

令和 2 年 6 月 9 日現在

機関番号：12601

研究種目：挑戦的研究（萌芽）

研究期間：2018～2019

課題番号：18K19777

研究課題名（和文）DNA公開鍵暗号

研究課題名（英文）DNA public cryptography

研究代表者

谷内江 望（Yachie, Nozomu）

東京大学・先端科学技術研究センター・准教授

研究者番号：60636801

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 4,800,000円

研究成果の概要（和文）：RSA暗号等の現代公開鍵暗号の安全性は、巨大数の素因数分解が困難であることを基礎として、秘密鍵からの公開鍵生成・公開鍵による暗号化・秘密鍵による復号化に高い一方向性があることによって保障されている。一方で、理論的には量子コンピュータが素因数分解を高速に行えることが示されており（Shorの定理）、我々は非ノイマン型コンピュータ時代の新しい公開鍵暗号システムを考える必要がある。本研究では、物理空間における複雑性の高いDNA分子群の「空間的拘束を保った不可逆な切断」を基礎とした新たな公開鍵暗号システムBSG（Barcode Split Genetics）を提案し、その開発を進めた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

通信の秘匿性は国家戦略、企業経営から個人のプライバシー保護まで、社会のあらゆる場面で重要であり、今日世界中の情報通信インフラは公開鍵暗号システムに支えられている。一方で、量子コンピュータ等、非ノイマン型コンピュータの今後5年以内の実現がSFではなくなり、その様な計算資源によって現代の暗号システムは無効化される可能性が高い。量子コンピュータや光コンピュータを利用した新たな暗号システムも理論上は展開されているが、非ノイマン型コンピュータの登場以前に実現の見込みがあるものはなく、新たな強い暗号システムの開発は喫緊の課題である。この問題を解決しうるDNAを基礎にしたBSG暗号システムを開発した。

研究成果の概要（英文）：The security of modern public-key cryptography, such as RSA cryptography, is based on the fact that it is difficult to factorize giant numbers into prime numbers. In addition, the security of public-key cryptography systems has been guaranteed by a high degree of unidirectionality in the conversion from a public key generation to a private key, and in the data encryption using a public key. However, it has recently been shown that quantum computers are, in theory, capable of fast prime factorization (Shor's Theorem). Therefore, we need a new public-key cryptosystem for the non-von Neumann computer era. In this study, we proposed a DNA-based public cryptography system Barcode Split Genetics (BSG). BSG is based on the irreversible truncation of spatially constrained, highly complex DNA molecules. Our experimental results showed the high potential of this new cryptography system.

研究分野：暗号

キーワード：公開鍵暗号 DNA

様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

通信の秘匿性は国家戦略、企業経営から個人のプライバシー保護まで、社会のあらゆる場面で重要であり、今日世界中の情報通信インフラは公開鍵暗号システムに支えられている。一方で、量子コンピュータ等、非ノイマン型コンピュータの今後5年以内の実現がSFではなく、その様な計算資源によって現代の暗号システムは無効化される可能性が高い。量子コンピュータや光コンピュータを利用した新たな暗号システムも理論上は展開されているが、非ノイマン型コンピュータの登場以前に実現の見込みがあるものはなく、新たな強い暗号システムの開発は喫緊の課題である。

一般に現在非常に強いとされる公開鍵暗号システムでは、情報の受信者(慣例にならって Alice とする)は秘密鍵を生成し、秘密鍵から生成した公開鍵を情報の送信者(Bob とする)に伝える(あるいは一般に広く公開する)。秘密鍵による公開鍵の生成過程は不可逆である。Bob は Alice の公開鍵を用いて平文を暗号化する。公開鍵による平文の暗号化も不可逆である。Bob は暗号文を Alice に送信し、Alice はこれを秘密鍵によって復号する。一連の過程において、第三者が傍受できる可能性のある情報は公開鍵と暗号文であるが、公開鍵からの秘密鍵の特定や公開鍵と暗号文からの平文の特定は極めて困難であるため、その情報変換の一方性が安全な通信を実現する。

公開鍵暗号である RSA 暗号が登場する 1977 年までの共通鍵暗号は、通信の暗号化自体に必要な鍵がまた情報であるため、配送中に鍵を盗まれる可能性があることが秘匿性を高める上での障害であった(鍵配送問題)。RSA 暗号は Ron Rivest, Adi Shamir, Len Adleman によって開発され、三人の開発者の頭文字をとって名付けられた世界初の公開鍵暗号システムであり、今日まで情報通信の基礎を担っている。しかしながら、現代暗号システムの安全性は現代社会におけるほぼ全ての計算機であるノイマン型コンピュータにおいてのみ保障され、非ノイマン型コンピュータにおいてはその限りでない。例えば、RSA 暗号の安全性の根拠である公開鍵生成、公開鍵による暗号化、秘密鍵による復号化の一方性は、ノイマン型コンピュータにおいて大きな 2 つの素数 p および q の積は容易に計算できるが、 pq の素因数分解は困難であることを基礎とする。理論的には量子コンピュータ等が素因数分解を高速に行えることが示されており(Shor の定理)、我々は非ノイマン型コンピュータ時代の新しい公開鍵暗号システムを考える必要がある。本研究では、物理空間における複雑性の高い DNA 分子群の「空間的拘束を保った不可逆な切断」を基礎とした新たな公開鍵暗号システムが、あらゆる計測技術、計算機の介入による情報の窃盗に対して極めて頑健であることを提案し、いくつかの実証実験によってその有効性について検討した。

2. 研究の目的

本研究では、物理空間における複雑性の高い DNA 分子群の「空間的拘束を保った不可逆な切断」を基礎とした新たな公開鍵暗号システム BSG (Barcode Split Genetics) が、あらゆる計測技術、計算機の介入による情報の窃盗に対して極めて頑健であることを提案した。BSG 暗号では、Alice は予め組合せ情報が分かっている連結 DNA バーコードを大量に準備し、この組合せ情報を秘密鍵とする。次に、それぞれをコンテナ内に包埋し、その後、連結バーコードが切断されたコンテナ群のサンプルを公開鍵とする。Alice から配送された公開鍵を受け取った Bob はランダムに 1 つコンテナを選び、ここに包埋されていた切断バーコードペアを DNA シークエンシングによって解読する。二つのバーコード配列はビット情報に変換され、一つは平文の暗号化キーとして利用され、もう一つは暗号文とともにワンタイムパスワードとして Alice に送信される。Alice はバーコードの組合せ情報を秘密鍵として持つため、ワンタイムパスワードに対応する暗号化キーを知ることができ、Alice のみが Bob 以外に暗号文を安全に復号できる。ここで BSG 暗号の必要条件は、ランダムに選び出された 1 つのコンテナから切断バーコードペアを同定するのは Bob にとって容易である一方、公開鍵のコンテナ群の全てあるいは一部について同じことをするのは窃盗を試みる第三者にとって極めて難しいこと(全体観測性の低さ)である。例えば、DNA をシークエンシングするためにはコンテナを取り除かねばならず、これを膨大な数のコンテナについて一つひとつ繰り返すことは現実的でない状況、或いは超並列 DNA シークエンシングによって一斉に解読しようと試みて集団のコンテナを取り除くと切断された DNA バーコード群が混合され、公開鍵としての機能が失われる状況を作り上げることが必要である。

RSA 暗号を基礎とする暗号は現代において唯一強力な公開鍵暗号システムであり、暗号システム自体が一般的な計算機において実行可能であるという点が、その頑健性とともなう利便性を高め、広く普及している理由である。一方で、既に強い計算機によって RSA 暗号は攻撃可能であることが示されており、また計算機間でシステム全体を転送できる点において、将来非ノイマン型コンピュータの登場によって無効化される可能性を示している。ドイツで開発されたエニグマ暗号機等の機械式暗号は、共通鍵暗号システムに属し、システム自体が第三者に盗まれる可能性のある脆弱なシステムであったが、汎用計算機とは独立して物理世界に存在するものであった(汎用計算機にシステムを転送できない訳ではない)。BSG 暗号も、高度に複雑な DNA 分子集団を利用するという点において公開鍵の生成は物理世界に汎用計算機から独立するシステムであるが、その極めて低い全体観測性が公開鍵暗号システムとしての機能を成立と同時に、そのシステム自体の計算機への転送を困難にする非常に良い暗号であると考えられる。

3. 研究の方法

本研究では、はじめに BSG 暗号の実装例として酵母細胞を用いたコンテナ型 BSG 暗号を開発した(図 1)。コンテナ型 BSG 暗号では、Alice は予め Uptag と Dntag の組合せ情報が分かっている連結 DNA バーコードそれぞれを異なる細胞(コンテナ)に持つ大規模な細胞集団を準備する。特定の DNA バーコード分子群を超並列に合成したものを形質転換によって細胞集団に導入してもよいし、ラ

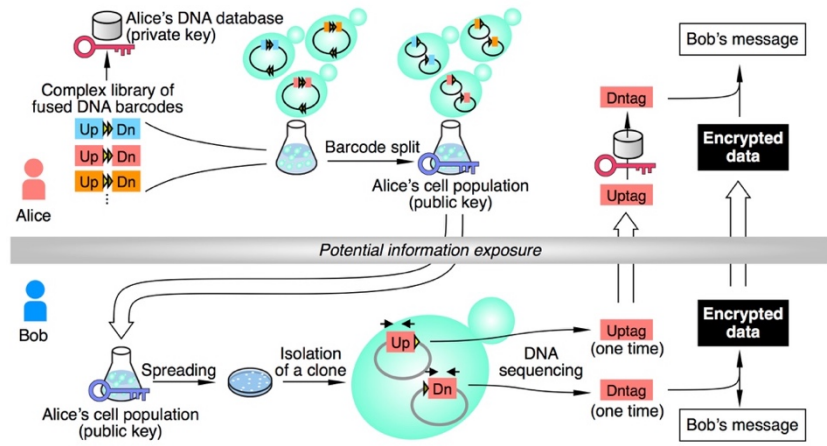


図 1 酵母細胞を用いたコンテナ型 BSG 暗号の仕組み

ンダムな連結 DNA バーコード分子プール合成して細胞集団に導入後、超並列 DNA シークエンシングによってその組合せ情報を得てもよい。Alice は連結 DNA バーコード群における Uptag と Dntag の組合せ情報を秘密鍵として保持する。次に、DNA 組換え酵素によって全ての細胞において Uptag と Dntag を不可逆に切り離し、この細胞集団を公開鍵とする。Alice から配送された公開鍵(Uptag と Dntag が切断された細胞集団)を受け取った Bob は選択培地にその一部を塗布し、形成されたコロニーから 1 つをランダムに採取することで、Uptag と Dntag を 1 ペアもつ細胞クローンを単離、その配列情報を DNA シークエンシングによって解読する。Bob は Dntag を平文の暗号化キーとして使用し、Uptag をワンタイムパスワードとして暗号文とともに通常の計算機などを用いた通信手段によって Alice に送信する。ここで Bob 以外に Uptag と Dntag の組合せ情報を秘密鍵として持つ Alice のみがワンタイムパスワードに対応する暗号化キーを知ることができるため、Bob からの暗号文を安全に復号できる。

公開鍵暗号の必要条件はノイマン型コンピュータにおける RSA 暗号が基礎とする積計算の容易性と素因数分解の困難性のように、情報変換の一方方向性である。つまり、保管された秘密鍵から公開鍵の生成及び公開鍵による平文の暗号化は容易であるが、第三者によるそれらの逆は極めて困難であることである。コンテナ型 BSG 暗号では大量の Uptag と Dntag の組合せ情報を秘密鍵とする。細胞集団における Uptag と Dntag の切断による公開鍵細胞集団の生成は容易であるが、これを盗んだ第三者が Uptag と Dntag の組合せ情報のある一定以上の割合で同定することは難しい。細胞コロニーの単離やマイクロ流路技術を用いた 1 細胞シークエンシング技術によるバーコード組合せ情報群の同定にかかる実行時間は、公開鍵細胞集団の複雑度に依存して、現実的な時間を遥かに超える。(そもそも酵母細胞は硬い細胞壁をもつためにその破壊が困難で 1 細胞シークエンシングで実施された例がない。)この公開鍵の全体観測性の低さのために、情報の窃盗を試みる第三者の手によって公開鍵細胞集団から秘密鍵情報が再構築されること及び、公開鍵細胞集団と Bob がワンタイムパスワードとして利用する Uptag によって暗号文が複合されることが極めて困難な状況を作り出すことができる。コンテナ型 BSG 暗号では、コンテナに細胞以外のより公開鍵の全体観測性を低くする素材を利用することも可能なはずである。

4. 研究成果

(1) 出芽酵母を用いた BSG 暗号ベクターの設計

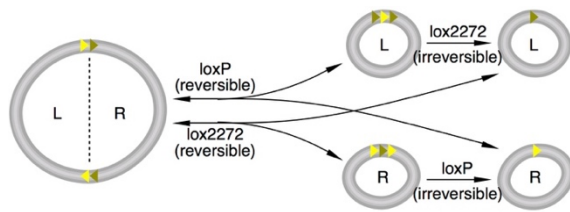


図 2 Cre による不可逆な環状 DNA 分子の分断

様々な配列長の Uptag と Dntag の組合せについてバーコード領域にランダム配列を持つ分子プールが正しく合成でき、PCR 増幅できることを確認した。次に、ランダム配列を持つ連結バーコードプールをバックボーンベクターに Gibson Assembly 法によってアセンブルしたところ、連結バーコードを持つ環状 DNA ベクタープールが得られ、この殆どが正しく連結バーコードを持つことが示された。

(2) 出芽酵母を用いた BSG 暗号の動作実験

設計した連結バーコードをもつ環状 DNA ベクターは恒常的にロイシン合成遺伝子 *LEU2* を発現し、連結バーコードの上流にある遺伝子発現プロモーターが連結バーコードを挟む形で 5-FOA 感受性を

はじめに、DNA 組換え酵素 Cre を用いて安定な環状 DNA 分子を不可逆且つ高効率に 2 つの環状 DNA 分子に分離する DNA 組換え配列 *loxP* および *lox2272* の特異的な配置を考案した(図 2)。また、酵母細胞を用いたコンテナ型 BSG 暗号システムにおいて、連結バーコードが搭載された際にのみこの環状 DNA の分離が引き起こされるバックボーン DNA ベクターをデザインし、合成した。連結バーコードは Uptag と Dntag が *loxP-lox2272* を挟む形とし、

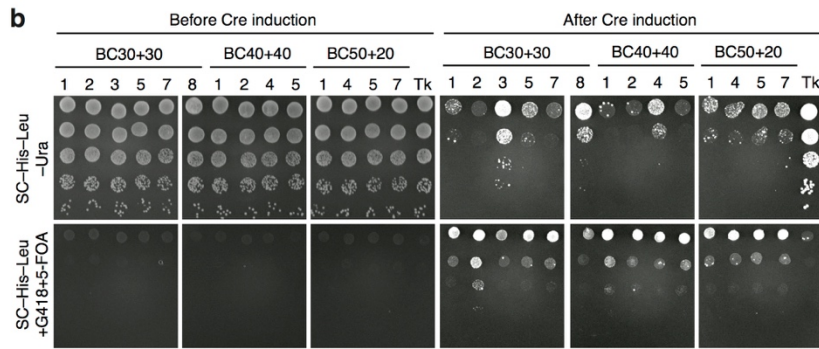
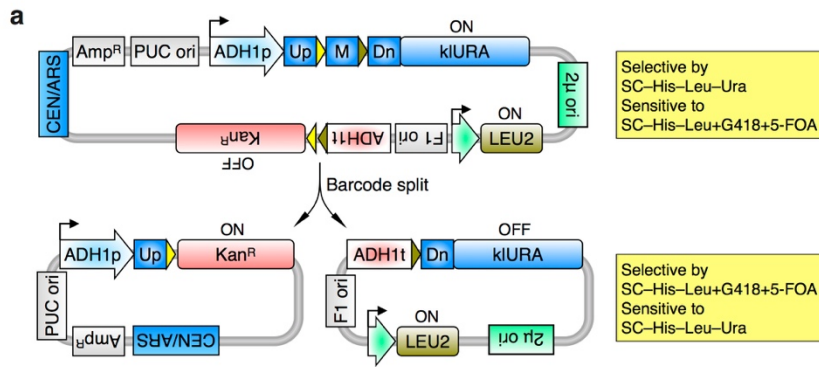


図 3 酵母細胞を用いたコンテナ型 BSG 暗号における連結バーコード切断反応の予備実験。a) 連結バーコード切断前後の環状 DNA それぞれにおける遺伝子地図と細胞の理想的な培地選択性。b) 様々な Uptag、Dntag ペアを持つ細胞クローンの連結バーコード切断前後における培地選択性。

示すウラシル合成遺伝子 *kiURA* を発現する (図 3a)。一方で、転写終結因子が *lox2272-loxP* を挟む形で G418 耐性遺伝子 *Kan^R* の上流に位置しており、*Kan^R* は発現しない。したがって、これを持つ酵母細胞はロイシンおよびウラシル欠損培地で選択でき、G418 と 5-FOA に感受性を示す。DNA 組換え酵素 Cre の発現による不可逆な環状 DNA 分離後は、Uptag を持つ環状 DNA から *ADH1* プロモーターから *Kan^R* が発現し、Dntag を持つ環状 DNA から恒常的に *LEU2* が発現する一方、*kiURA* の上流に *ADH1* 転写終結因子が位置することにより *kiURA* は発現しない。このため、連結バーコードが切断された細胞は、ロイシン欠損培地において G418 と 5-FOA に耐性を示す一方で、ロイシンお

よびウラシルを欠損した培地では生育できない。いくつかの特異的な連結バーコードを持つ酵母細胞クローンにガラクトース誘導的に Cre を発現でき、ヒスチジン合成遺伝子マーカー *HIS3* を持つ DNA ベクターを導入し、ガラクトースによる Cre の発現を誘導した。これらをバーコード切断選択性培地に移したところ、期待通りの細胞の生育パターンが得られることを確認し、酵母細胞を用いたコンテナ型 BSG 暗号が理論通りに動作することを示した (図 3b)。

(3) 鍵複雑性の向上

BSG 暗号では通信において Alice があらかじめすべての切断バーコードのペアを知ってこれを合成しておくすると、公開鍵の複雑性が限られてしまい、第三者による通信の傍受が可能になってしまう問題が挙がっていた。本年度はこれを解決するために、予め Alice がバーコードペアの情報を知らなくても、Bob から送られてくるランタイムパスワード (プライマー配列情報) を元に暗号の複合鍵を超複雑な DNA プールから PCR 法によって取り出せる手法についての論理フレームワークの構築を進めた。これによって、秘密鍵としての連結 DNA バーコードプールは予め決めておいたものではなく、実質的にランダム配列のプールとすることができ、圧倒的に頑健な公開鍵暗号フレームワークを完成させることができた。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計11件（うち査読付論文 11件／うち国際共著 5件／うちオープンアクセス 3件）

1. 著者名 Dandage Rohan, Despres Philippe C., Yachie Nozomu, Landry Christian R.	4. 巻 NA
2. 論文標題 beditor: A Computational Workflow for Designing Libraries of Guide RNAs for CRISPR-Mediated Base Editing	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Genetics	6. 最初と最後の頁 genetics.302089
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） https://doi.org/10.1534/genetics.119.302089	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 Mori Hideto, Evans-Yamamoto Daniel, Ishiguro Soh, Tomita Masaru, Yachie Nozomu	4. 巻 47
2. 論文標題 Fast and global detection of periodic sequence repeats in large genomic resources	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Nucleic Acids Research	6. 最初と最後の頁 e8 ~ e8
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） https://doi.org/10.1093/nar/gky890	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 Nishimasu Hiroshi, Shi Xi, Ishiguro Soh, Gao Linyi, Hirano Seiichi, Okazaki Sae, Noda Taichi, Abudayyeh Omar O., Gootenberg Jonathan S., Mori Hideto, Oura Seiya, Holmes Benjamin, Tanaka Mamoru, Seki Motoaki, Hirano Hisato, Aburatani Hiroyuki, Ishitani Ryuichiro, Ikawa Masahito, Yachie Nozomu, Zhang Feng, Nureki Osamu	4. 巻 361
2. 論文標題 Engineered CRISPR-Cas9 nuclease with expanded targeting space	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Science	6. 最初と最後の頁 1259 ~ 1262
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1126/science.aas9129	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 Despres Philippe C, Dube Alexandre K, Nielly-Thibault Lou, Yachie Nozomu, Landry Christian R	4. 巻 8
2. 論文標題 Double Selection Enhances the Efficiency of Target-AID and Cas9-Based Genome Editing in Yeast	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 G3: Genes Genomes Genetics	6. 最初と最後の頁 3163 ~ 3171
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） https://doi.org/10.1534/g3.118.200461	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 Masuyama Nanami, Mori Hideto, Yachie Nozomu	4. 巻 52
2. 論文標題 DNA barcodes evolve for high-resolution cell lineage tracing	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Current Opinion in Chemical Biology	6. 最初と最後の頁 63~71
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) https://doi.org/10.1016/j.cbpa.2019.05.014	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 Ishiguro Soh, Mori Hideto, Yachie Nozomu	4. 巻 52
2. 論文標題 DNA event recorders send past information of cells to the time of observation	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Current Opinion in Chemical Biology	6. 最初と最後の頁 54~62
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) https://doi.org/10.1016/j.cbpa.2019.05.009	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 -

1. 著者名 Marchant Axelle, Cisneros Angel F, Dub? Alexandre K, Gagnon-Arsenault Isabelle, Ascencio Diana, Jain Honey, Aub? Simon, Eberlein Chris, Evans-Yamamoto Daniel, Yachie Nozomu, Landry Christian R	4. 巻 8
2. 論文標題 The role of structural pleiotropy and regulatory evolution in the retention of heteromers of paralogs	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 eLife	6. 最初と最後の頁 e46754
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.7554/eLife.46754	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 Celaj Albi, Gebbia Marinella, Musa Louai, Cote Atina G., Snider Jamie, Wong Victoria, Ko Minjeong, Fong Tiffany, Bansal Paul, Mellor Joseph C., Seesankar Gireesh, Nguyen Maria, Zhou Shijie, Wang Liangxi, Kishore Nishka, Stajlar Igor, Suzuki Yo, Yachie Nozomu, Roth Frederick P.	4. 巻 10
2. 論文標題 Highly Combinatorial Genetic Interaction Analysis Reveals a Multi-Drug Transporter Influence Network	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Cell Systems	6. 最初と最後の頁 25~38.e10
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) https://doi.org/10.1016/j.cels.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 Nishizono Hirofumi, Darwish Mohamed, Uosaki Hideki, Masuyama Nanami, Seki Motoaki, Abe Hiroyuki, Yachie Nozomu, Yasuda Ryohei	4. 巻 158
2. 論文標題 Use of Freeze-thawed Embryos for High-efficiency Production of Genetically Modified Mice	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Visualized Experiments	6. 最初と最後の頁 e60808
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3791/60808	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 Despr?s Philippe C., Dub? Alexandre K., Seki Motoaki, Yachie Nozomu, Landry Christian R.	4. 巻 11
2. 論文標題 Perturbing proteomes at single residue resolution using base editing	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 1871
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) https://doi.org/10.1038/s41467-020-15796-7	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 Sakata Rina C., Ishiguro Soh, Mori Hideto, Tanaka Mamoru, Tatsuno Kenji, Ueda Hiroki, Yamamoto Shogo, Seki Motoaki, Masuyama Nanami, Nishida Keiji, Nishimasu Hiroshi, Arakawa Kazuharu, Kondo Akihiko, Nureki Osamu, Tomita Masaru, Aburatani Hiroyuki, Yachie Nozomu	4. 巻 na
2. 論文標題 Base editors for simultaneous introduction of C-to-T and A-to-G mutations	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Nature Biotechnology	6. 最初と最後の頁 na
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) https://doi.org/10.1038/s41587-020-0509-0	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 -

〔学会発表〕 計10件 (うち招待講演 9件 / うち国際学会 6件)

1. 発表者名 谷内江 望
2. 発表標題 Synthetic DNA memory devices to measure molecular and cellular dynamics
3. 学会等名 生命科学系フロンティアミーティング (招待講演)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 谷内江 望
2. 発表標題 Developing new genome editing technologies
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会 (招待講演)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Nozomu Yachie
2. 発表標題 A new genetic marker to analyze molecular dynamics of a same clone in complex cell populations
3. 学会等名 The 91st Annual Meeting of the Japanese Biochemical Society
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Nozomu Yachie
2. 発表標題 Scaling up massively parallel experiments using DNA barcodes
3. 学会等名 JST ImPACT Artificial Cell Program, Tokyo (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Nozomu Yachie
2. 発表標題 Chasing molecular and cellular dynamics using DNA barcodes
3. 学会等名 Cell Mapping Symposium, San Diego, US (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Nozomu Yachie
2. 発表標題 We do not have a time machine, but can install a recording system to a cell
3. 学会等名 Asian Synthetic Biology Association 2018, Ceju, Korea (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 谷内江 望
2. 発表標題 Bringing the sense of amazing yeast genetics to mammalian biology
3. 学会等名 第22回酵母合同シンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Nozomu Yachie
2. 発表標題 DNA barcode technologies to dissect heterogeneous biological systems
3. 学会等名 The 13th Intn'l Workshop on Advanced Genomics (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Nozomu Yachie
2. 発表標題 Recording cellular events in DNA
3. 学会等名 Asian Synthetic Biology Association 2019 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Nozomu Yachie
2. 発表標題 Recording cellular events in DNA
3. 学会等名 Frontiers in Genome Engineering 2019 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計0件

〔出願〕 計2件

産業財産権の名称 2種の核酸塩基変換酵素が融合されたCasタンパク質を利用したゲノム編集システム	発明者 谷内江望、石黒宗、 坂田莉奈、森秀人	権利者 同左
産業財産権の種類、番号 特許、PCT/JP2020/21456	出願年 2019年	国内・外国の別 国内

産業財産権の名称 汎用的繰り返しDNAアセンブリ技術(FRACTALアセンブリ)	発明者 谷内江望、山口七 海、森秀人	権利者 同左
産業財産権の種類、番号 特許、特願2020-53077	出願年 2019年	国内・外国の別 国内

〔取得〕 計0件

〔その他〕

Yachie Laboratory at the University of Tokyo http://yachie-lab.org/

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