんなどにおける遺伝情報多様化の機構や原理が明らかになることが期待される。

3. 研究の方法 TAQing システムを用いて、有糸分裂期および減数分裂期の出芽酵母細胞で一過的な DSB 形成を誘発し、両者で生じたゲノム再編の差異について次世代シーケンサー(NGS)を用いた詳細な解析を行った。とくに、染色体転座頻度やその切断点、交叉型組換えの頻度について解析を行い、有糸分裂期・減数分裂期でゲノム再編成や変異の差異を検証した。

有糸分裂期の TAQing システムで生じたゲノム再編成を NGS 解析するため、単塩基置換 (SNV, Single Nucleotide Variation) が 0.7% の割合で存在する二つの系統 (S288c 系統と SK1 系統、減数分裂が起こらないように同じ接合型を利用) を掛け合わせた二倍体融合株を用いた。これにより、両者の染色体間の組換え部位が約 100bp 程度の分解能で SNV によって特定できた。

減数分裂期 TAQing システムについては、新たに Spo11 などを欠損した系統を掛け合わせた二倍体株を作成し、これに *TaqI* を銅イオン存在下で発現するベクターを導入することで構築した。*TaqI* の発現をイムノプロット等で確認し、染色体 DNA の切断については、パルスフィールドゲル電気泳動法により確認を行った。減数分裂期の組換え頻度 (*ARG4* ヘテロアリルを使用) や、孢子形成率/生存率、相同染色体の分離について顕微鏡観察を行った。

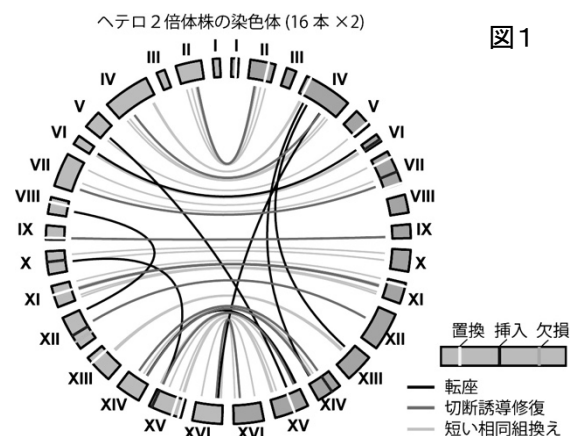
## 4. 研究成果

### 1) 有糸分裂期の TAQing による染色体再編成の解析

まず有糸分裂期にある 2 倍体融合株に対して TAQing システムを適用し、細胞形態の変化や、凝集性などの表現型の変化した株を多数取得した。これらの表現型変化について定量的に解析を行い、TAQing によって表現型のばらつきが拡大することを統計的に確認した。得られた酵母株を増殖させ、ゲノム DNA を抽出後、イルミナ社 NGS やタイリングアレイ、または Oxford Nanopore 社の MinION などにより、ゲノム再編成の解析を実施した。

元株の参照配列を元に NGS リード配列のマッピングをおこなった結果、コピー数変動 (CNV)、転座、欠失、コピー・ペースト型の遺伝子変換などの大規模な染色体再編成が 1 つの細胞株内で複数回発生していることが明らかになった (図 1)。いっぽう、放射線やアルキル化剤などで頻繁に出現する点変異については、各株で 1.4 個と非常に頻度が低いことがわかった。この結果から、TAQing システムは主としてゲノムの再編成を引き起こし、それにより表現型の多様性を生みだすことが明らかになった (Muramoto et al., *Nature. Commun.*, 2018)。

さらに染色体転座について分析を行うと、多くの転座切断点に *TaqI* の認識配列がインタクトに存在することが示された。これは、*TaqI* により細胞内で染色体 DNA が切断された後、そのまま速やかに DNA 末端が再結合する可能性を示唆している。その他の事例では、レトロトランスポゾン Ty や rDNA 配列などの反復性配列間で相同組換えによって生じた転座が認められた。出芽酵母の Hi-C データ上で、各切断点の配列をマッピングしたところ、直接末端再結合を介した



転座の場合はお互いに近接した位置にある loci で転座が生じ、反復配列間の相同組換えを介した転座の場合は、核内の離れた部位間での転座が主流であった。

減数分裂期の Spo11 による DNA 切断の修復では、交叉型組換えや遺伝子変換は見られるものの、転座や欠失などの大規模な染色体再編成はまれにしか観察されないことが知られている。以上の有糸分裂による DNA 切断後の組換えでは、染色体の大規模再編成が頻繁に生じることが一つの特徴であることが示唆された。(Muramoto et al., *Nature. Commun.*, 2018)

## 2) 減数分裂期の TAQing の効果

次に、減数分裂期の出芽酵母 2 倍体細胞を用いて、TAQing システムを実施した。この際、内在性の *SPO11* の遺伝子破壊株を作成した。なお、先行研究において Spo11 非依存的な DSB でも減数分裂が進行した事例が 2 例報告されている。第一は、Spo11 を欠損する線虫に放射線を照射し、減数分裂組換えを進行させた例、第二は DNA 修復酵素を破壊し、複製時に DSB が入りやすくした分裂酵母変異株で、減数分裂が進行した例である。これらの研究からは、「遺伝的組換えの開始には DSB で十分で Spo11 自身は必須ではない」と結論が導かれる。したがって予測としては、Spo11 を欠損させた出芽酵母の減数分裂期に TAQing を作動させれば、*spo11* 遺伝子破壊株の特徴である孢子生存率の著しい低下や、相同染色体の不分離がレスキューできると考えた。

実験としては、まず *spo11* 破壊株に Cu イオン存在下 TaqI を発現するベクターを導入し、孢子形成準備培地 (Cu イオン含有) および孢子形成培地で TaqI の発現をイムノブロットにより確認した。また、この条件で一時的に細胞を加温すると、図 2 のように染色体 DNA の切断に伴う断片化が観察された。この切断のレベルは、野生型株とほぼ同等であったことから、TaqI により狙い通り減数分裂期の *spo11* 遺伝子破壊株で DNA 切断を誘発できたことが確認できた。

一方、この実験後、孢子生存率を測定したところ、*spo11* 欠損株と同じく極端に低いままであることが判明した。さらに、この株を顕微鏡観察すると、一部の孢子内に微小核が生じており、相同染色体の不分離が発生していることが示唆された (図 3)。

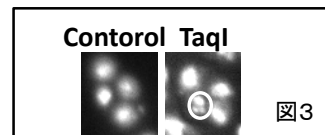
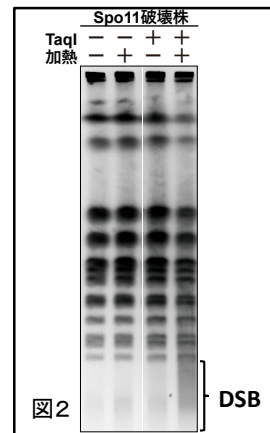
以上から、ヒトなど同様の減数分裂期相同染色体分離機構を持つ出芽酵母では、Spo11 による DNA 切断が生じないと、正常の減数分裂期組換えが誘発できないことが明らかになった。これらの生物種では、Spo11 によるホットスポットでの DNA 切断が、相同組換えを正常に誘発するために不可欠であることがはじめて明らかになった。

今回の出芽酵母を用いた減数分裂期 TAQing の結果から、少なくとも出芽酵母においては減数分裂期の遺伝的組換えが正常に完了するには、「Spo11 が導入する DSB が不可欠」なことが示唆されるに至った。この結果は、当初全く予測していない結果であったが、以下の二つの可能性があり、今後重要な学問的課題を提出する結果となった。

1. Spo11 が生成した DSB の特性 (末端への Spo11 共有結合など) が、正常な減数分裂組換えの進行に必須である可能性
  2. Spo11 が DSB 形成以外に相同染色体の正常な組換えや分配に未知の機能を果たす可能性
- 今後は、Spo11 の DNA 切断活性を欠損させた機能分離型変異株 Spo11Y135F を用いた実験や、Spo11Y135F に相同組換え因子などを連結させるなどの実験を行い、上記の可能性について詳細な解析を行う予定である。

## <引用文献>

1 Muramoto N., Oda A., Tanaka H., Nakamura T., Kugou K., Suda K., Kobayashi A., Yoneda S., Ikeuchi A., Sugimoto H., Kondo S., Ohto C., Shibata T., Mitsukawa N., Ohta K. Phenotypic diversification by enhanced genome restructuring after induction of multiple DNA double strand breaks. *Nature Commun.*, 9:1995 (2018)



## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計14件（うち査読付論文 14件 / うち国際共著 4件 / うちオープンアクセス 14件）

1. 著者名 Yamada Takatomi, Murakami Hiroshi, Ohta Kunihiro	4. 巻 -
2. 論文標題 Pulsed-Field Gel Electrophoresis for Detecting Chromosomal DNA Breakage in Fission Yeast	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Methods in Mol. Biol., DNA electrophoresis Methods and Protocols Springer Nature	6. 最初と最後の頁 135 ~ 143
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi.org/10.1007/978-1-0716-0323-9_12	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 Takiguchi Yuri, Kariyazono Ryo, Ohta Kunihiro	4. 巻 -
2. 論文標題 Detection of DNA Damage-Induced DSBs by the Contour-Clamped Homogeneous Electric Field (CHEF) System in Mammalian Cells	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Methods in Mol. Biol., DNA electrophoresis Methods and Protocols Springer Nature	6. 最初と最後の頁 101 ~ 109
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi.org/10.1007/978-1-0716-0323-9_9	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 Muramoto Nobuhiko, Oda Arisa, Tanaka Hidenori, Nakamura Takahiro, Kugou Kazuto, Suda Kazuki, Kobayashi Aki, Yoneda Shiori, Ikeuchi Akinori, Sugimoto Hiroki, Kondo Satoshi, Ohta Chikara, Shibata Takehiko, Mitsukawa Norihiro, Ohta Kunihiro	4. 巻 9
2. 論文標題 Phenotypic diversification by enhanced genome restructuring after induction of multiple DNA double-strand breaks	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 1 ~ 15
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-018-04256-y	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 Seo Hidetaka, Masuda Hitomi, Asagoshi Kenjiro, Uchiki Tomoaki, Kawata Shigehisa, Sasaki Goh, Yabuki Takashi, Miyai Shunsuke, Takahashi Naoki, Hashimoto Shu-ichi, Sawada Atsushi, Takaiwa Aki, Koyama Chika, Tamai Kanako, Kurosawa Kohei, Lin Ke-Yi, Ohta Kunihiro, Nakazaki Yukoh	4. 巻 -
2. 論文標題 Streamlined human antibody generation and optimization by exploiting designed immunoglobulin loci in a B cell line	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Cellular & Molecular Immunology	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi:10.1038/s41423-020-0440-9	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 Yamada Takatomi, Yamada Shintaro, Ding Da-Qiao, Fujita Yurika, Takaya Emi, Hiraoka Yasushi, Murakami Hiroshi, Ohta Kunihiro	4. 巻 743
2. 論文標題 Maintenance of meiotic crossover against reduced double-strand break formation in fission yeast lacking histone H2A.Z	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Gene	6. 最初と最後の頁 144615 ~ 144615
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi:10.1016/j.gene.2020.144615	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 Kariyazono Ryo, Oda Arisa, Yamada Takatomi, Ohta Kunihiro	4. 巻 47
2. 論文標題 Conserved HORMA domain-containing protein Hop1 stabilizes interaction between proteins of meiotic DNA break hotspots and chromosome axis	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Nucleic Acids Research	6. 最初と最後の頁 10166 ~ 10180
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi.org/10.1093/nar/gkz754	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 Umeda Miki, Tsunekawa Chiaki, Senmatsu Satoshi, Asada Ryuta, Abe Takuya, Ohta Kunihiro, Hoffman Charles S., Hirota Kouji	4. 巻 38
2. 論文標題 Histone Chaperone Asf1 Is Required for the Establishment of Repressive Chromatin in Schizosaccharomyces pombe fbp1 Gene Repression	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Molecular and Cellular Biology	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi.org/10.1128/MCB.00194-18	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 Kobayashi-Kirschvink Koseki J., Nakaoka Hidenori, Oda Arisa, Kamei Ken-ichiro F., Noshio Kazuki, Fukushima Hiroko, Kanesaki Yu, Yajima Shunsuke, Masaki Haruhiko, Ohta Kunihiro, Wakamoto Yuichi	4. 巻 7
2. 論文標題 Linear Regression Links Transcriptomic Data and Cellular Raman Spectra	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Cell Systems	6. 最初と最後の頁 104 ~ 117.e4
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.cels.2018.05.015	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 Yamada Shintaro, Kugou Kazuto, Ding Da-Qiao, Fujita Yurika, Hiraoka Yasushi, Murakami Hiroshi, Ohta Kunihiro, Yamada Takatomi	4. 巻 64
2. 論文標題 The conserved histone variant H2A.Z illuminates meiotic recombination initiation	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Current Genetics	6. 最初と最後の頁 1015 ~ 1019
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi.org/10.1007/s00294-018-0825-9	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 Okamoto Yusuke, Iwasaki Watal M, Kugou Kazuto, Takahashi Kazuki K, Oda Arisa, Sato Koichi, Kobayashi Wataru, Kawai Hidehiko, Sakasai Ryo, Takaori-Kondo Akifumi, Yamamoto Takashi, Kanemaki Masato T, Taoka Masato, Isobe Toshiaki, Kurumizaka Hitoshi, Innan Hideki, Ohta Kunihiro, Ishiai Masamichi, Takata Minoru	4. 巻 46
2. 論文標題 Replication stress induces accumulation of FANCD2 at central region of large fragile genes	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Nucleic Acids Research	6. 最初と最後の頁 2932 ~ 2944
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/nar/gky058	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 Yamada Shintaro, Kugou Kazuto, Ding Da-Qiao, Fujita Yurika, Hiraoka Yasushi, Murakami Hiroshi, Ohta Kunihiro, Yamada Takatomi	4. 巻 46
2. 論文標題 The histone variant H2A.Z promotes initiation of meiotic recombination in fission yeast	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Nucleic Acids Research	6. 最初と最後の頁 609 ~ 620
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/nar/gkx1110	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 Adachi Akira, Senmatsu Satoshi, Asada Ryuta, Abe Takuya, Hoffman Charles S., Ohta Kunihiro, Hirota Kouji	4. 巻 92
2. 論文標題 Interplay between chromatin modulators and histone acetylation regulates the formation of accessible chromatin in the upstream regulatory region of fission yeast <i>&lt;i&gt;fbp1&lt;/i&gt;</i>	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Genes & Genetic Systems	6. 最初と最後の頁 267 ~ 276
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi.org/10.1266/ggs.17-00018	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 Nakamura Takumi, Harada Kazuki, Kamiya Taichi, Takizawa Mai, Koppers Jim, Nakajima Kazuo, G?tschow Michael, Kitaguchi Tetsuya, Ohta Kunihiro, Kato Tadafumi, Tsuboi Takashi	4. 巻 64
2. 論文標題 Glutamine-induced signaling pathways via amino acid receptors in enteroendocrine L cell lines	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Molecular Endocrinology	6. 最初と最後の頁 133 ~ 143
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi.org/10.1530/JME-19-0260	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 Senmatsu Satoshi, Asada Ryuta, Abe Takuya, Hoffman Charles S., Ohta Kunihiro, Hirota Kouji	4. 巻 9
2. 論文標題 lncRNA transcriptional initiation induces chromatin remodeling within a limited range in the fission yeast fbp1 promoter	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 299
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi: 10.1038/s41598-018-36049-0	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

〔学会発表〕 計21件 (うち招待講演 7件 / うち国際学会 4件)

1. 発表者名 小田 有沙、中村 隆宏、村本 伸彦、田中 秀典、久郷 和人、光川 典宏、太田 邦史
2. 発表標題 制限酵素 TaqI を用いたゲノム再編成技術 TAQing; Genome rearrangement using the restriction enzyme Taq1
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 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 山田貴富、太田邦史、村上浩士
2. 発表標題 染色体構造中における減数分裂期DSB形成機構
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 山田貴富、久郷和人、太田邦史、村上浩士
2. 発表標題 分裂酵母染色体構造中における減数分裂期DNA二重鎖切断機構
3. 学会等名 第25回DNA複製・組換え・修復ワークショップ
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 飯屋園遼、小田有沙、山田貴富、太田邦史
2. 発表標題 減数分裂期特異的HORMAドメインタンパク質Hop1によるDSB形成促進機構の解析
3. 学会等名 第25回DNA複製・組換え・修復ワークショップ
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Kunihiro Ohta
2. 発表標題 Contribution of genome rearrangements to genome evolution
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 滝口友莉、飯屋園遼、太田邦史
2. 発表標題 TAQingシステムを用いたSpo11のDSB導入機構と減数分裂期組換えの解析
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 2019年



1. 発表者名 河野宏光、小田有沙、久郷和人、饗場篤、舛本寛、太田邦史
2. 発表標題 出芽酵母のキシロース資化耐熱株で生じたゲノム再編成の解析
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 2019年

1. 発表者名 安川 泰史、小田 有沙、増尾 直久、太田 邦史
2. 発表標題 エンドヌクレアーゼTaqIの直接導入で得られた産業用酵母の再編成ゲノムの構造解析
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 Arisa Oda, Takahiro Nakamura, Nobuhiko Muramoto, Hidenori Tanaka, Kazuto Kugou, Kunihiro Ohta
2. 発表標題 Artificial Genome Rearrangement System using a Restriction Enzyme
3. 学会等名 CSHL meetings 2018, The Biology of Genomes (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 小田有沙、中村隆宏、村本伸彦、田中秀典、久郷和人、光川典宏、太田邦史
2. 発表標題 TAQing: 制限酵素を用いたゲノムシャッフリング技術
3. 学会等名 生命科学系フロンティアミーティング2018 (国立遺伝学研究所研究会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 小田 有沙、平田 祥人、太田 邦史、合原 一幸
2. 発表標題 Hi-C データで得られる染色体の距離情報を扱う
3. 学会等名 日本遺伝学会第90回大会（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Ryo Kriyazono, Masaru Ito, Tomoichiro Miyoshi, Shintaro Yamada, Takatomi Yamada, Kunihiro Ohta
2. 発表標題 Control of meiotic recombination initiation via high-order chromosomal architecture
3. 学会等名 日本遺伝学会 第90回大会（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 中村隆宏、小田有沙、村本伸彦、田中秀典、久郷和人、須田一毅、太田邦史
2. 発表標題 耐熱性制限酵素による大規模ゲノム再編成
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 滝口（川島）友莉、太田邦史、花田克浩
2. 発表標題 Contour-clamped homogeneous electric field (CHEF) systemによるパルスフィールド電気泳動のヒト染色体二重鎖切断検出方法
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
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Y. Takiguchi, R. Teshima, N. Yamaguchi, K. Ohta, K. Hanada
2. 発表標題 Detection of DNA double-strand breaks in replication sites by pulsed-field gel electrophoresis.
3. 学会等名 The 11th 3R & 3C Symposium (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 A. Oda, T. Nakamura, N. Muramoto, H. Tanaka, K. Kugou, K. Ohta
2. 発表標題 TAQing : Artificial Genome Rearrangement by a Restriction Enzyme, Taq .
3. 学会等名 The 11th 3R & 3C Symposium (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 小田 有沙、平田 祥人、太田 邦史、合原 一幸
2. 発表標題 Hi-Cのデータから染色体の立体構造を解く
3. 学会等名 2017年度生命科学系学会合同年次大会 (招待講演)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Ryo Kariyazozno, A. Oda, T. Sakuno, Yoshinori Watanabe, Kunihiro Ohta
2. 発表標題 Roles of conserved meiotic chromosomal protein Hop1 in DSB formation and axis-loop interaction in fission yeast
3. 学会等名 EMBO Conference Meiosis (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 飯屋園 遼
2. 発表標題 減数分裂期組換えホットスポットのシグネチャーと軸-ループ染色体高次構造
3. 学会等名 ConBio2017 (招待講演)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 小田 有沙
2. 発表標題 Hi-Cのデータから染色体の立体構造を解く
3. 学会等名 ConBio2017 (招待講演)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 飯屋園 遼
2. 発表標題 分裂酵母における減数分裂期組換え開始制御機構
3. 学会等名 酵母研究若手の会
4. 発表年 2018年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 太田 邦史	4. 発行年 2018年
2. 出版社 講談社	5. 総ページ数 256
3. 書名 「生命多元性原理」入門	

〔産業財産権〕

〔その他〕

東京大学大学院総合文化研究科太田研究室ホームページ  
<http://www.ohata-lab.c.u-tokyo.ac.jp/index.html>

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