

令和 2 年 6 月 15 日現在

機関番号：12601

研究種目：新学術領域研究（研究領域提案型）

研究期間：2015～2019

課題番号：15H05970

研究課題名（和文）染色体オーケストレーションシステム

研究課題名（英文）Chromosome Orchestration System

研究代表者

白髭 克彦（Shirahige, Katsuhiko）

東京大学・定量生命科学研究所・教授

研究者番号：90273854

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 52,600,000円

研究成果の概要（和文）：本領域では、染色体の3次元構造の再構築と4次元情報の取得を通じて、染色体機能の調和の仕組み（染色体オーケストレーションシステム：染色体OS）を理解することを目指した。本領域で得られた知見は染色体OS情報プラットフォームに集約、データベース化され、一般に公開しているが、エピゲノム、染色体分野のみならず創薬、臨床等、我が国の生命科学全般のさらなる発展に資することが期待できる。また、本分野で生化学的な取り組みにより構築されたモデル染色体も、現在のゲノム学一辺倒の染色体分野に一石を投じ、染色体構造の制御という難問を掘り下げ、生化学的に迫ることが可能な基盤を築いた。また、人材育成と情報発信も十分行った。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究課題を通じて構築された染色体OS情報プラットフォームは、今後、染色体動態をゲノム学的視点から理解する基盤情報となるだけでなくエピゲノム、染色体分野をはじめ創薬、再生医療も含めた我が国の生命科学研究全般のさらなる発展に資することが期待できる。また、本分野で生化学的な取り組みにより構築されたモデル染色体も、現在のゲノム学中心の染色体高次構造研究に一石を投じ、染色体3D,4D構造の制御という難問に生化学的に迫ることが可能な基盤を築いた。

研究成果の概要（英文）：In this study, we aimed to understand the mechanism of the harmony of chromosome functions (Chromosome Orchestration System: Chromosome OS) through the reconstruction of three-dimensional structure of chromosomes and the acquisition of four-dimensional information. The knowledge obtained in this area has been integrated into a chromosome OS information platform, compiled into a database, and made available to the public. It is expected to contribute to the further development of life science as a whole, not only in the fields of epigenetics and chromosome biology, but also in the fields of drug discovery, clinical practice, etc. Model chromosomes, which were constructed through biochemical efforts in this field, have also caused a stir in the current genomics-oriented chromosomal field, and have laid the groundwork for biochemical approaches to delving deeper into the conundrum of chromosome structure control.

研究分野：ゲノム情報

キーワード：染色体高次構造 染色体機能 ゲノム情報 染色体構築

1. 研究開始当初の背景

染色体は生命現象の中核に位置する存在である。遺伝情報の読み出しと継承のための諸反応(転写、複製、修復、凝集・分配等)が染色体上では並列かつ協調的に遂行されている。申請者はこれら諸反応の様相を、生体内の染色体丸ごと1セットの上での動態として網羅的かつ高解像度に可視化するシステムを構築し、染色体研究に新たな視座を導入することに成功してきた。特に、ヒトなどの長大かつ複雑な染色体を対象とした網羅的染色体研究を展開するため超並列 DNA シークエンサーを活用した実験技術、情報解析両面の基盤を確立し、発生やがん、先天性疾患に直結する核内因子の機能を解き明かす研究成果を上げた。これら一連の研究からは、染色体高次構造を足場とする染色体諸機能の連携機構、染色体オーケストレーションシステムを理解することの重要性が浮上していた。

2. 研究の目的

染色体は生命の本質である。これまでの研究から、転写、複製、組換え、分配、エピゲノム修飾といった個別の染色体機能についての理解は深まりつつある。しかし、これからの染色体生物学の課題は、染色体の諸機能がどのように連携しているのか、それらが様々な生物学的過程においてどのように経時変動していくのか、を解き明かすことにある。本研究では、染色体の3次元構造の再構築と4次元情報の取得を通じて、染色体機能の調和の仕組み(染色体オーケストレーションシステム:染色体OS)を理解することを目指す。本研究が提供する技術情報基盤は、創薬、再生医療も含めた我が国の生命科学研究全般のさらなる発展に資することが期待される。本研究の発展には計画研究に加え、多種多様な背景を持つ研究者が公募研究として参画することが重要である。総括班では5年間という期間の中で、個々の計画研究および公募研究の円滑な推進、各研究の有機的連携の促進、研究成果の国民に向けた発信、人材育成(実験生物学と情報生物学の両方に長けた研究者)を行い、領域の成果を日本発の研究成果として世界に向けてアピールする。

3. 研究の方法

新学術領域「染色体OS」では、染色体が調和して機能する仕組みを「染色体オーケストレーションシステム(染色体OS)」と定義し、染色体の構造と機能について、その諸機能の連携と階層性を徹底的に洗い直して統合的な新しい染色体構築原理を理解することを目的とする。効率的な運営のため、総括班のもとに2つの班、「A01:3D構築班」と「A02:4D情報班」を設定した。2つの班が有機的に連携できる仕組みとして、総括班の支援のもとに共通の研究基盤「染色体OS情報プラットフォーム(様々な動的過程における染色体動態のデータベースとその動態を体系的に注釈、可視化し、共同研究を促進するツール)」と「モデル染色体」(二つ以上の染色体機能の連携を生化学的、細胞生物学的に理解するための再構築系)を開発し利用した。

特に総括班では、異分野の研究者が十分な連携の元で研究を推進するために、それに必要となる環境整備、情報収集、広報活動を行った。また、各計画研究と公募研究の統括、評価を行うとともに、小委員会を設置して運営の効率化を図った。特に染色体研究分野で突出した成果を上げている海外研究者を領域評価者として4名配置、日本人領域評価者3名とともに、領域運営の補助にあたり、班会議の半分を海外で開催することで、4人の外国人アドバイザーの意見を積極的に受けるとともに、日本の若手研究者、海外の研究者が多く参加した。

4. 研究成果

以下の3つの成果が主たるものとして挙げられる。

1) 染色体OS情報プラットフォームの構築

染色体OS情報プラットフォームとは、新学術領域研究「染色体オーケストレーションシステム」において共通の情報研究基盤として開発されたものであり(図1)、多くの計算コストを必要とする染色体高次構造解析機能をWebサービスとして研究者に提供する「計算サービス機能(Analysis Layer)」と計算された解析結果および公開データの格納、WWW経由での閲覧機能を提供する「データリポジトリ機能(Database Layer)」とより構成される(図2)。

計算サービス機能では、本研究領域で開発された新規情報解析アルゴリズムや、既存の公開解析プログラムを取り込んだ解析パイプラインが構築され、ユーザからデータをWWW経由で受け付けることで、Webサービスとして利用可能な形となっている。また、データリポジトリ機能では、計算サービス機能を通じて解析された結果や、公開データをパイプラインに従って解析した結果をユーザが閲覧できる機能を提供している。このモジュールは

OpenLooper (<https://openlooper.hgc.jp/>)として中井、朴班（公募班）により独立に開発されてきたものであり、引き続き単体でも機能する。また、ユーザ管理機能も整備されており、データの完全一般公開のみならず、特定の研究者コミュニティ内での利用も可能であり、染色体 OS 班員以外にも広く公開されている。

染色体 OS 情報プラットフォームは、本研究領域終了後の保守・維持体制を考慮し、東京工業大学のサーバから東京大学・医科学研究所ヒトゲノム解析センターが運用しているスーパーコンピュータ-SIROKANE に移設

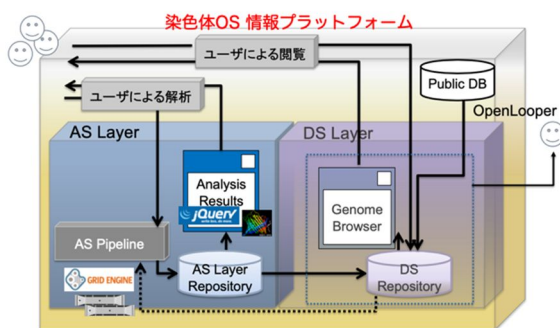


図 1. 染色体 OS 情報プラットフォーム全体像

し、最終的に <https://chromos.hgc.jp/> より公開されている。本解析パイプラインからは、コンタクトマップに関する統計情報、コンタクトマップ（生の頻度、ノーマライズを受けた頻度、Zスコア）TAD の抽出結果が出力される。これらの結果の中から TAD の抽出結果は Open looper 上で閲覧が可能である（図 3）。OpenLooper は、データレポジトリシステムとして以下の 4S

(Sharable, Scalable, Sustainable, Simple)

を重視して設計されており、上述したデータ解析機能と有機的に連動して、染色体 OS 情報プラットフォームの中においてデータベース機能を担っている。すなわち、ユーザー間のデータシェアリングをシームレスに実現するセキュアな環境を提供し

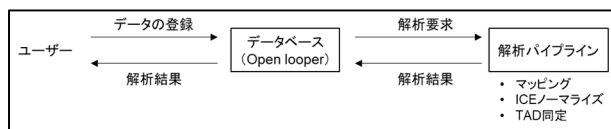


図 2. 解析パイプライン・Web アプリケーションの全体像

(Sharable) NGS データはもちろん、多様な関連データが扱える情報基盤を提供し (Scalable) 持続的なサービス (Sustainable) を簡便な GUI で提供す

る (Simple)。本構想を東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターが運用しているスーパーコンピュータ-SIROKANE に実装し (Sustainable) 電子メールとインタラクティブな GUI を介したユーザー管理とデータ登録機能 (Simple) 固有識別子による登録データの管理、データ所有者の操作によるデータ・注釈共有 (Sharable) などの機能を組み込んだ。これらの機能は、共同研究と成果の一般公開を容易にする情報基盤であり、様々なツールと多様なデータが効率的に実装・管理することができる (Scalable)。実際、ユーザー登録の NGS データから混入微生物検出を行っている OpenContami パイプラインの提供、計画班の Hi-C 解析パイプラインとの連携、遺伝子発現制御の数理モデル化手法の実装は OpenLooper の基本モジュールを活用した。研究開発期間中、領域内外の共同研究に本システムを積極的に用いてテストと改良作業を重ねてきたものである。現在、領域内外の RNA-seq, ChIP-seq, ATAC-seq, WGBS, Hi-C, Pore-C などのデータを登録・共有した。74 細胞種の 600 以上の NGS データが公開・非公開という形で蓄積されており、今後も拡充させていく予定である。本情報プラットフォームは各班員にフィードバックされ、例えば深川、白髭、平野、荒木、広田らは、それぞれの研究対象の染色体機能についての理解を深めるとともに、再構成系に用いる領域、部位、を抽出し、また、vivo の染色体構造と vitro の染色体構造の比較、検討を行った (Nat. Commun., 2015, Curr. Biol. 2015, 2018, J. Cell Biol., 2017, 2019, Nat. Cell Biol., 2018 等)。

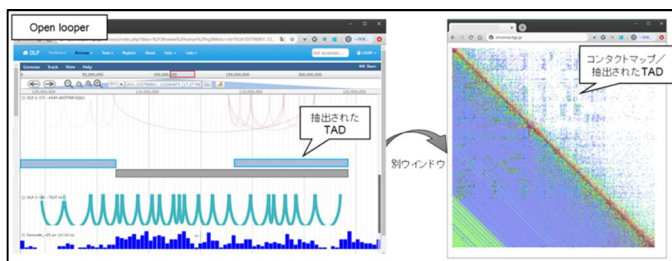


図 3. 解析結果閲覧のためのユーザーインターフェース

in silico での染色体 4D モデル化に関しては、公募班新海らの研究成果である PHI-C (ポスト Hi-C データ解析パイプライン) を活用し (Biophysical Journal, 2020)、解析結果の公開機能および、ユーザのデータに基づいて、プラットフォーム上で解析した Hi-C データから、4D modeling を実現する機能の組み込みを進めた。今年度内に公開を目指して

いる。また、情報プラットフォーム上で研究者が円滑に情報をやり取り可能なシステムも組み込む予定である。

2) モデル染色体の構築と検証

in vivo 実験と染色体 OS 情報プラットフォームによる解析を通し、様々な染色体機能の連携が予想された。そういった複数機能の連携を検証するための in vitro モデル染色体の構築と活用は平野、荒木、深川、白髭、岩崎らを中心として進められた。平野らは分裂期染色体がいかにして構築されるかという問題への長年の取り組みから自らの発見である2つのコンデンシン複合体(コンデンシンIとII)を用い、染色体構造の再構成という難問に取り組んだ。まず、コンデンシンIを含むわずか6種類の精製タンパク質因子を用いて分裂期染色体を試験管内で再構成することに成功した(Science, 2015)。さらに、染色体構築に必須な因子のほぼ全てを、純度の高い組換え型タンパク質として精製することができるようになったばかりでなく、「ヌクレオソームを持たない」染色体の構築という予想をはるかに超えた成果を班員の大杉らとともに得るに至った(Science, 2017)(図4)。荒木らは本新学術領域の中で in vitro DNA 複製系の導入を行い、国内では唯一の出芽酵母

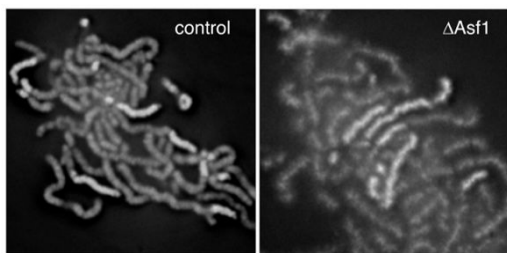


図4 ヌクレオソームなしに再構成された染色体構造(右)

の in vitro DNA 複製系を活用できる研究室となった(Genes & Dev., 2018)。深川らは動原体の再構成系を用いて解析を進め、セントロメア構築の重要なステップを次々と明らかにした(J. Cell Biol., 2019, Nat. Cell Biol., 2018)。また、荒木らは in vitro 複製系で、複製フォークが所謂、染色体結合蛋白や転写などの複製フォーク阻害構造に衝突した際に複製停止が引き起こされるメカニズムに

ついて詳細に解析し、その反応をほぼ再構成することに成功した。その結果、複製ヘリカーゼ CMG がチェックポイント因子により調節されることがフォーク停止の重要なステップであることを突き止めた(Genes & Dev., 2018)。すなわち、複製と細胞周期チェックポイントの連携機構を試験管内で再構成した。白髭は転写の in vitro 系を構築し、in vivo のデータから予測されていた染色体高次構造を形成する役割を持つコヒーシンローダーがエンハンサーの構成因子であり、転写活性化に呼応してエンハンサーとプロモーターを物理的にリンクする活性を持っていることを世界で初めて証明した。つまり、染色体高次構造形成因子であるコヒーシンによる転写制御、高次構造と転写の連携機構についてその具体的な役割を実態として明らかにした(投稿準備中)。岩崎は相同組換えにおける DNA 鎖交換反応と初期過程の DNA 切除反応を連続的かつ段階的に再構成した(Nat Struct Mol Biol. 2018, Nat. Commun. 2020)。

さらに、平野、荒木、深川はそれぞれの系を用いて本領域で展開する「機能を二つ以上もつ真核生物のモデル染色体の構築と染色体諸機能の連携機構の解明」という課題に他の班員と共に取り組んだ。平野は深川らと in vitro で作成された染色体へセントロメアを構築するための研究を進めた。平野は白髭らとは、コンデンシンが転写の結果生じる一本鎖 DNA の巻き戻しに重要であることを示唆する結果を得(Nat. Commun., 2015)、in vitro で再構成された染色体上のコンデンシンの局在原理を解析する共同研究おこなった。荒木らは公募班員の村山(東工大/現遺伝研)とコヒーシンを in vitro 系に導入し、分配と複製の連携機構を解明すべく共同研究を行っている。また、荒木は深川とセントロメア領域の複製様式について in vitro 系を用いた共同研究を行った。広田は深川らの再構成系を用い、動原体ストレスングのスピンデルチェックポイント制御機能について、共同研究を進めた。また、平野らは、公募班の境とともに分裂期染色体の数理モデル化にも成功した(Methods Mol Biol., 2019, PLoS Comput Biol. 2018)。以下に公募班の仕事として特筆すべきものを列挙する。竹林らは single-cell DNA replication sequencing (scRepli-seq)の確立に世界で初めて成功した(Nat. Genet., 2019)。舛本らはヒト人工染色体(HAC)を用いてセントロメアや染色体諸機能の階層的集合メカニズムを解明に取り組み、複数のエピジェネティクス因子を介した新規メカニズムを明らかにした(投稿準備中)。新海らは理論的計算から Hi-C データと高分子モデルの関連を解明し、Hi-C データ解析方法をソフトウェア(PHI-C)として実装することに成功した(Biophysics Journal, 2020)。西山らはコヒーシン一分子の動態解析により、コヒーシンリングと DNA ループ形

成の詳細なメカニズムの解明に迫りつつある (EMBO J., 2016, 2017)。村山は精緻なコヒーレンスローディングのメカニズムを世界に先駆けて再構成した (Cell, 2015, 2018)。佐々木は複製と組換えの連携機構について独自の系を構築し新たな知見を得た (Mol. Cell., 2017)。以上、代表的なもののみを取り上げたが、複雑な染色体機能の連携を再構成系、1細胞解析系、数理生物学を用いて解き明かそうという先駆的かつ意欲的な試みがなされ、目覚ましい進展を見せた。

3) 会議、シンポジウム、セミナー、国際共同研究と若手育成

会議、シンポジウム、セミナーについては別途、国際支援の報告書にまとめて記載。

国際共同研究

海外との共同研究を 50 以上サポートし、参画若手研究者の交流の機会とした。国際共同研究による国際共著論文の数は 53 を数える。主な共同研究先は CNRS (仏)、カロリンスカ研究所 (瑞)、フィラデルフィアこども病院 (米)、クリック研究所 (英)、オックスフォード大 (英)、ダンディー大 (英)、IMP (澳)、CIB (西)、FMI (瑞西)、トロント大学 (加)、深セン大学 (中国)、IFOM (イタリア) であった。

若手の育成

白髭班：大学院生の坂田豊典が東大定量研助教に採用。ポスドクの藤木克則が東大定量研助教に採用。大学院生の南野雅が Crick institute のポスドクに採用

篠原班：松寄健一郎が任期無しのポスト (近畿大学農学部助教) に採用

広田班：大学院生の長坂浩太がポスドク研究員に採用 (Research Institute of Molecular Pathology) 大学院生の小西惇がポスドク研究員に採用 (がん研究会がんプレシジョン医療研究センター)。ポスドク研究員の川上慶が助教に採用 (関西学院大学理工学部)。

深川班：特任研究員の西村浩平は、名古屋大学理学研究科の助教へ採用。特任研究員であった Wei-Hao Shang は中国医科大学の教授に採用。

岡田班：大学院生 2 名は、それぞれ博士号取得後、理化学研究所およびフランス・パリ第 7 大学においてポスドク研究員として採用

中井班：博士研究員の村上勝彦が株式会社富士通研究所に採用。大学院生の李鍾勳は武田薬品工業株式会社に採用。Luis Augusto は、学位取得後、東大医科研の特任助教に採用。Ei-ji Nagai は、学位取得後、東大医科研の特任助教に採用。ムン・ミュンジュンは、学位取得後、Google 合同会社に採用。

石井班：ポスドクの吉田圭介が理化学研究所・開発研究員に採用。大学院生 Liu Binbin は慶應大学・医学部・ポスドクに採用。大学院生 Liu Yang は米国・NIH・ポスドクに採用。

高橋班：ポスドク河添好孝は九州大学理学研究院助教に採用。大学院生の照井利輝氏が学術研究員として採用

班員のプロモーション及び特筆すべき賞など

分担研究者である大杉は東京大学教養学部教授。分担研究者である石井浩二郎は高知工科大学教授。分担研究者である岡田は東京大学定量研教授。公募班の山中は東大理学部講師。公募班の宮成は金沢大独立准教授

にそれぞれ昇進した。

計画研究班の平野は長年の染色体研究における功績が認められ 2019 年朝日賞を受賞した。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計41件（うち査読付論文 39件 / うち国際共著 8件 / うちオープンアクセス 27件）

1. 著者名 Ito K, Murayama Y, Kurokawa Y, Kanamaru S, Kokabu Y, Maki T, Argunhan B, Tsubouchi H, Ikeguchi M, Takahashi M, Iwasaki H*	4. 巻 -
2. 論文標題 Real-time tracking reveals catalytic roles for the two DNA binding sites of Rad51	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Nat Commun	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) -	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 Tsubouchi Hideo, Argunhan Bilge, Ito Kentaro, Takahashi Masayuki, Iwasaki Hiroshi	4. 巻 115
2. 論文標題 Two auxiliary factors promote Dmc1-driven DNA strand exchange via stepwise mechanisms	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Proceedings of the National Academy of Sciences	6. 最初と最後の頁 17419-17419
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1073/pnas.1917419117	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 Watanabe Reito, Hara Masatoshi, Okumura Ei-ichi, Herve Solene, Fachinetti Daniele, Ariyoshi Mariko, Fukagawa Tatsuo	4. 巻 218
2. 論文標題 CDK1-mediated CENP-C phosphorylation modulates CENP-A binding and mitotic kinetochore localization	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Journal of Cell Biology	6. 最初と最後の頁 4042 ~ 4062
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1083/jcb.201907006	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 Hara Masatoshi, Fukagawa Tatsuo	4. 巻 21
2. 論文標題 Centromere maintenance during DNA replication	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Nature Cell Biology	6. 最初と最後の頁 669 ~ 671
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41556-019-0335-0	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 Yoshimura Dai, Kajitani Rei, Gotoh Yasuhiro, Katahira Katsuyuki, Okuno Miki, Ogura Yoshitoshi, Hayashi Tetsuya, Itoh Takehiko	4. 巻 5
2. 論文標題 Evaluation of SNP calling methods for closely related bacterial isolates and a novel high-accuracy pipeline: BactSNP	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Microbial Genomics	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) 10.1099/mgen.0.000261	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 Ochi Yotaro, Kon Ayana,Ogawa Seishi	4. 巻 -
2. 論文標題 Combined Cohesin?RUNX1 Deficiency Synergistically Perturbs Chromatin Looping and Causes Myelodysplastic Syndromes	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Cancer Discovery	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) 10.1158/2159-8290.CD-19-0982	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 Matsuzaki Kenichiro, Kondo Shizuka, Ishikawa Tatsuya, Shinohara Akira	4. 巻 10
2. 論文標題 Human RAD51 paralogue SWSAP1 fosters RAD51 filament by regulating the anti-recombinase FIGL1 AAA+ ATPase	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Nature Communications	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) 10.1038/s41467-019-09190-1	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 Takahashi Motoko, Hirota Toru	4. 巻 60
2. 論文標題 Folding the genome into mitotic chromosomes	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Current Opinion in Cell Biology	6. 最初と最後の頁 19 ~ 26
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ceb.2019.03.005	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 Nakato Ryuichiro, ...Shirahige Katsuhiko	4. 巻 12
2. 論文標題 Comprehensive epigenome characterization reveals diverse transcriptional regulation across human vascular endothelial cells	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Epigenetics & Chromatin	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) 10.1186/s13072-019-0319-0	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

1. 著者名 Fiordaliso Sarah K.,Shirahige Katsuhiko, Izumi Kosuke	4. 巻 105
2. 論文標題 Missense Mutations in NKAP Cause a Disorder of Transcriptional Regulation Characterized by Marfanoid Habitus and Cognitive Impairment	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 The American Journal of Human Genetics	6. 最初と最後の頁 987 ~ 995
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ajhg.2019.09.009	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 Fujiwara S., Hoshizaki M., Ichida Y., Lex D., Kuroda E., Ishii KJ., Magi S., Okada M., Takao H., Gando M., Imai H., Hara R., Herzog H., Yoshimura A., Okamura H., Penninger JM., Slutsky AS., Uhlig S., Kuba K., and Imai Y.	4. 巻 4(2)
2. 論文標題 Pulmonary phagocyte-derived NPY controls the pathology of severe influenza virus infection.	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Nature Microbiology	6. 最初と最後の頁 258-268
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41564-018-0289-1	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 M, Ariyoshi M, Okumura EI, Hori T, and *Fukagawa T	4. 巻 20(12)
2. 論文標題 Multiple phosphorylations control recruitment of the KMN network onto kinetochores.	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Nat Cell Biol.	6. 最初と最後の頁 1378-1388
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41556-018-0230-0.	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 -

1. 著者名 Matsuzaki, K., Kondo, S., Ishikawa, T., and A. Shinohara	4. 巻 10
2. 論文標題 Human RAD51 paralogue, SWSAP1, fosters RAD51 filament by regulating the anti-recombinase, FIGNL1 AAA+ ATPase.	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 1407
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-019-09190-1	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 Kajitani R, Yoshimura D, Okuno M, Minakuchi Y, Kagoshima H, Fujiyama A, Kubokawa K, Kohara Y, Toyoda A, Itoh T	4. 巻 -
2. 論文標題 Platanus-allee is a de novo haplotype assembler enabling a comprehensive access to divergent heterozygous regions.	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Nat Commun	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) 10.1038/s41467-019-09575-2	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 Terui R, Nagao K, Kawasoe Y, Taki K, Higashi TL, Tanaka S, Nakagawa T, Obuse C, Masukata H, Takahashi TS	4. 巻 32(11-12)
2. 論文標題 Nucleosomes around a mismatched base pair are excluded via an Msh2-dependent reaction with the aid of SNF2 family ATPase Smrca1.	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Genes & development	6. 最初と最後の頁 806-821
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1101/gad.310995.117	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 Hizume, K., Endo, S., Muramatsu, S., Kobayashi, T. and Araki, H.	4. 巻 32
2. 論文標題 DNA polymerase e-dependent modulation of the pausing property of CMG helicase at the barrier.	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Genes & Dev.	6. 最初と最後の頁 1315-1320
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1101/gad.317073.118	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 Yamaguchi K, Hada M, Fukuda Y, Inoue E, Makino Y, Katou Y, Shirahige K, Okada Y.	4. 巻 23(13)
2. 論文標題 Re-evaluating the Localization of Sperm-Retained Histones Revealed the Modification-Dependent Accumulation in Specific Genome Regions.	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Cell Rep.	6. 最初と最後の頁 3920-3932.
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.celrep.2018.05.094.	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 Minamino M, Tei S, Negishi L, Kanemaki MT, Yoshimura A, Sutani T, Bando M, Shirahige K.	4. 巻 28(16)
2. 論文標題 Temporal Regulation of ESCO2 Degradation by the MCM Complex, the CUL4-DDB1-VPRBP Complex, and the Anaphase-Promoting Complex.	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Curr Biol.	6. 最初と最後の頁 2665-2672
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.cub.2018.06.037	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 Harada A, Maehara K, Handa T, Arimura Y, Nogami J, Hayashi-Takanaka Y, Shirahige K, Kurumizaka H, Kimura H, Ohkawa Y.	4. 巻 21(2)
2. 論文標題 A chromatin integration labelling method enables epigenomic profiling with lower input.	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Nat Cell Biol.	6. 最初と最後の頁 287-296
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41556-018-0248-3	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 Shintomi, K., F. Inoue, H. Watanabe, K. Ohsumi, M. Ohsugi, and T. Hirano	4. 巻 356
2. 論文標題 Mitotic chromosome assembly despite nucleosome depletion in Xenopus egg extracts.	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Science	6. 最初と最後の頁 1284-1287
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1126/science.aam9702	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 Hori T, Shang WH, Hara M, Ariyoshi M, Arimura Y, Fujita R, Kurumizaka H, Fukagawa T.	4. 巻 42
2. 論文標題 Association of M18BP1/KNL2 with CENP-A Nucleosome Is Essential for Centromere Formation in Non-mammalian Vertebrates.	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Dev Cell	6. 最初と最後の頁 181-189
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.devcel.2017.06.019	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 Miyazawa-Onami, M., Araki, H. and Tanaka, S.	4. 巻 18
2. 論文標題 Pre initiation complex assembly functions as a molecular switch that splits the Mcm2 7 double hexamer	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 EMBO Rep.	6. 最初と最後の頁 1752-1761
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.15252/embr.201744206	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 Ito K, Murayama Y, Takahashi M, Iwasaki H.	4. 巻 25
2. 論文標題 Two three-strand intermediates are processed during Rad51-driven DNA strand exchange	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Nat Struct Mol Biol	6. 最初と最後の頁 29-36
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41594-017-0002-8	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 Fujita Y, Masuda K, Bando M, Nakato R, Katou Y, Tanaka T, Nakayama M, Takao K, Miyakawa T, Tanaka T, Ago Y, Hashimoto H, Shirahige K, Yamashita T.	4. 巻 214
2. 論文標題 Decreased cohesin in the brain leads to defective synapse development and anxiety-related behavior	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 J Exp Med.	6. 最初と最後の頁 1431-1452
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1084/jem.20161517	査読の有無 無
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 Fujita Y, Masuda K, Bando M, Nakato R, Katou Y, Tanaka T, Nakayama M, Takao K, Miyakawa T, Tanaka T, Ago Y, Hashimoto H, Shirahige K, Yamashita T.	4. 巻 印刷中
2. 論文標題 Decreased cohesin in the brain leads to defective synapse development and anxiety-related behavior.	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 J Exp Med.	6. 最初と最後の頁 印刷中
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1084/jem.20161517.	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 Hada M, Masuda K, Yamaguchi K, Shirahige K, Okada Y.	4. 巻 7
2. 論文標題 Identification of a variant-specific phosphorylation of TH2A during spermiogenesis.	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Sci Rep.	6. 最初と最後の頁 46228
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/srep46228.	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 Sakata T, Shirahige K, Sutani T.	4. 巻 1515
2. 論文標題 ChIP-seq Analysis of Condensin Complex in Cultured Mammalian Cells.	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Methods Mol Biol.	6. 最初と最後の頁 257-271.
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	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 Abe T, Kawasumi R, Arakawa H, Hori T, Shirahige K, Losada A, Fukagawa T, Branzei D.	4. 巻 7(42)
2. 論文標題 Chromatin determinants of the inner-centromere rely on replication factors with functions that impart cohesion.	5. 発行年 2016年
3. 雑誌名 Oncotarget.	6. 最初と最後の頁 67934-67947.
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.18632/oncotarget.11982.	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 Sutani T, Shirahige K.	4. 巻 63(3)
2. 論文標題 Attaching Accessory Devices to the Replisome.	5. 発行年 2016年
3. 雑誌名 Mol Cell.	6. 最初と最後の頁 347-8
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.molcel.2016.07.017.	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 Pakchuen S, Ishibashi M, Takakusagi E, Shirahige K, Sutani T.	4. 巻 291(33)
2. 論文標題 Physical Association of <i>Saccharomyces cerevisiae</i> Polo-like Kinase Cdc5 with Chromosomal Cohesin Facilitates DNA Damage Response.	5. 発行年 2016年
3. 雑誌名 J Biol Chem.	6. 最初と最後の頁 17228-46.
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1074/jbc.M116.727438.	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 Nakato R, Shirahige K.	4. 巻 18(2)
2. 論文標題 Recent advances in ChIP-seq analysis: from quality management to whole-genome annotation.	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Brief Bioinform.	6. 最初と最後の頁 279-290.
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bib/bbw023.	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 Koya J, Kataoka K, Sato T, Bando M, Kato Y, Tsuruta-Kishino T, Kobayashi H, Narukawa K, Miyoshi H, Shirahige K, Kurokawa M.	4. 巻 7
2. 論文標題 DNMT3A R882 mutants interact with polycomb proteins to block haematopoietic stem and leukaemic cell differentiation.	5. 発行年 2016年
3. 雑誌名 Nat Commun.	6. 最初と最後の頁 10924
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi: 10.1038/ncomms10924	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 Yoshida K, Renard-Guillet C, Inoue K, Shirahige K, Okada-Hatakeyama M, Ishii S.	4. 巻 7
2. 論文標題 Microarray expression analysis of genes involved in innate immune memory in peritoneal macrophages.	5. 発行年 2015年
3. 雑誌名 Genom Data.	6. 最初と最後の頁 90-1
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi: 10.1016/j.gdata.2015.11.028.	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 Nakato R, Shirahige K.	4. 巻 12
2. 論文標題 Recent advances in ChIP-seq analysis: from quality management to whole-genome annotation.	5. 発行年 2016年
3. 雑誌名 Brief Bioinform.	6. 最初と最後の頁 1-12
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi: 10.1093/bib/bbw023	査読の有無 無
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 Leonard J, Sen N, Torres R, Sutani T, Jarmuz A, Shirahige K, Aragon L.	4. 巻 13(11)
2. 論文標題 Condensin Relocalization from Centromeres to Chromosome Arms Promotes Top2 Recruitment during Anaphase.	5. 発行年 2015年
3. 雑誌名 Cell Rep.	6. 最初と最後の頁 2336-44
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi: 10.1016/j.celrep.2015.11.041.	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 Yoshida K, Maekawa T, Zhu Y, Renard-Guillet C, Ishibashi K, Chatton B, Inoue K, Uchiyama T, Yamada T, Ohno N, Shirahige K, Okada-Hatakeyama M, Ishii S.	4. 巻 16(10)
2. 論文標題 The transcription factor ATF7 mediates lipopolysaccharide-induced epigenetic changes in macrophages involved in innate immunological memory.	5. 発行年 2015年
3. 雑誌名 Nat Immunol.	6. 最初と最後の頁 1034-43
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi: 10.1038/ni.3257.	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 Kubota T, Katou Y, Nakato R, Shirahige K, Donaldson AD.	4. 巻 12(5)
2. 論文標題 Replication-Coupled PCNA Unloading by the Elg1 Complex Occurs Genome-wide and Requires Okazaki Fragment Ligation.	5. 発行年 2015年
3. 雑誌名 Cell Rep.	6. 最初と最後の頁 774-87
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi: 10.1016/j.celrep.2015.06.066.	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 Sutani T, Sakata T, Nakato R, Masuda K, Ishibashi M, Yamashita D, Suzuki Y, Hirano T, Bando M, Shirahige K.	4. 巻 6
2. 論文標題 Condensin targets and reduces unwound DNA structures associated with transcription in mitotic chromosome condensation.	5. 発行年 2015年
3. 雑誌名 Nat Commun	6. 最初と最後の頁 7815
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi: 10.1038/ncomms8815.	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 Chen ST, Okada M, Nakato R, Izumi K, Bando M, Shirahige K.	4. 巻 290(35)
2. 論文標題 The Deubiquitinating Enzyme USP7 Regulates Androgen Receptor Activity by Modulating Its Binding to Chromatin.	5. 発行年 2015年
3. 雑誌名 J Biol Chem	6. 最初と最後の頁 21713-23
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi: 10.1074/jbc.M114.628255.	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 Balint A, Kim T, Gallo D, Cussiol JR, Bastos de Oliveira FM, Yimit A, Ou J, Nakato R, Gurevich A, Shirahige K, Smolka MB, Zhang Z, Brown GW.	4. 巻 34(16)
2. 論文標題 Assembly of Slx4 signaling complexes behind DNA replication forks.	5. 発行年 2015年
3. 雑誌名 EMBO J.	6. 最初と最後の頁 2182-97
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi: 10.15252/embj.201591190.	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 Minamino M, Ishibashi M, Nakato R, Akiyama K, Tanaka H, Kato Y, Negishi L, Hirota T, Sutani T, Bando M, Shirahige K.	4. 巻 25(13)
2. 論文標題 Esco1 Acetylates Cohesin via a Mechanism Different from That of Esco2.	5. 発行年 2015年
3. 雑誌名 Curr Biol.	6. 最初と最後の頁 1694-706
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) doi: 10.1016/j.cub.2015.05.017.	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33件(うち招待講演 30件/うち国際学会 28件)

1. 発表者名 Akira Shinohara
2. 発表標題 Human RAD51 paralog, SWSAP1, promotes RAD51 assembly by regulating the anti-recombinase, FIGL1 AAA+ ATPase
3. 学会等名 EMBO workshop on meiosis (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Akira Shinohara
2. 発表標題 Human RAD51 paralog, SWSAP1, promotes RAD51 assembly by regulating the anti-recombinase, FIGL1 AAA+ ATPase
3. 学会等名 FASEB meeting on recombination & genome rearrangement (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Toru Hirota
2. 発表標題 The homeostatic control of chromosomes
3. 学会等名 The 71st Annual meeting of the Japan Society for Cell Biology (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Toru Hirota
2. 発表標題 A robust control of mitotic transitions prevents chromosome missegregation
3. 学会等名 International Symposium Cancer Etiology (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Kojiro Ishii
2. 発表標題 Immediate response to chromosomal aneuploidy
3. 学会等名 Chromosome Orchestration System (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Tatsuo Fukagawa
2. 発表標題 CDK1 Regulates CENP-A-CENP-C Interaction In Vertebrate Kinetochores
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 Hiroshi Iwasaki
2. 発表標題 Activation of Mre11 endonuclease by Ctp1 in Schizosaccharomyces pombe
3. 学会等名 EMBO Workshop on Fission Yeast, The 10th International Meeting (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Hiroyuki Araki
2. 発表標題 Requirements for replication fork pausing at the barriers
3. 学会等名 The 2019 meeting on Eukaryotic DNA Replication and Genome Maintenance (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Hiroyuki Araki
2. 発表標題 Formation and progression of replication forks in budding yeast; replication fork pausing at the barriers
3. 学会等名 The 44th FEBS Congress (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Tatsuya 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 Tatsuya 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 Tatsuya 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 Katsuhiko Shirahige
2. 発表標題 Transcriptional Regulation by Cohesin and its loader
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 KATSUHIKO SHIRAHIGE
2. 発表標題 Transcriptional Regulation by Cohesin and its loader
3. 学会等名 Chromosome dynamics 2019 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Araki, H
2. 発表標題 Formation, progression and stalling of bidirectional replication forks in budding yeast
3. 学会等名 EMBO/EMBL symposium: DNA replication: From basic biology to disease (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Kanemaki M
2. 発表標題 Rapid protein depletion in human cells by the auxin-inducible degron (AID) technology
3. 学会等名 Hong Kong University (招待講演)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Fukagawa T
2. 発表標題 Centromere Dynamics During Mitotic progression
3. 学会等名 Gordon Research Conference on Centromere Biology (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Hirano T
2. 発表標題 Assembling mitotic chromosomes in vitro
3. 学会等名 The 11th 3R&3C Symposium (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Masumoto H
2. 発表標題 De novo establishment and epigenetic maintenance of centromere chromatin on alpha-satellite DNA
3. 学会等名 The 2018 "Centromere Biology" Gordon Research Conference (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Shinohara A
2. 発表標題 Meiotic prophase pathway of cleavage-independent removal of cohesin from chromosomes during late prophase I
3. 学会等名 Gordon Research Conference on Meiosis (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Shirahige K
2. 発表標題 Regulation of Transcription by Cohesin and its loader
3. 学会等名 Principles of Chromosome Structure and Function (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Tatsuya Hirano
2. 発表標題 Condensin-based chromosome organization
3. 学会等名 Keystone Symposium on "Genomic Instability and DNA Repair/DNA Replication and Recombination" (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Tatsuya Hirano
2. 発表標題 Condensin-based chromosome organization
3. 学会等名 Gordon Research Conference "Chromosome Dynamics" (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Akira Shinohara
2. 発表標題 Control of Rad51/Dmc1 assembly by Rad51 mediators
3. 学会等名 FASEB meeting on recombination & genome rearrangement, (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Toyonori Sakata, Katsuhiko Shirahige
2. 発表標題 Analysis of human chromosome organization mediated by cohesin complex
3. 学会等名 Genetic Networks (GN) Workshop (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Toyonori Sakata, Katsuhiko Shirahige
2. 発表標題 Organization of 3D genome structure mediated by cohesin and CTCF
3. 学会等名 EMBO Workshop "Evolution in the Time of Genome Architecture" (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 katsuhiko Shirahige
2. 発表標題 How cohesin and its loader regulate transcription? Clues from newly identified disease and in vitro reconstitution system
3. 学会等名 トロント大学のセミナー (招待講演)
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 白髭克彦
2. 発表標題 希少疾患と癌、その共通の分子病態から学ぶ転写伸長因子コヒーシンの役割
3. 学会等名 愛知県がんセンター セミナー（招待講演）
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 katsuhiko Shirahige
2. 発表標題 Transcriptional regulation by cohesin and its loader
3. 学会等名 CdLS symposium（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 白髭克彦
2. 発表標題 DNA 複製の過去・現在・未来 - ゲノム複製からエピゲノム複製へ
3. 学会等名 岡崎フラグメント50周年シンポジウム（招待講演）
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 katsuhiko Shirahige
2. 発表標題 Transcriptional regulation by cohesin and its loader
3. 学会等名 第9回NAGOYAグローバルリトリート（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Katsuhiko Shirahige
2. 発表標題 The crude Lysate system to analyze transcriptional regulation by cohesin loader
3. 学会等名 CSH Mechanisms of Eukaryotic Transcription (国際学会)
4. 発表年 2015年

1. 発表者名 Katsuhiko Shirahige
2. 発表標題 Transcriptional regulation by Cohesin and its loader
3. 学会等名 International conference of the Korean Society for molecular and cellular biology (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2015年

〔図書〕 計0件

〔出願〕 計4件

産業財産権の名称 遺伝性乳癌卵巣癌症候群の治療薬のスクリーニング方法	発明者 岩崎博史、坪内英生、伊藤武彦、梶谷嶺、リハッティマル	権利者 東京工業大学
産業財産権の種類、番号 特許、2018-77857	出願年 2018年	国内・外国の別 国内

産業財産権の名称 微生物由来カルボキシペプチダーゼの高血圧改善、心不全改善、急性呼吸窮迫症候群改善作用	発明者 今井由美子	権利者 同左
産業財産権の種類、番号 特許、2018-165890	出願年 2018年	国内・外国の別 国内

産業財産権の名称 神経ペプチドNPYとその受容体の抗インフルエンザ作用	発明者 今井由美子	権利者 同左
産業財産権の種類、番号 特許、2018-211311	出願年 2018年	国内・外国の別 国内

産業財産権の名称 遺伝性乳癌卵巣癌症候群の治療薬のスクリーニング方法	発明者 岩崎博史、伊藤武彦	権利者 同左
産業財産権の種類、番号 特許、特願2018-77857	出願年 2017年	国内・外国の別 国内

〔取得〕 計0件

〔その他〕

東大、遺伝情報を次の世代に正確に伝える仕組みを発見
https://www.nikkei.com/article/DGXLRSP487269_X00C18A8000000/
 遺伝子の入れ替えをコントロールするメカニズムを解明 - ゲノム編集や不妊治療への応用に期待—
<http://www.protein.osaka-u.ac.jp/achievement/pressrelease190404>
 定説を覆す！染色体の分配のしくみに、鍵となる新たな分子の働きを発見
https://resou.osaka-u.ac.jp/ja/research/2018/20181113_1
 相同組換えのDNA鎖交換反応開始の分子機構を解明 Swi5-Sfr1によるRad51のDNA結合制御
<https://www.titech.ac.jp/news/2018/042607.html>
 邪魔者をどかせると見えてきた、精子ヒストンの局在と規則性；新技術で精子ヒストンマップを作成
http://www.iam.u-tokyo.ac.jp/press_release/180627-2/
 平野・大杉班がScience誌に論文を発表しました
<http://www.chromosomeos.com/news/577>
 染色体オーケストレーションシステム
<http://www.chromosomeos.com/>
 染色体オーケストレーションシステム
<http://www.chromosomeos.com/>

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	伊藤 武彦 (Itoh Takehiko) (90501106)	東京工業大学・生命理工学研究科・教授 (12608)	