

文部省

国立遺伝学研究所要覧

NATIONAL INSTITUTE OF GENETICS

1992



大学共同利用機関
INTER-UNIVERSITY RESEARCH INSTITUTE



本研究所正面玄関

目 次

はじめに……………	1	研究のねらいと研究活動……………	13
沿革(組織)……………	2	科学研究費等……………	41
沿革(施設)……………	3	共同研究……………	42
概 要……………	4	大学院受託学生……………	46
組 織……………	5	行 事……………	46
評議員会及び 運営協議会……………	8	研究を促進するための活動……………	47
研究所全景……………	10	国 際 交 流……………	48
予 算……………	12	総合研究大学院大学生命科 学研究科遺伝学専攻の概要……………	49

はじめに



遺伝学研究所は遺伝に関する学理の総合及びその応用の基礎的研究をつかさどり、あわせて遺伝学の指導、連絡及び促進をはかることを本務として、1949年（昭和24年）に設置され、創立以来43年になりました。8年前（昭和59年度）には大学共同利用機関に改組転換し、1988年（昭和63年）にはさらに7つの大学共同利用機関を母体とする総合研究大学院大学の開学に伴い、生命科学研究科の遺伝学専攻を担当することとなり、博士課程の学生を受け入れるに至りました。この間、本研究所は客員研究部門を含めて15研究部門及び4研究施設を擁するまでに成長し、国内外から数多くの研究者を受け入れて共同研究の成果をあげると共に、毎年十数件の研究集会を開催して研究交流を促進しています。

また、昨年4月には大学共同利用機関として初めての寄附研究部門を設置しました。

創設以来、数多くの優れた研究実績は、本研究所を我が国の遺伝学の中心として位置づけるとともに、その存在が世界的にも広く知られるようになりました。しかし、近年の遺伝学の急速な発展は、そのもたらした新しい研究方法と兼ねて、生物学に大きな変革をもたらし、本研究所の研究にも影響を与えるに至りました。本研究所はそれに対応して研究部門、実験生物保存のための部門の充実を計って参りましたが、対応は決して十分なものとは考えられず、これから研究所として推進すべき多くの課題を残しております。本研究所としては、学問の流れや、社会の要請を無視することなく、しかし主体的に、問題に取り組むべきと思います。これから我々はさらに困難な選択に直面することでしょう。所内外の皆様方の御助力と御理解の上に、将来の発展を目指したいと思います。御理解と御助力をお願いする次第です。

国立遺伝学研究所長

富澤純一

沿 革 (組織)

- 昭和24年6月1日 文部省設置法により文部省所轄研究所として設置。庶務部、研究第1部、研究第2部及び研究第3部の4部門で発足
- 8月10日 小熊 捍 初代所長就任
- 昭和28年1月1日 研究第1部から第3部をそれぞれ形質遺伝部、細胞遺伝部、生理遺伝部に改組
- 8月1日 生化学遺伝部新設
- 昭和29年7月1日 応用遺伝部新設
- 昭和30年9月15日 変異遺伝部新設
- 10月1日 木原 均 第2代所長就任
- 昭和35年4月30日 人類遺伝部新設
- 昭和37年4月1日 微生物遺伝部新設
- 昭和39年4月1日 集団遺伝部新設
- 昭和44年4月1日 森脇大五郎第3代所長就任、分子遺伝部新設
- 昭和49年4月1日 植物保存研究室新設
- 昭和50年3月1日 田島彌太郎第4代所長就任
- 10月1日 遺伝実験生物保存研究施設（動物保存研究室）新設
- 昭和51年10月1日 遺伝実験生物保存研究施設（微生物保存研究室）新設
- 昭和58年10月1日 松永 英 第5代所長就任
- 昭和59年4月12日 国立学校設置法の一部改正により大学共同利用機関に改組
遺伝実験生物保存研究センター、遺伝情報研究センター、実験圃場新設
- 昭和62年1月12日 DNAデータバンク稼動
- 昭和63年4月8日 放射線・アイソトープセンター新設
- 平成元年10月1日 富澤純一第6代所長就任



資料展示室

沿 革 (施設)

- 昭和27年 3月 別館新築
- 昭和36年 9月 研究本館第1期第1次工事竣工
- 昭和38年 1月 研究本館第1期第2次工事竣工
- 昭和39年 3月 研究本館第1期第3次工事竣工
- 昭和43年 3月 研究本館第2期工事竣工，研究本館計画完成
- 昭和46年 3月 図書館新築
- 昭和47年 3月 ネズミ飼育舎新築
- 昭和53年 7月 遺伝実験生物保存研究施設研究棟新築
- 昭和55年 5月 遺伝実験生物保存研究施設ネズミ附属棟，カイコ附属棟新築
- 昭和56年 3月 遺伝実験生物保存研究施設微生物附属棟新築
- 昭和58年 3月 排水処理施設新築
- 昭和59年 3月 組換えDNA実験棟，野生イネ温室新築
- 昭和60年 3月 実験圃場管理施設新築
- 昭和62年 1月 遺伝情報研究センター棟，隔離温室，日長調節装置新築
3月 水田温室，桑温室新築
- 昭和63年12月 RI実験棟，中央機械室，RI排水処理施設新築
- 平成3年 3月 屋外便所新築
- 平成4年 5月 研究員宿泊施設新築



研究員宿泊施設

概 要

目 的

大学等における学術研究の発展に資するため、国立学校設置法（昭和24年5月31日法律第150号）第9条の2に基づき遺伝学に関する総合研究を行うことを目的として設置された大学共同利用機関である。

共同利用

全国の大学の教員その他の者で、研究所の目的たる研究と同一の研究に従事する者の利用に供するとともに、共同研究を行う。

国際交流

遺伝学の分野で国際的な学術交流を活発化するため、研究者の交流や国際シンポジウム等を開催する。

運 営

大学共同利用機関の研究所として円滑な運営を行うため、研究所の事業計画その他の管理運営に関する重要事項について、所長に助言する評議員会を置くとともに、共同研究計画に関する事項その他の研究所の運営に関する重要事項で、所長が必要と認めるものについて所長の諮問に応じる運営協議員会を置く。また、所長の求めに応じ必要な事項について調査・検討を行うため、所内に各種委員会を置く。

大学院教育

大学の要請に応じ、当該大学の大学院における教育に協力する。



冬



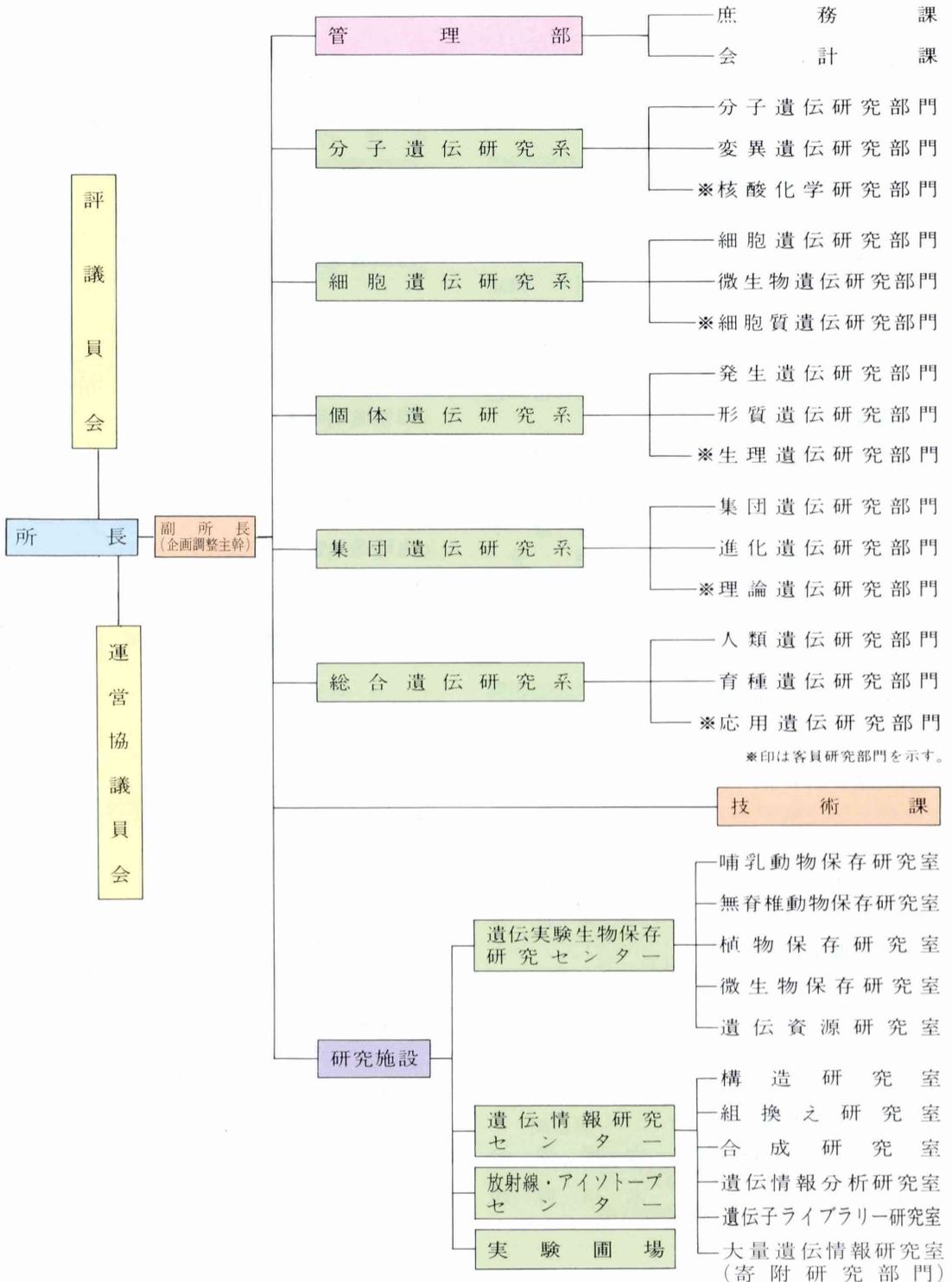
春

250余種に及んで系統保存している八重桜並木

組 織

(平成4年6月1日現在)

機 構 図



定員表 (平成4年度)

所長	教授	助教授	助手	小計	技官 (技術課)	事務職員等 (管理部)	合計
1	13 (5)	19 (5)	32	65 (10)	18	24	107 (10)

(注) ()内の数は客員研究部門の教官数(外数)である。

職員等 (平成4年7月1日現在)

所長 富澤純一
副所長 森脇和郎
企画調整主幹(併)

分子遺伝研究系

研究主幹(併) 石浜 明
分子遺伝研究部門
教授 石浜 明
助手 藤田 信之
助手 山岸 正裕
助手 豊田 哲也
変異遺伝研究部門
教授 瀬野 悍二
助教授 山尾 文明
助手 金田 澄子
核酸化学客員研究部門
客員教授 水本 清久
(北里大学薬学部教授)
助教授(併) 安田 秀世
(金沢大学薬学部)

細胞遺伝研究系

研究主幹(併) 森脇和郎
細胞遺伝研究部門
教授 森脇和郎
助教授 今井 弘民
助手 城石 俊彦
助手 後藤 英夫
微生物遺伝研究部門
教授 堀内 賢介
助教授 安田 成一
助手 原 弘志
助手 東谷 篤志
細胞質遺伝客員研究部門
教授(併) 大坪 栄一
(東京大学応用微生物研究所)
客員助教授 米川 博通
(財東京都臨床医学総合研究所室長)

個体遺伝研究系

研究主幹(併) 杉山 勉
発生遺伝研究部門
教授 杉山 勉
助教授 藤澤 敏孝
助手 清水 裕
助手 服田 昌之
形質遺伝研究部門
助教授 村上 昭雄
助手 湊 清明
助手 山田 正明
生理遺伝客員研究部門
客員教授 小泉 修
(福岡女子大学家政学部教授)

集団遺伝研究系

研究主幹(併) 原田 朋子
(太田)
集団遺伝研究部門
教授 原田 朋子
(太田)
助手 舘田 英典
助手 田嶋 文生
進化遺伝研究部門
教授 池村 淑道
助教授 齊藤 成也
助手 森山 悦子
助手 松本 健一
理論遺伝客員研究部門
教授(併) 高畑 尚之
(総合研究大学院大学教育研究交流センター)
客員助教授 安永 照雄
(理化学研究所研究員)

総合遺伝研究系

研究主幹(併) 今村 孝

人類遺伝研究部門

教授 今村 孝

助教授 藤山 秋佐夫

助教授 寶来 聰

助手 中島 衡

育種遺伝研究部門

教授 沖野 啓子
(森島)

助教授 佐野 芳雄

助手 平岡 洋一郎
(佐藤)

助手 平野 博之

応用遺伝客員研究部門

教授(併) 渡邊 武
(九州大学生体防御医学研究所)客員教授 米澤 勝衛
(京都産業大学工学部教授)

遺伝実験生物保存研究センター

センター長(併) 沖野 啓子
(森島)

哺乳動物保存研究室

教授 中辻 憲夫

助手 宮下 信泉

助手 白吉安 昭

無脊椎動物保存研究室

助教授 渡辺 隆夫

助手 上田 均

微生物保存研究室

助教授 西村 昭子

遺伝資源研究室

助教授 舘野 義男

遺伝情報研究センター

センター長(併) 瀬野 悍二

構造研究室

助教授 嶋本 伸雄

助手 永井 宏樹

組換え研究室

教授 桂 勲

助手 石原 健

合成研究室

助教授 廣瀬 進

助手 林 茂生

遺伝情報分析研究室

教授 五條堀 孝

助手 鶴川 義弘

助手 池尾 一穂

遺伝子ライブラリー研究室

助教授 小原 雄治

助手 安達 佳樹

大量遺伝情報研究部門(寄附研究部門)

客員助教授 北上 始

寄附部門教員 山崎 由紀子

放射線・アイソトープセンター

センター長(併) 定家 義人

助教授 定家 義人

実験圃場

圃場長(併) 佐野 芳雄

助手 中村 郁郎

管理部

管理部長 海老原 昭

庶務課

課長 二宮 茂男

課長補佐 山本 昭

庶務係長 宮原 和臣

人事係長 酒井 清人

研究協力係長 大平 洋

共同研究係長 山本 勉

情報資料係長 櫻田 芳男

会計課

課長 馬淵 憲治

課長補佐 岩城 英一

経理係長 山添 均

用度係長 四ノ宮 立男

管財係長 堀田 昭久

施設係長 前田 佳宏

技術課

課長 三田 旻彦

動物班

班長 原田 和昌

第一技術係長 深瀬 与惣治

第二技術係長 榊原 勝美

植物・微生物班

第一技術係長 妹尾 治子

第二技術係長 原 登美雄

機器班

班長 原 雅子

第一技術係長 谷田 勝教

第二技術係長 井出 正美

評議員会及び運営協議員会

評議員会

研究所の事業計画その他の管理運営に関する重要事項について、所長に助言する。

評 議 員 (五十音順)

- 飯 野 徹 雄 早稲田大学教授 (人間科学部)
- 市 川 惇 信 国立環境研究所長
- 江 橋 節 郎 岡崎国立共同研究機構長
- 大 井 龍 夫 京都女子大学教授 (家政学部)
- 大 崎 仁 日本学術振興会理事長
- 尾 上 久 雄 滋賀大学長
- 木 村 資 生 国立遺伝学研究所名誉教授
- 佐 野 博 敏 東京都立大学長
- 菅 野 晴 夫 (財)癌研究会癌研究所長
- 杉 村 隆 国立がんセンター名誉総長
- 高 浪 満 京都大学教授 (化学研究所)
- 竹 内 郁 夫 岡崎国立共同研究機構基礎生物学研究所長
- 田 中 隆 莊 広島大学長
- ◎長 倉 三 郎 総合研究大学院大学長
- 野 島 庄 七 帝京大学薬学部長
- 野 村 達 次 (財)実験動物中央研究所長
- 濱 井 修 東京大学教授 (文学部)
- 山 縣 弘 忠 京都大学教授 (農学部)
- 由 良 隆 京都大学教授 (ウイルス研究所)
- 吉 岡 守 正 東京女子医科大学長

運営協議員会

共同研究計画に関する事項その他の研究所の運営に関する重要事項で、所長が必要と認めるものについて所長の諮問に応じる。

運営協議員

所 外 (五十音順)

- 石 和 貞 男 お茶の水女子大学教授 (理学部)
- 大 澤 省 三 日本たばこ産業(株)企画部顧問
- 岡 田 益 吉 筑波大学教授 (生物科学系)
- 竹 内 拓 司 東北大学教授 (理学部)
- 武 部 啓 京都大学教授 (医学部)
- 常 脇 恒一郎 京都大学教授 (農学部)
- 日 向 康 吉 東北大学教授 (農学部)
- 福 田 一 郎 東京女子大学教授 (文理学部)
- 三 浦 謹一郎 学習院大学 (生命分子科学研究所長)
- 吉 川 寛 大阪大学教授 (医学部)

所 内 (省令順)

- 石 浜 明 教授 (分子遺伝研究系)
- 瀬 野 悍 二 教授 (分子遺伝研究系)
- ◎森 脇 和 郎 教授 (細胞遺伝研究系)
- 堀 内 賢 介 教授 (細胞遺伝研究系)
- 杉 山 勉 教授 (個体遺伝研究系)
- 原 田 朋 子 教授 (集団遺伝研究系)
(太田)
- 池 村 淑 道 教授 (集団遺伝研究系)
- 今 村 孝 教授 (総合遺伝研究系)
- 沖 野 啓 子 教授 (総合遺伝研究系)
(森島)
- 中 辻 憲 夫 教授 (遺伝実験生物保存研究センター)
- 五 條 堀 孝 教授 (遺伝情報研究センター)

◎印は会長、○印は副会長を示す。

各種委員会

所長の求めに応じ必要な事項について調査検討する。

委員会名

委員長

系統保存委員会	森脇 和郎	土井良 宏	九州大学教授(農学部)
DNAデータ研究利用委員会	瀬野 悍二	野村 達次	(財)実験動物中央研究所長
組換えDNA実験安全委員会	瀬野 悍二	山村 研一	熊本大学教授(医学部)
予算委員会	堀内 賢介	由良 隆	京都大学教授(ウイルス研究所)
施設整備委員会	今村 孝	吉川 寛	大阪大学教授(医学部)
将来計画委員会	瀬野 悍二		
大学院教育研究委員会	杉山 勉		
セミナー委員会	小原 雄治	伊藤 彬	(財)癌研究会癌研究所物理部長
図書委員会	池村 淑道	磯野 克己	神戸大学教授(理学部)
共通機器委員会	沖野 啓子 (森島)	内田 久雄	帝京大学教授(理工学部)
電子計算機委員会	五條堀 孝	大井 龍夫	京都女子大学教授 (家政学部)
放射線安全委員会	瀬野 悍二	金久 實	京都大学教授(化学研究所)
発明委員会	今村 孝	榑 佳之	東京大学教授 (医科学研究所)
データベース等取扱い委員会	原田 朋子 (太田)	長谷川 政美	統計数理研究所教授 (予測制御研究系)
動物実験委員会	森脇 和郎	堀 寛	広島大学助教授 (原爆放射能医学研究所)
排水等処理委員会	杉山 勉	松原 謙一	大阪大学教授 (細胞工学センター)
実験圃場運営委員会	佐野 芳雄	宮澤 三造	群馬大学助教授(工学部)

系統保存委員会

所外委員 (五十音順)

岩 槻 邦 男	東京大学教授(理学部)
岡 田 益 吉	筑波大学教授(生物科学系)
笠 原 基知治	法政大学兼任講師
木 下 俊 郎	北海道大学教授(農学部)
齋 尾 乾二郎	東京農業大学客員教授
阪 本 寧 男	京都大学教授(農学部)
常 脇 恒一郎	京都大学教授(農学部)
椿 啓 介	日本大学教授(薬学部)

DNAデータ研究利用委員会

所外委員 (五十音順)

伊藤 彬	(財)癌研究会癌研究所物理部長
磯野 克己	神戸大学教授(理学部)
内田 久雄	帝京大学教授(理工学部)
大井 龍夫	京都女子大学教授 (家政学部)
金久 實	京都大学教授(化学研究所)
榑 佳之	東京大学教授 (医科学研究所)
長谷川 政美	統計数理研究所教授 (予測制御研究系)
堀 寛	広島大学助教授 (原爆放射能医学研究所)
松原 謙一	大阪大学教授 (細胞工学センター)
宮澤 三造	群馬大学助教授(工学部)
宮田 隆	京都大学教授(理学部)

組換えDNA実験安全委員会

所外委員 (五十音順)

青木 久尚	日本大学教授 (国際関係学部)
岩城 之徳	日本大学教授 (国際関係学部)

研究所全景

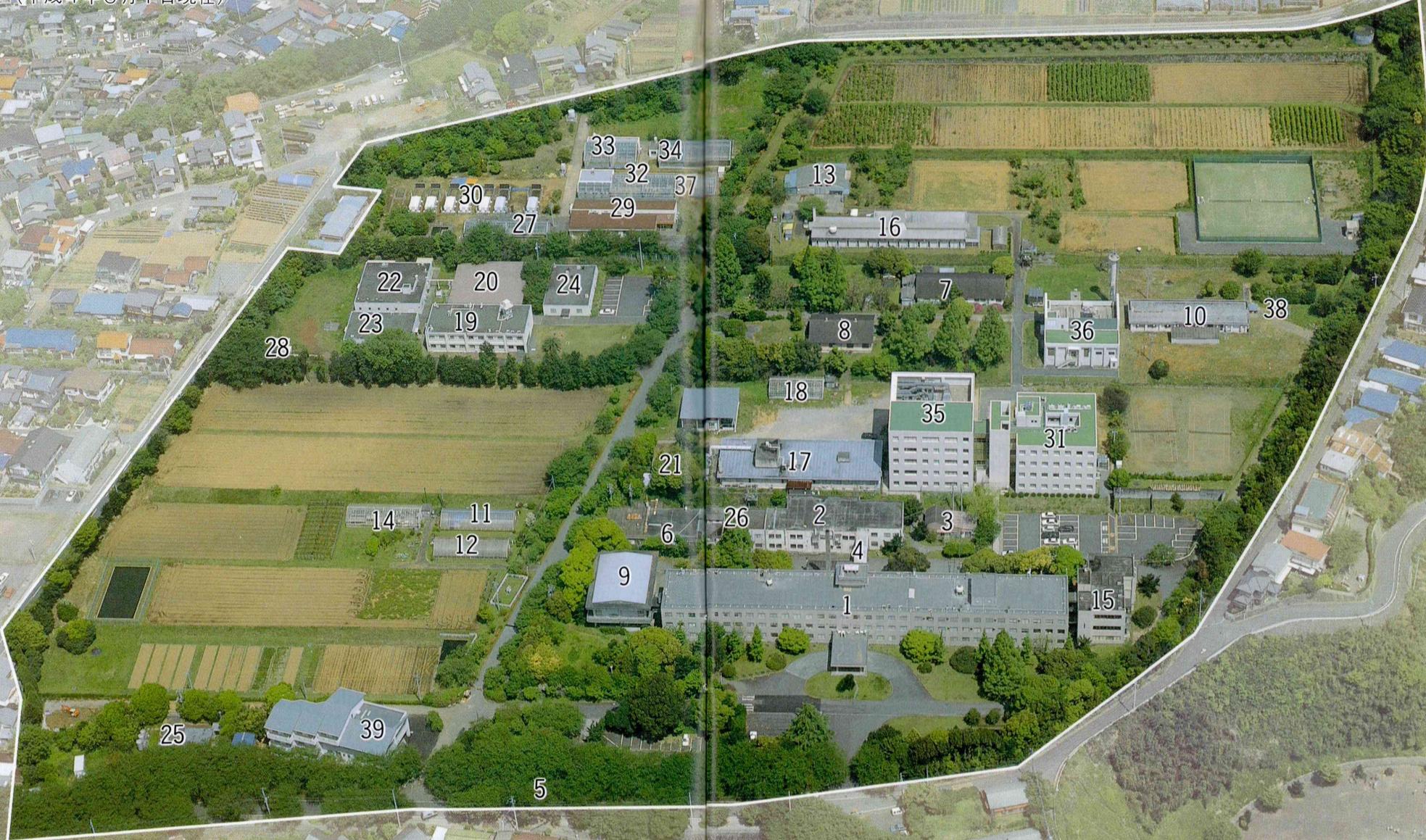
土地総面積 106,100㎡
 内訳 { 研究所敷地 96,068㎡
 { 宿舎敷地 10,032㎡
 建物総面積(建面積) 12,159㎡
 延面積 20,942㎡
 (平成4年6月1日現在)

- 1 本館
- 2 トレーサー実験棟
- 3 職員集会所
- 4 渡り廊下(本館-トレーサー実験棟)
- 5 自動車庫
- 6 放射線実験室
- 7 第2ネズミ飼育室
- 8 特別蚕室
- 9 研修室
- 10 孵卵育雛舎

- 11 ファイロン温室
- 12 ファイロン温室
- 13 堆肥温舎
- 14 麦温舎
- 15 図書館
- 16 第1ネズミ飼育室
- 17 内部照射実験棟
- 18 桑温室
- 19 遺伝実験生物保存研究棟
- 20 機械棟

- 21 廃棄物保管庫
- 22 ネズミ附属棟
- 23 カイコ附属棟
- 24 微生物附属棟
- 25 排水処理棟
- 26 組換えDNA実験棟
- 27 野生イネ温室
- 28 動物飼育装置上屋
- 29 実験圃場管理棟
- 30 日長調節装置

- 31 遺伝情報研究センター棟
- 32 隔離温室
- 33 水田温室
- 34 桑温室
- 35 R1実験棟
- 36 中央機械室
- 37 ベット温室
- 38 屋外便所
- 39 研究員宿泊施設



予 算 (歳出予算)

平成4年度当初

(単位：千円)

人	件	費	665,298
物	件	費	659,288
合		計	1,324,586



ウコン (右近)

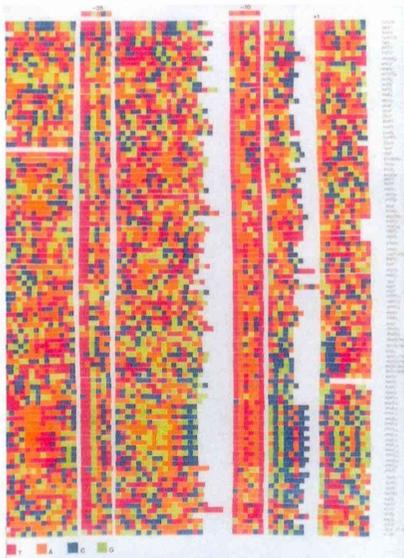
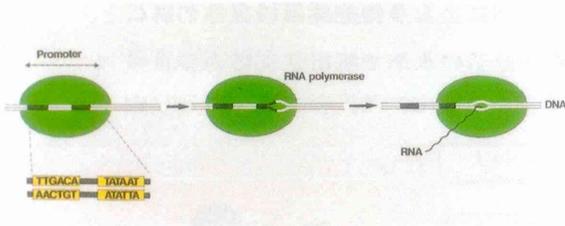
Prunus lannesiana Wils. cv. *Grandiflora*

かなり古くから知られた桜で江戸時代には京都の知恩院に多く植え込まれていたと記載される。今も色の珍しい桜として、日本はもとより欧米でも広く植栽される。ショウガ科の薔金の根の色に似た色をした花を咲かせる桜につけた名で「黄桜」「黄金桜」とも呼ばれる。植物学的にはオオシマザクラ系の桜である。

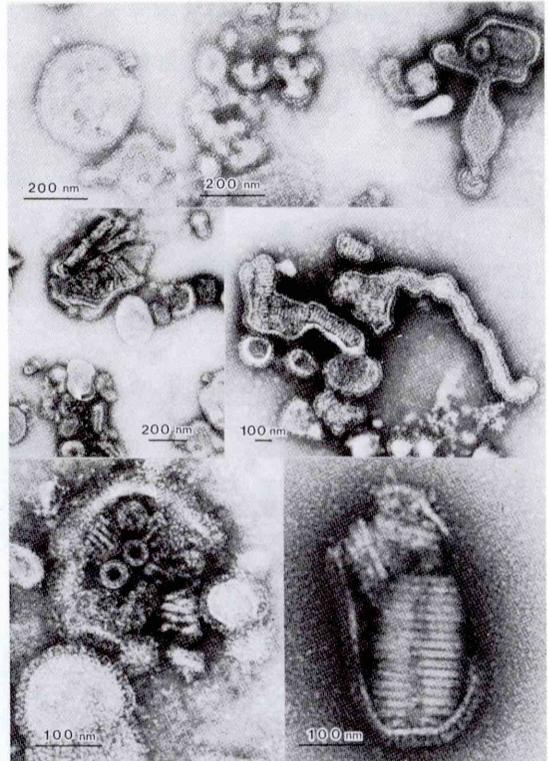
研究のねらいと研究活動

分子遺伝研究系

1. 分子遺伝研究部門では、原核細胞、真核細胞及び動植物ウイルスにおける遺伝情報の転写とその制御の機構を分子レベルで研究している。
2. 変異遺伝研究部門では、細胞周期の制御機構や、突然変異誘発機構とそれを修復する細胞機構を分子レベルで研究している。
3. 核酸化学客員研究部門では、核酸の構造及び機能の化学的研究を基盤として、染色体の複製や発現制御機構の解明をめざしている。



大腸菌の転写開始信号プロモーター。
RNA合成開始点上流2か所に共通構造がある。

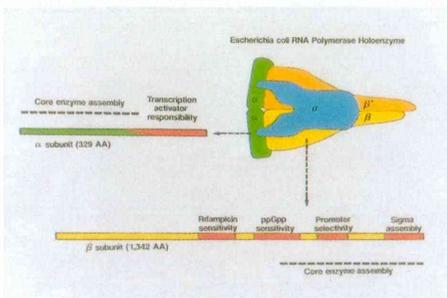


インフルエンザウイルスの粒子と遺伝子の構造。
遺伝子は8本のRNA分節よりつくられている。

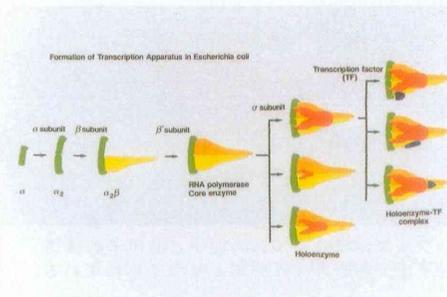
分子遺伝研究部門

遺伝子は、細菌（大腸菌）でも数千、ヒトではその100～1,000倍もあると推定されている。ところが、そのうちで普段発現されているものは、大腸菌では数10%以下、ヒトでは、1%以下である。生物が、その生活環境に応じて、どの遺伝子を、どれ程に発現させるかを定める調節のしくみを分子の水準で理解することは、分子遺伝学の究極の目標のひとつである。分子遺伝研究部門では、遺伝子の発現が主として遺伝子が転写されてRNAができる段階で調節されることに注目し、転写とその制御の機構の解明を目的とした研究を行っている。

- (1) **原核生物の転写制御の研究**：転写装置RNAポリメラーゼの機能変換による転写制御機構の解明を目的として、大腸菌RNAポリメラーゼの分子解剖、RNAポリメラーゼ-転写因子相互作用機構の解析が進められている。
- (2) **真核生物の転写制御の研究**：真核生物の転写装置の分子の実体を解明する目的で、分裂酵母のRNAポリメラーゼの構成サブユニット遺伝子のクローニングと構造解析が進められている。
- (3) **ウイルスの転写制御の研究**：動植物ウイルスの転写制御を解明する目的で、ウイルス粒子から純化されたRNAポリメラーゼの分子解剖による多機能酵素の実体の解析と、感染細胞におけるその構造と機能の変動の様相が分子の水準で解析されている。



RNAポリメラーゼの分子解剖。サブユニットごとの機能地図づくりがすすめられている。



RNAポリメラーゼの機能分化。シグマサブユニットの交換や転写因子の結合で、プロモーター選択特性がかわる。

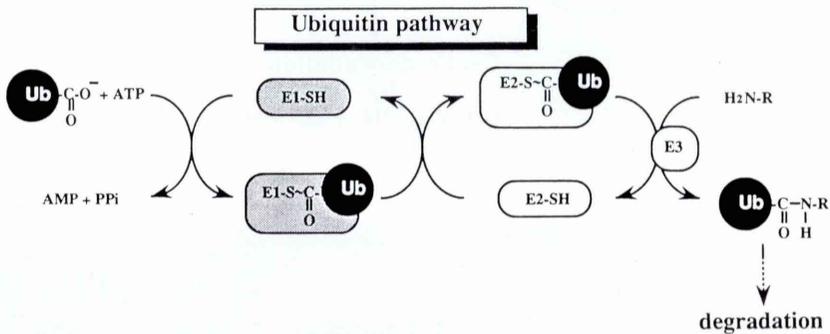


分子遺伝学の実験。

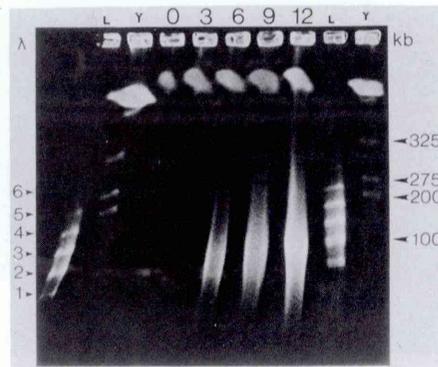
変異遺伝研究部門

当研究部門では体細胞遺伝学及び分子生物学の方法論を用い、哺乳類細胞の増殖機構の研究を細胞周期、特に染色体複製との関連で進めている。

- (1) **ユビキチン代謝と細胞周期の制御**：ユビキチンは76個のアミノ酸からなる真核細胞に特有な蛋白質であるが、一連の代謝を受けて種々の蛋白質に結合し、蛋白質の機能修飾を行う。当研究部門では、ユビキチン活性化の最初の反応を触媒する E1 酵素の温度感受性変異株をマウス細胞から分離しているが、それらが細胞周期上多様な条件致死表現型を示すことに注目し、細胞周期進行におけるユビキチン化蛋白質の役割を解明しつつある。
- (2) **染色体DNAの複製と安定維持機構に対するユビキチン化蛋白質の役割**：ユビキチン活性化酵素 E1 の変異株の中には DNA 複製に異常を示すものがあり、しばしば染色体異常を伴う。このクロマチン DNA 複製過程における開始、伸長、終結の各反応についてユビキチン化をうける蛋白質因子の役割を解明しようとしている。
- (3) **放射線高感受性変異体マウス wasted における感受性機構の研究**：正常個体における放射線感受性の標的は骨髄等の造血組織であるが、常染色体劣性変異体マウス wasted における放射線高感受性は生後21-22日に現れ、放射線照射によって骨髄細胞に染色体異常が高頻度で生ずる。さらにこの高感受性が造血細胞系の中、赤血球産生系の前駆細胞 C F U - E に特異的であることを突き止め、その分子の基礎を明らかにしつつある。



放射線高感受性のマウス突然変異体 wasted (左) とその兄弟の正常なマウス

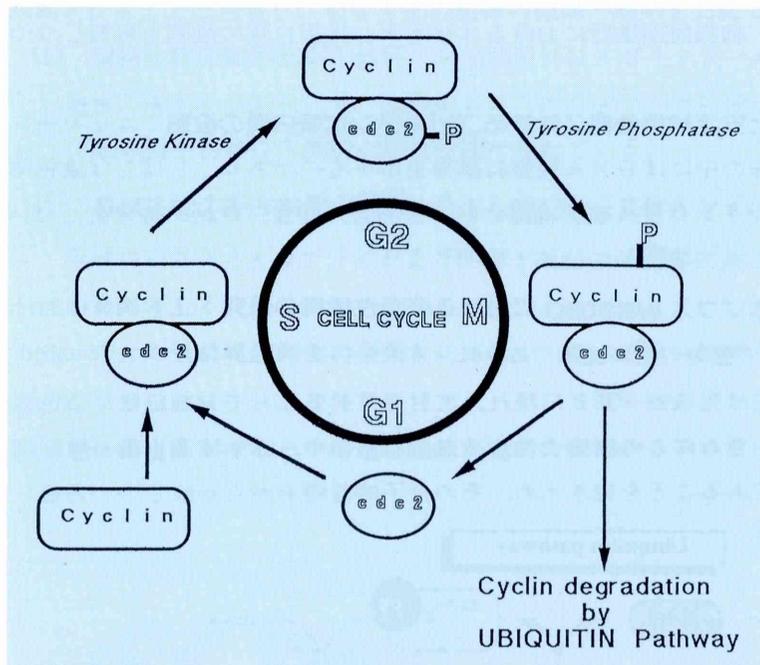


チミジル酸ストレスは染色体 DNA を 100 キロ塩基対毎に切断する (パルスフィールド電気泳動による解析結果)。

核酸化学客員研究部門

DNAまたはRNAゲノムの複製・転写における情報伝達機構とその制御が、分子論的立場から研究されている。

本年度は、1)細胞周期における染色体の構造と機能の変換を、温度感受性培養細胞株を分離し、体細胞遺伝学・分子遺伝学的に解析する研究、および2)RNAウイルスゲノムの転写ならびにmRNAキャッピングの機構の解析が進められている。



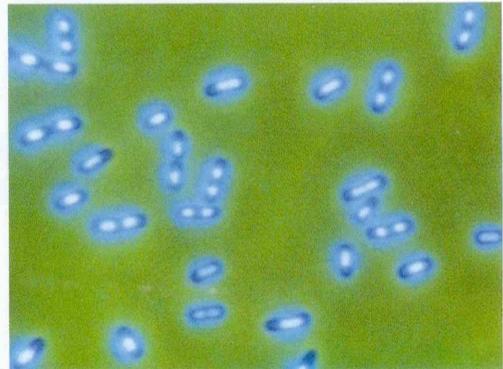
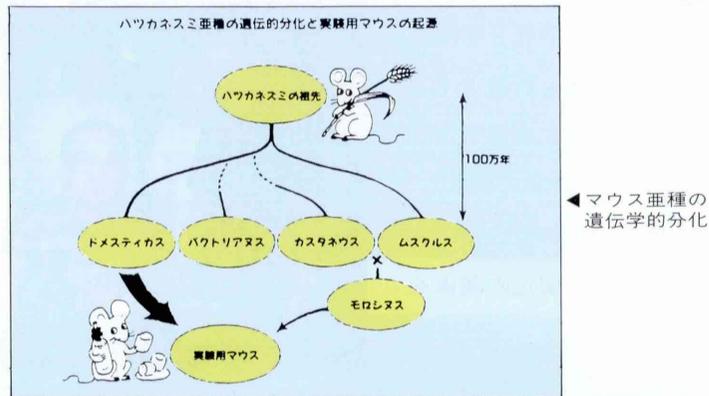
サイクリンとcdc2による細胞周期の制御モデル。



研究者

細胞遺伝研究系

1. 細胞遺伝研究部門では、遺伝学的な観点から種分化の過程を解明するために、アジアを中心にハツカネズミ・野生集団における細胞-、免疫-、生化学- 及び分子- 遺伝学的な変異の探索を進めている。
また、野生由来高頻度遺伝的組換えマウスを用いた遺伝的組換えホットスポットの分子機研究にも力を入れている。発癌に対する宿主の遺伝的要因の究明、遺伝子欠損致死突然変異マウスを対象とするトランスジェニック実験系の確立、昆虫類を中心とした核型進化機構の解明等もそれぞれ重要な研究課題である。一方、マウスゲノムマッピングの国際的な活動にも対応している。
2. 微生物遺伝研究部門では、大腸菌及びそのファージにおけるDNA複製の開始と終結、染色体の分配、細胞分裂の機構、ペプチドグリカンの生合成、染色体上の遺伝子の配列と構造、ミュータントバンクの解析などに関する研究を進めている。
3. 細胞質遺伝客員研究部門では、原核及び真核生物の細胞質因子を研究し、それを利用して遺伝子の機能と構造を解明しようとしている。



大腸菌の変異株(左)と野生株(右)の蛍光顕微鏡写真。DNAと結合する蛍光色素DAPIで染色したもの。細胞の中で青白く光って見えるのが染色体。左側の写真は、複製した染色体を娘細胞へうまく分配できなくなる温度感受性変異株(par変異株)で、高温では大きな染色体をもつ細長い細胞となり、同時に染色体を失った細胞を放出する。この変異株は、“大腸菌のミュータントバンク”から見出された。

細胞遺伝研究部門

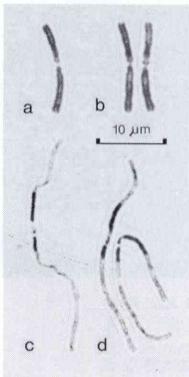
この研究部門では、世界各地から採集した野生マウスを主体にその種分化の過程を遺伝学的な手法、とくに染色体C-バンドパターン、生化学的遺伝変異、各種遺伝子DNAの一次構造などから解析する研究を行っている。この結果、主要な野生マウス亜種の遺伝学的な位置づけが明らかになってきた。実験用マウスは遺伝学的研究の長い歴史を持つ優れた研究材料であるが、これを基盤としながら、進化的に隔りのあるアジア産野生マウス亜種の変異に豊む遺伝子に着目すれば、より新しい研究の発展が期待される。

これらの材料に立脚した独自の研究として、アジア地域におけるマウス亜種の分布と遺伝学的分化の探索、H-2領域における高頻度遺伝的組換えの分子機構の解明、DNAレベルにおけるヘモグロビン遺伝子、H-2遺伝子、リボゾーム遺伝子等の分析、亜種間雑種における減数分裂機構の解明などを進めている。一方、発癌に対する遺伝要因の研究もマウス肺腫瘍を対象に行っており、特に発癌を抑制する野生由来遺伝子に着目している。このために、野生由来系統を用いたりコンビナント・インブレッド系統も育成している。また、ステロイド代謝酵素遺伝子を欠損した致死突然変異を復帰させるトランスジェニック実験系も開発した。平成3年度から、マウスNo.11染色体を対象とする遺伝子マッピングプロジェクトを国内の研究者と協力して進めている。

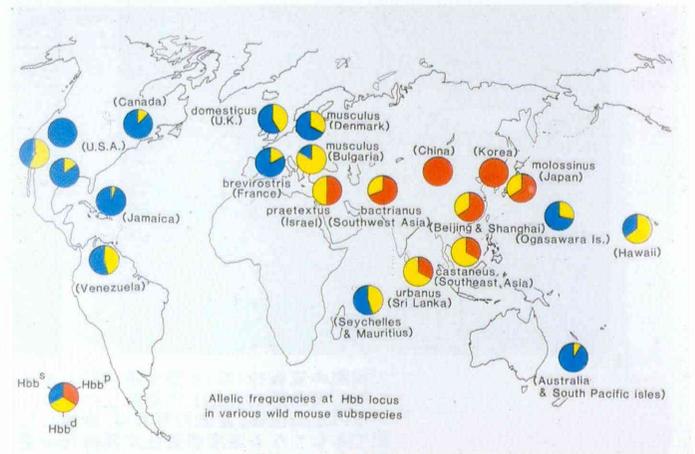
マウスを主体とする研究の他に、アリ類の種分化と核型変化の関係を染色体進化という観点から分析する研究が行われてきたが、染色体進化機構の考察は動物種全般を対象とするより広いものになってきた。



研究者



トビキバハリアリの染色体
 a. c : 雄 $n = 1$ b. d : 働きアリ $2n = 2$
 c. d : C-バンド



主なハツカネズミ亜種分化とヘモグロビンβ鎖遺伝子DNAの変異

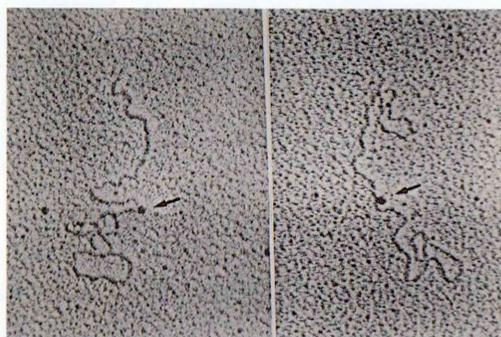
微生物遺伝研究部門

微生物遺伝研究部門では、大腸菌におけるDNA複製、核分裂、細胞分裂の機構の研究を、遺伝学的、生化学的、並びに組換えDNAなどの手法によって研究している。この目的のために、最も研究に適した実験系として、つぎの4方向からの研究が進行中である。

- (1) 繊維状ファージのDNA複製に関する研究：複製開始及び終結におけるDNA・蛋白間及び蛋白・蛋白間の特異的相互作用の研究
- (2) 大腸菌染色体の複製に関する研究：ori C領域からの染色体複製開始を制御する因子に関する研究
- (3) 大腸菌染色体の分配に関する研究：複製した染色体が各娘細胞に分配される機構に関する遺伝学的研究
- (4) 細胞分裂に関する研究：細胞分裂遺伝子、細胞表層を構成するサキュルス形成機構、ペニシリン結合蛋白の細胞分裂への役割などの研究

以上の方向からの研究を推進することにより、細胞が整然とその巨構造をつくり、生長し、分裂する全過程を分子水準で明らかにすることを究極の目的としている。

ファージ複製開始蛋白とDNAの結合を、金コロイド標識抗体を用いて検出した電子顕微鏡写真



研究者

細胞質遺伝客員研究部門

1. 動物細胞における唯一の細胞質遺伝子としてミトコンドリアDNA (mtDNA) は細胞生物学、分子生物学など種々の分野の研究者の注目を集めてきている。当研究部門では、マウス (*Mus musculus*) のmtDNA の進化を分子生物学的な手法を用いて解明し、マウスの亜種分化との関連性を追求している。これまでの結果から、マウスにおいては、mtDNA の制限酵素切断型多型と亜種分化の間に強い相関関係のあることが明らかになっている。このことは、マウスでは mtDNA の制限酵素切断型多型が亜種分化の標識として利用できることを示している。

このことを利用して、現在までに(1)実験用マウスは、欧州産の野生マウスドメステカスマウス (*M. m. domesticus*) のごく小さな集団を核にアジア産マウスの遺伝子がブレンドされてできあがったものであること、(2)モロシヌス (*M. m. molossinus*) と呼ばれ、従来は独立した亜種として分類されていた日本産マウスには、ムスクルス亜種に特異的な mtDNA 多型が認められず、中国華南から東南アジアに分布するキャストネウス亜種 (*M. m. castaneus*) とユーラシア大陸に広く分布するムスクルス亜種 (*M. m. musculus*) に相当する 2 種類の mtDNA 多型を持ち、その地理的分布は図に示したようになっていることが判明した。これらのことから、日本産野生マウスは日本固有の亜種ではなく、ムスクルス亜種とキャストネウス亜種が日本で“混血”してできたものであると考えられるようになった。(日本産野生マウス雑種起源説)。



mtDNA からみた日本産野生マウスの集団

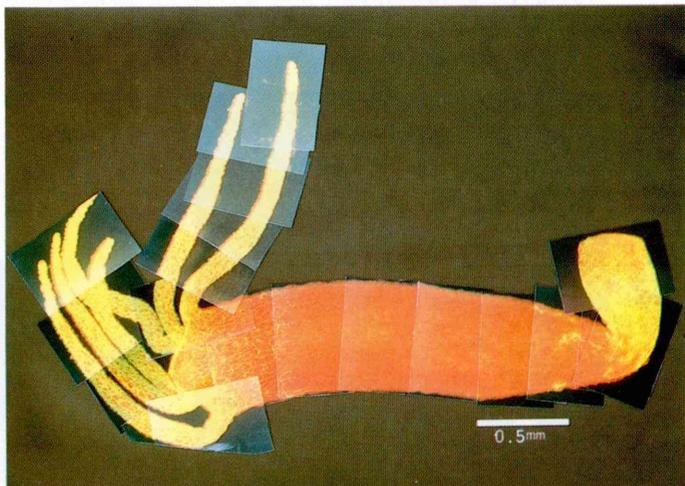
この仮説を裏付けるためには、日本、及びその近隣諸国から更に多くのマウスの試料を集め、かつ、制限酵素による解析以外に、DNA シークエンシングによる詳細な解析をムスクルス型 mtDNA を持つ集団とキャストネウス型 mtDNA を持つ集団双方について行う必要がある。そこで、今まで解析した試料の他に、ロシア、中国西部など広い地域より得られた試料を加え、制限酵素と DNA シークエンシング法を併用して検討した。その結果、日本産野生マウスの集団構造の詳細が判明し、ムスクルス型 mtDNA を持つ日本産野生マウスは中国・朝鮮のマウスよりむしろロシアのマウスに近縁であることが判明した。現在、キャストネウス型 mtDNA を持つ集団についての詳細な解析を続けている。

個体遺伝研究系

1. 発生遺伝研究部門では、淡水ヒドラを対象として、発生過程上に異常がある突然変異系統を多数分離・同定し、それらを利用して動物の形がつくられる基本機構の解明や、細胞の分裂と分化を制御している基本機構の解明をめざして研究を行っている。
2. 形質遺伝研究部門では、カイコ、ショウジョウバエ、エリ蚕などの昆虫を対象として、個体の発生・生長過程においていろいろの遺伝形質がいつどのような機構で発現するのか、遺伝子・染色体・細胞・個体レベルで研究を進めている。
3. 生理遺伝客員研究部門では、ヒドラの散在神経ネットワークの形式機構の研究を行っている。



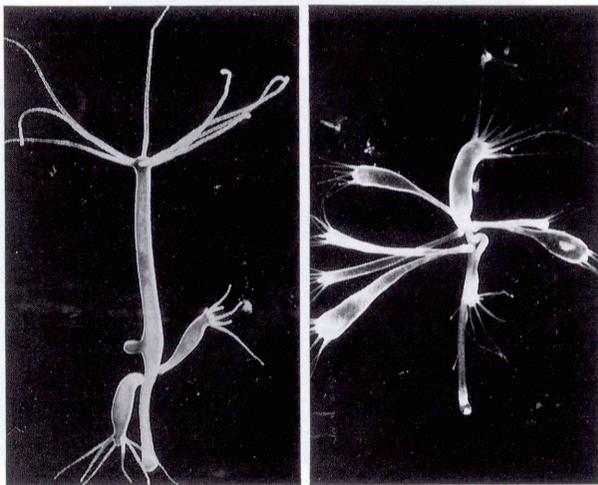
器官形成を完了したカイコの胚
(体長：約2mm)



ヒドラの散在神経ネットワーク
(黄色に染まっている)は頭部と
足部に集中している



カイコ幼虫には外観の性差は見られないが、雌性決定染色体にゼブラ遺伝子を転座させると、雌はゼブラ模様を呈する。



突然変異で神経細胞を全部失った無神経ヒドラは運動も補食もできない。しかし人工給餌すると、成長、出芽して増殖を行う。

発生遺伝研究部門

ヒドラは多細胞動物中でもっとも単純な体制を持つ動物の一種であり、また非常に強い再生力を持つことが昔からよく知られている。日本産チクビヒドラ (*Hydra magnipapillata*) の体長は約5 mm位ある。このヒドラの頭と足を実体顕微鏡下でメスで切り落とすと、5～6日後には元の個体と区別できない位完全な個体が再生する。

ところが、チクビヒドラの突然変異系統の中には、この再生過程に異常を示すものがある。例えば、ある系統は足は正常に再生するが、頭は再生せず無頭ヒドラになる。また別の系統では、本来足が再生する場所に頭ができて双頭のヒドラができてしまう。

このような突然変異系統は、再生をつかさどる基本機構のどこかに重大な異常が生じていると考えられる。このように再生や発生機構に異常を示す突然変異系統を多く分離して、その異常性を詳細に解析することにより、正常な発生機構の根本原理を解明する研究を現在すすめている。



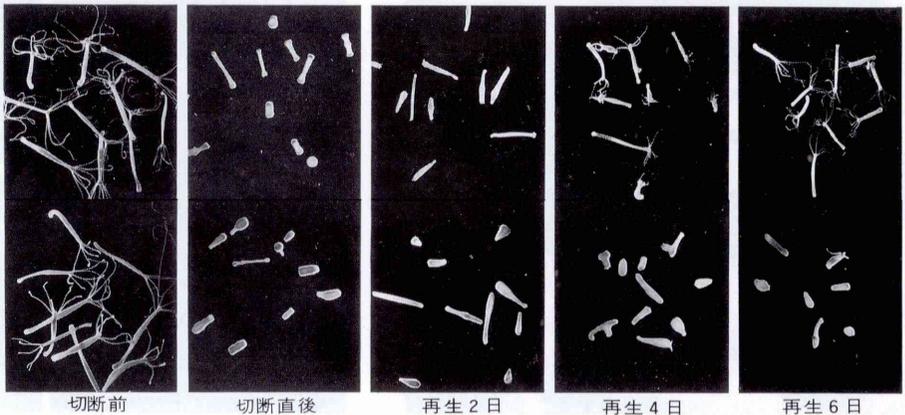
水草に付着している
日本産チクビヒドラ



ヒドラ実験室

正常再生を行う
野生系統ヒドラ

頭部再生のでき
ない突然変異系
統ヒドラ



切断前

切断直後

再生2日

再生4日

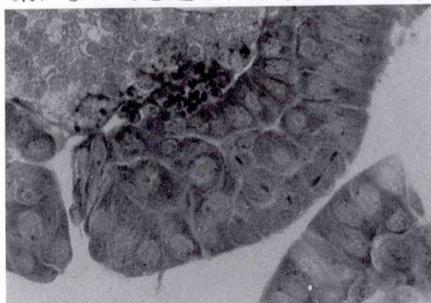
再生6日

形質遺伝研究部門

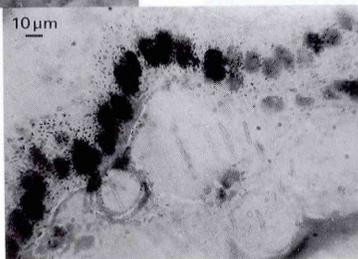
高等生物の体は、1個の受精卵から始まり、これが細胞分裂を繰り返し多くの細胞となり、生長とともに種々の異なった組織や器官に分化する。形質遺伝研究部門では、1個の細胞から、そのような特定の機能や形態を持った組織への分化がどのような仕組みで起こるか、それら種々の形質は胚発生過程のいつ・どこで発現するか、また、生長・変態・加齢・生殖などの後胚発生過程はどのような様な遺伝子系によって支配されているかなどの生活史形質の究明を遺伝学・生物学の研究材料に広く利用されてきたカイコ、エリ蚕、ショウジョウバエなどを対象に進めている。

遺伝子は細胞質・内分泌等の内的、あるいは、光周期・温度などの外的な環境と関連しあひながら発現する。昆虫（カイコ）では胚休眠性、脱皮回数等の内外環境によって異なった反応を示す多くの系統が知られている。これらの諸系統が、野生昆虫の進化あるいは家畜化される道程で、光周期・気温等のような物理的な外的情報と、どのように係わりながら形成されて来たかを明らかにすることは、適応現象を理解する上にもまたそれぞれの昆虫種の起源を知ることにも、関連して興味ある問題である。それらの生態遺伝学的解析と平行して、外的環境情報の受容体としての脳・神経系の働き、また、それらの情報が比較的長期間記憶され次の世代の形質に反映するプロセスは、どのような仕組みによるのか等々の神経生理と遺伝子支配との関係の解析も進めている。エリ蚕は古くから生長変態の内分泌学的研究の対象とされてきたが、これに関与する遺伝子系の作用機序について外・真皮形成・脱皮などを指標として究明している。

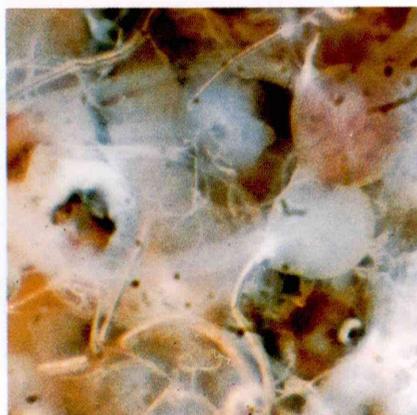
ショウジョウバエを対象とした研究では、細胞分化の仕組みを知る目的で、胚発生異常を示す種々な突然変異体の解析、「性」の決定の仕組みを知る目的で、微生物（SR因子）の感染によって惹起される雄性致死現象の解析等が進められている。



ショウジョウバエ初期胚腹部での神経細胞の形成（神経芽細胞よりの神経節細胞の形成を示す特徴的なグルマ型細胞分裂）



エリ蚕4令幼虫表皮細胞での同調的なH⁺-チミジンの取り込み



カイコ神経球細胞のモザイク
野性型雌由来（あずき色）と変異型由来（白色）のモザイク神経球を示す

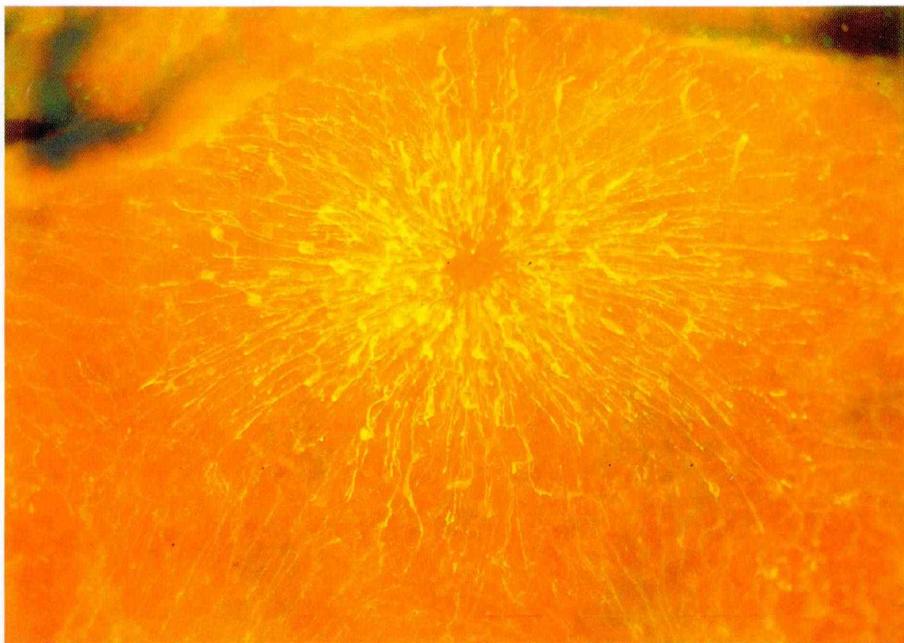
生理遺伝客員研究部門

ヒドラは多細胞動物の中で最も単純な体制を持つ動物の一種であり、その神経系も高等動物と比較すると極めて簡単な系をなしている。

ヒドラの神経細胞は体の各部に広く分散して存在し、神経節や脳のように神経細胞が局部的に集中した構造はない。そして各神経細胞は突起のネットワークで結ばれている。

しかし、詳細に調べると神経系ネットワークは決してランダムに作られたものではなく、一定の秩序に従って作られたものであることがわかる。特に口丘組織には多数の神経細胞が存在し、各神経細胞からは突起が放射状に走っているのが認められる（写真参照）。

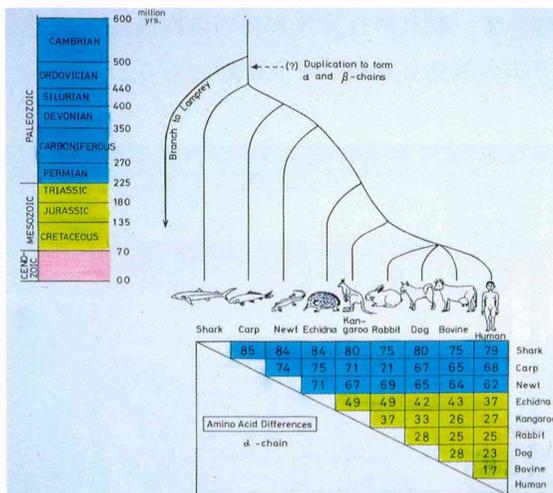
このようなヒドラ散在神経系の形成機構を明らかにすることを目的として、当部門は発生遺伝研究部門と共同研究を進めている。



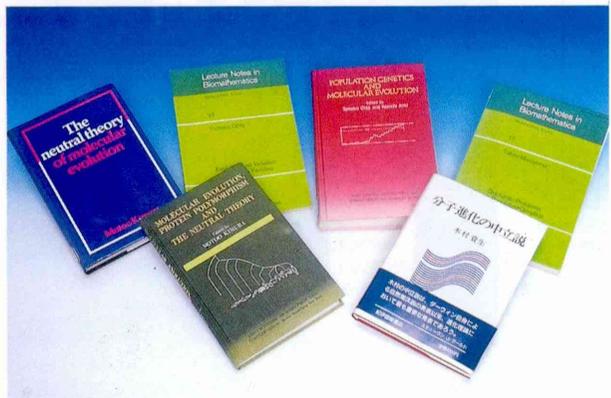
間接蛍光抗体法で染色したヒドラ口丘組織の神経系。
中央開口部周辺にある多数の感覚神経細胞から神経突起が放射状に広がりネットワークを形成している。

集団遺伝研究系

1. 集団遺伝研究部門では、生物集団の遺伝的構造を支配する法則の探求をめざして研究を進めている。分子レベルにおける種内変異と進化の仕組みを確率過程として扱う理論的研究、特に遺伝子系図学と重複遺伝子の進化について研究を行っている。また微少効果を持つ突然変異と量的形質についても理論的研究を行っている。
2. 進化遺伝研究部門では、生物進化の遺伝的機構に関する実験的ならびに理論的研究を進めている。特に、DNAの塩基配列データに基づく分子進化の研究やその解析に必要な方法論の開発、染色体進化の分子機構の研究などを行っている。
3. 理論遺伝客員研究部門では、集団遺伝モデルの解析、実験データの統計的分析などの理論面に関する研究を進めている。とくに中立説に関する理論の発展及びそれを検証するための実験データの分析やDNAデータの比較研究を行っている。また、生物進化を研究する上で必要な関連分野の動向を調査し、進化学を支柱とした新しい学際的な分野の発展を目指している。



脊椎動物の系統樹とヘモグロビン α 鎖の比較



集団遺伝研究系研究者による最近の主な著書

集団遺伝研究部門

1つ1つの個体ではなく、それが集まってできた集団(主として繁殖社会)を対象として、その内にどのような遺伝子がどんな割合で含まれるか、またどのような法則の下に遺伝的組成が変化していくかを研究するのが集団遺伝学で、種内変異や生物進化の問題とも深いかわりがある。たとえば日本人は全体として1つの集団をなし、肉体的、精神的な特徴は個人ごとに差があるが、そのかなりの部分は遺伝的なものと考えられる。集団中に、遺伝的変異がいかんして保有されるかは重要な研究課題である。集団遺伝学の研究においては実際の生物集団の調査以外に、数学的モデルの解析や、電子計算機に有性繁殖を行う生物集団のまねをさせる模擬実験(モンテカルロ実験)も行われる。

メンデル遺伝学に基礎をおく古典的集団遺伝学は分子レベルの集団遺伝学へと転換しつつあるが、その第一歩となったのは木村資生名誉教授の提唱した分子進化中立説であった。現在中立モデルを出発点として急速に進歩する分子生物学の知識を取り入れた、より広範な集団遺伝の確率モデルについて解析を行っている。例えば大規模な重複構造をもつ多重遺伝子族は高等生物の染色体にかなり普遍的に存在するが、重複構造のもとでは遺伝的変異の保有機構が一遺伝子座の場合とはかなり異ってくる。また多重および超遺伝子族が進化の過程でいかにできてきたかについても解析が進められている。各種生物のDNA多型に関するデータが蓄積しつつあるが、遺伝子系図学に基づいて、個々のDNA多型の維持機構に関する詳細な検討を行っている。そのための統計的方法の開発も重要な研究課題である。



研究者

進化遺伝研究部門

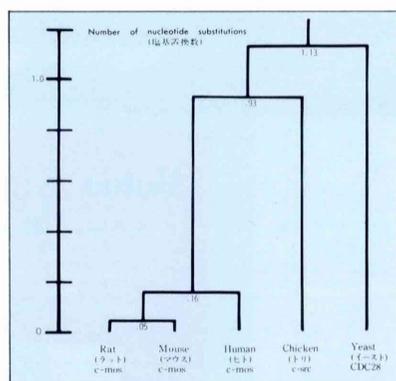
生物の進化は、遺伝子（DNA）の時間的変化が根底にある。本研究部門では、生物進化の遺伝的機構を解明するため、実験的及び理論的研究を行っている。DNA解析技術の進歩にともない、最近になって多くの遺伝子の塩基配列が明らかにされた。これらの大量データを比較分析することで、遺伝子と染色体の進化機構の研究が可能になる。それによって生物進化の、さらには生命現象全体に関する謎を解明するきっかけを得ることができる。

主要な研究テーマとしては以下のものがある。

- (1) 高等動物遺伝暗号の研究を出発点に、染色体DNAの巨大GC含量モザイク構造の実体ならびに染色体バンド構造との関係を研究している。
- (2) 生物進化を記述するには、まず生物種間および遺伝子間の系統樹を知る必要があるが、系統樹を復元する方法を詳しく調べるため、コンピュータシミュレーションを用いて理論的な検討を行っている。
- (3) ショウジョウバエ遺伝子の進化速度の解析および発生に関する遺伝子群についての分子進化的解析を行っている。



研究者



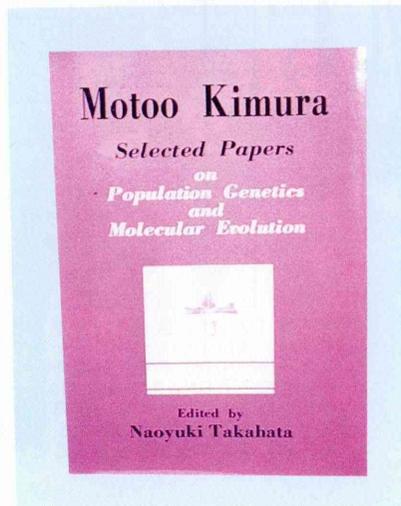
哺乳類（ラット、マウス、ヒト）とトリに肉腫を起こす発がん遺伝子（c-mos）とイースト菌の細胞分裂制御遺伝子（CDG28）の進化的関係 この系統樹はそれぞれの遺伝子のDNA配列を比較し、塩基置換数（図の縦軸）を推定することによって得られた。このことより、発がん遺伝子は細胞分裂をコントロールする遺伝子と進化的に深いつながりをもつことが示唆される。

理論遺伝客員研究部門

高畑尚之（総合研究大学院大学教育研究交流センター）教授は、生物進化を探究するため、遺伝学的研究だけでなく幅広い学際的研究を行う。とくにヒトの進化に関連した研究を進めている。高畑は、木村名誉教授が行っている集団遺伝学の数学的理論及び分子進化の機構についての研究にも参加する。特に中立説を発展させるための理論及びDNAデータ解析によるその検証が主な課題である。また、拡散モデルによる有限集団における遺伝子頻度の確率過程の解析も重要な研究課題である。この方法を集団間競争と非相加的遺伝子相互作用（エピスタシス）を含む場所に拡張する仕事も引き続き行う。安永照雄理化学研究所研究員は、分子進化の研究及び関連ソフトの開発を行っている。



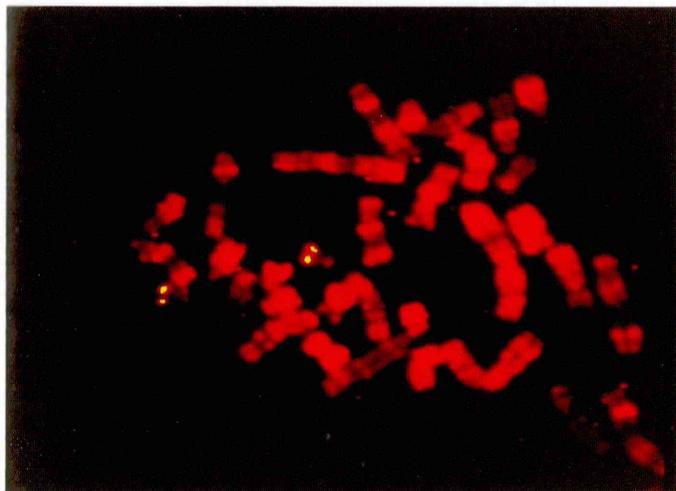
高畑がオーガナイズした
第17回谷ロシンポジウム
W. Brown, J. F. Crow, 高畑(前)
C. Aquadro (後)



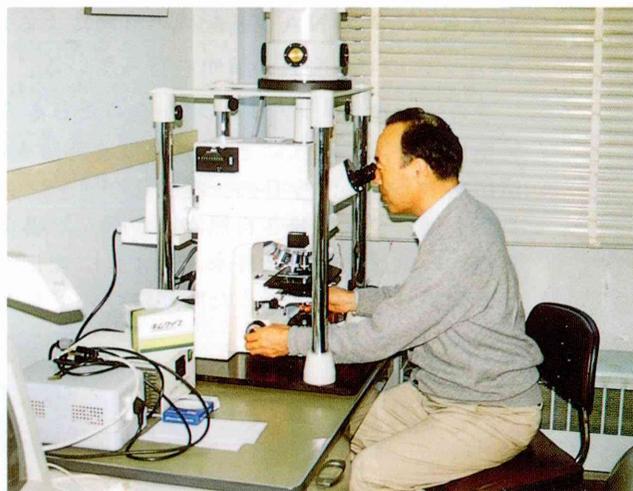
これは木村名誉教授の重要な論文を集め、高畑教授が編集して一冊の本にまとめたものである。同論文集がシカゴ大学から出版されることは、今後集団遺伝学の確率過程や分子進化について勉強しようという若い人に広く役立つものと期待されている。

総合遺伝研究系

1. 人類遺伝研究部門では、ヒトにおける各種の遺伝現象を、分子・細胞・個体・集団の各レベルで研究し、それらを統合的に理解することをめざしている。とくに物質代謝の異常や悪性腫瘍の発生に関与する宿主要因の解析、細胞の増殖と分化の調節機構に係わる遺伝子変異とそれにもとづく活性タンパク質分子の構造と合成異常、DNA塩基配列からみた日本人集団の遺伝的特徴などに関して研究を進めている。
2. 育種遺伝研究部門では、有用生物に関する遺伝学的研究、とくにイネを対象として、進化と適応に関する諸問題や遺伝子の発現機構に関する研究を行っている。
3. 応用遺伝客員研究部門では、医学または農学領域における遺伝学の応用に関係した基礎的研究を行っている。



in situ hybridization 法により、第21番染色体長腕にマップされたDNA断片は、黄色蛍光スポットとして認識される。



研究者



水が深くなると、どんどん伸びる浮イネ。発育の遺伝的コントロールと環境適応の両面から研究が進められている。

人類遺伝研究部門

この部門では、ヒトの正常並びに異常形質に係わる遺伝現象を、遺伝子DNAと染色体との関連のもとに、分子・細胞・個体・集団の各レベルからアプローチして研究し、それらを統合的に理解することをめざしている。

例えば、新生児150人に1人は何らかの染色体異常を持っており、その多くは精神的・身体的な発達の遅れを伴ってくる。また、単一座位の遺伝子異常による遺伝病の種類は3,000を超えるが、一生の間にそのどれかの異常を発現するリスクのあるものは新生児コーホートの約1%と推定される。大多数の染色体異常と優性遺伝病の一部は、健康な親の配偶子に生じた新生突然変異によることが判っている。本研究部門では、各種のがん、白血病細胞や網膜芽細胞種などを手掛りとして、こうした突然変異と細胞の増殖・分化の調節異常並びに腫瘍化の成因についての分子遺伝学研究を進めている。

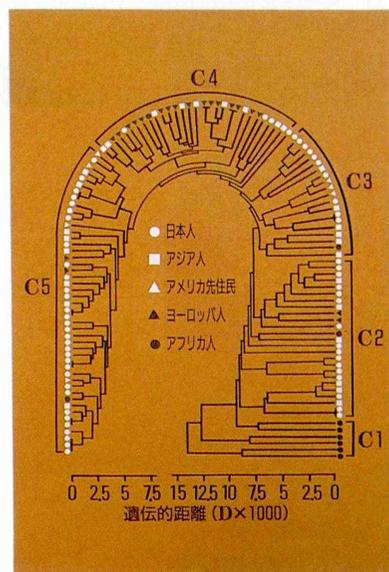
また、分子病の遺伝要因について、ヘモグロビン、酵素などのタンパク質の構造・機能並びに合成の変異やDNAの塩基配列の上から研究している。

ヒトのミトコンドリアには約16,500塩基対からなる環状DNA（ミトコンドリアDNA）が含まれ、それは母系遺伝をする。このDNAは進化速度が極めて速いことから、ヒトでも、塩基配列に顕著な個人差がみられる。世界中の色々な人類集団に属する人々の、ミトコンドリアDNAの塩基配列を決定し、それらの系統関係を探る研究を行っている。さらに、古代人骨からのDNA塩基配列の解読による日本人の起源に関する研究や、遺伝病におけるDNAレベルでの変異の解明を行っている。

さらに、遺伝病理学の立場からみた日本人の特徴は何か、日本人にとくに多い(または少ない)遺伝病はどれか、今日の少産少死パターンが21世紀を通して長く続き自然淘汰が緩んだ場合、日本人の遺伝的健康は将来どのように変化すると予想されるか、といった問題についても考察を加えている。



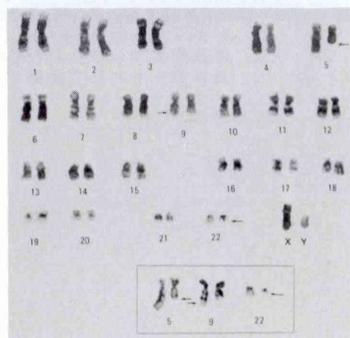
研究者



現代人128個体のミトコンドリアDNAの塩基配列に基づいた分子系統樹。

128人の現代人のクラスター分類とその地理的分布

クラスター	各地域からのミトコンドリアDNAの系統数				
	アフリカ	ヨーロッパ	日本	アジア (日本除外)	アメリカ
C1	0	0	0	0	0
C2	1	2	16	6	0
C3	1	0	10	6	3
C4	1	16	4	9	0
C5	1	2	32	8	4
全体	10	20	62	29	7



ヒト・急性リンパ性白血病細胞における染色体改変像 9番および22番相互転座にもとづく9q+および22q-（フィラデルフィア染色体）。その他5q-（5番染色体長腕欠損）などの変化がみられる。

育種遺伝研究部門

当部門は人間にとって有用な生物の遺伝と育種に関する基礎研究を行ってきた。現在のスタッフは、野生イネおよび栽培イネを材料として、分子・個体・集団レベルからのさまざまな研究に取り組んでいる。研究方向は大きく次のように分けられるが、これら進化・形態形成・遺伝子発現などの問題は、いずれも植物遺伝学は勿論、植物育種学にとっても重要な基盤なるものである。

(1)イネの起源・系統分化——世界各地から収集され当研究所で保存されている多数の野生および栽培イネ系統を用い、種々の遺伝的マーカーの変異解析を通じて、栽培化や品種分化の過程を明らかにすることをめざしている。また生物考古学的手法による進化研究も始められた。

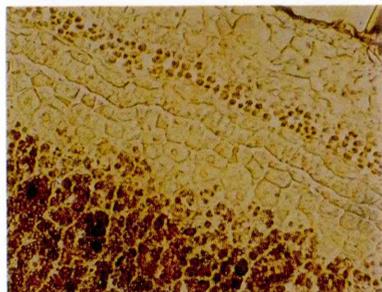
(2)小進化の機構——生殖的隔離の遺伝的基礎、自然選択の作用、適応的遺伝子の単離・同定など、小進化の要因解明をめざした実験的研究を進めている。他方、野生イネ自生地の継続的調査に基づく集団動態の生態遺伝学的研究も進行中である。

(3)形態形成の遺伝制御——形態形成を遺伝子レベルで理解するには鍵となる遺伝子を同定し発育過程での階層的制御様式を明らかにする必要があるという観点に立って、日長反応性・浮イネ性など種々の適応形質に関する発育遺伝学的研究を行っている。

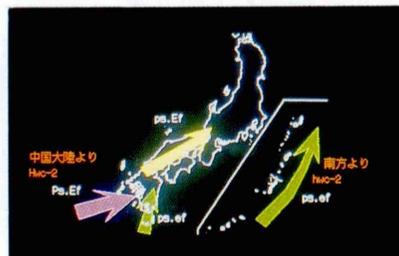
(4)植物における遺伝子発現の分子機構——胚乳中のアミロース合成を支配する *wx* 座は古くから遺伝学的研究が盛んに行われてきた遺伝子座である。遺伝子組換えや遺伝子導入の技術を駆使して、イネ *wx* 遺伝子座の発現制御機構を分子レベルで解明することをめざしている。



温室にて。



コメの中のデンプン粒。
wx 遺伝子が正常に発現しているとアミロースが合成され、紫色のデンプン粒として観察される。

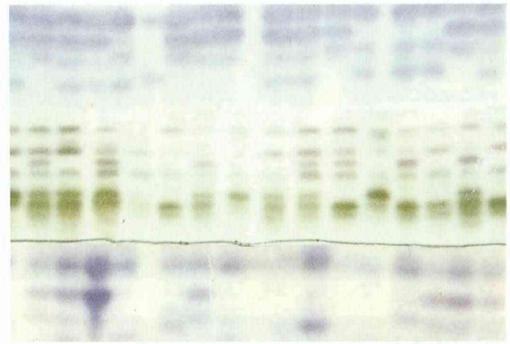


遺伝学的証拠から考えた日本への稲の伝播経路。中国大陸ルート他に南方ルートもあったらしい。

応用遺伝客員研究部門

1. この部門では、医学領域における遺伝学の応用に関する研究として、ヒトBリンパ球系細胞における免疫グロブリン遺伝子の発現調節並びに重症複合免疫不全症候群の成因を解析している。免疫グロブリン遺伝子の再構成は、B細胞系列でのみ起こるが、再構成を終えた活性型免疫グロブリン遺伝子であっても、B細胞以外の組織細胞に移入した場合その発現はみられない。すなわち、その発現は組織特異的である。ヒト骨髄腫細胞からグロブリン遺伝子のプロモーターあるいはエンハンサー領域のオクタマー配列に結合する核タンパク質を精製し、それらが結合する領域の塩基配列を決定した。これらのタンパク質成分を使って、免疫グロブリン遺伝子の組織特異的な発現の制御機構並びにそれに係わる核タンパク質遺伝子のクローン化を進めている。

2. 農学領域における研究として現在行われているのは、植物自生集団における遺伝変異の保有機構とその収集及び人工的維持に関する理論的研究である。この研究は、遺伝変異保有のメカニズムを明らかにするという集団遺伝学の基本的問題だけでなく、資源生物を実際に収集する際、種々の制約条件の下でいかに効率的に多様な遺伝変異を収集するか、またその変異をできるだけ減少させずに維持するための世代更新法の検討など、実用的に重要な問題も含まれている。これらのことは、野生稲や栽培稲をその自生地で採集し当研究所で維持しつつ研究を行っている育種遺伝研究部門及び遺伝実験生物保存研究センター植物保存研究室のスタッフが現に直面している問題であり、実験的・理論的両側面から協力して研究が進められている。



野生イネの自然集団(左)は、外観は似ていても酵素の遺伝子を調べると個体ごとに多様な変異を示す(右)。

遺伝実験生物保存研究センター

このセンターは、遺伝学研究に有用な生物系統の収集保存や系統情報のシステム開発およびそれらを用いた基礎研究を行うことを目的として設立された。遺伝的特性の分析が十分行われた系統、あるいは未知の遺伝子を多数持っているであろう系統を保存することは遺伝学研究の基盤として極めて重要である。現在、哺乳動物・無脊椎動物・植物・微生物・遺伝資源の5研究室があり、重要な遺伝子や系統の保存・分譲、実験系統の開発、情報のデータベース化などを行うと共に、さまざまな基礎的研究を進めている。



遺伝実験生物保存研究センター



ハコネザクラ (別名マメザクラ)

1. 哺乳動物保存研究室

マウスの基準近交系統、突然変異系統、コンジェニック系統、リコンビナントインブリード系統、ラットの近交系統及び野生マウス集団から遺伝子を導入した新しい遺伝学研究用系統を開発して維持すると共に、これらの系統の初期胚の凍結保存を進めている。

また、発癌を制御する宿主の遺伝的要因に関する免疫及び細胞遺伝学的研究を行っている。



マウス胚の凍結保存実験

発生工学グループは、哺乳類の胚発生過程を対象とする研究を行っている。特にマウス胚幹細胞、及び着床後胚における中胚葉細胞層や中枢神経系の形成、始原生殖細胞の出現・移動と分化などについて、分子レベルから細胞、組織、個体レベルにわたる研究をめざしている。



研究者

2. 無脊椎動物保存研究室

ショウジョウバエの研究用系統の維持を行うと共にショウジョウバエ集団に保有される変異の収集と解析及び種分化に関与する遺伝子の研究を行っている。また、ショウジョウバエとカイコの発生に関与する遺伝子の分子生物学的研究も行っている。



キイロショウジョウバエ
雌(上) 雄(下)



オナジショウジョウバエ
雌(上) 雄(下)

3. 植物保存研究室

イネ、ムギ、サクラ、アサガオの系統保存を行っている。このうちイネは過去25年以上にわたって熱帯アジアを含むイネの自生地から収集したもので、他に類のない貴重な遺伝資源であり、これらの材料は所内外の多くの研究者によってイネの遺伝学的解析のために利用されている。



野生イネ温室

4. 微生物保存研究室

大腸菌を主としてサルモネラ菌、枯草菌、その他バクテリオファージやプラスミドの遺伝系統の保存と、特性開発を行っている。研究面では特に、大腸菌の温度感受性細胞分裂変異系統を使用し、細胞分裂を制御する遺伝子の解析等の研究を行っている。



微生物保存実験室

5. 遺伝資源研究室

分子系統学における理論的研究とデータ解析を行っている。また、広く遺伝資源生物に関する国内外の情報を収集、解析、整理し、所内外の研究者に情報の提供を行っている。



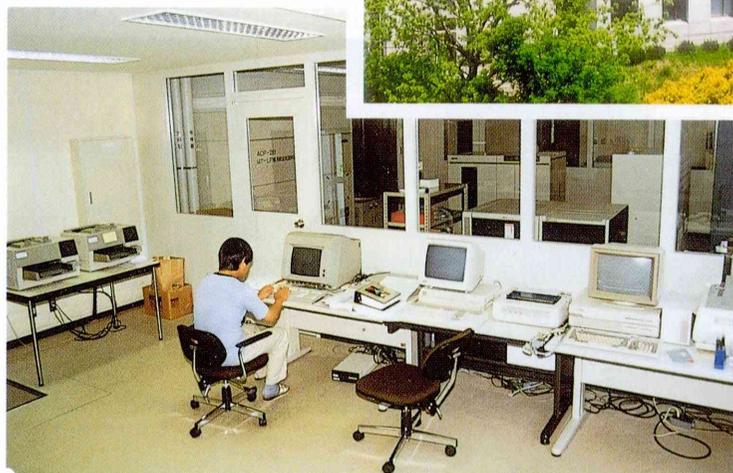
研究者

遺伝情報研究センター

遺伝学の中で遺伝情報に関する研究の占める比重が急速に増加し、重要性が高まる状況の中で、本研究センターは研究所内外の強い要請のもとに設置された。本研究センターは遺伝情報に関する分子レベルの主として実験的研究を行う4研究室とコンピュータによる情報解析の研究を行う2研究室（うち1つは寄附研究部門）の合わせて6研究室からなり、これらは互いに有機的つながりを保ちながら、それぞれ独立な研究活動を進めると共に、研究所の他研究部門及び他機関の研究者との共同研究を行っている。特に、本センターに設置されているDNAデータベース（DDBJ）は遺伝情報解析の中核的役割をつとめている。



遺伝情報研究センター



ワークステーション

1. 構造研究室

遺伝子の発現を目的に応じて調節するためには、DNAやRNAポリメラーゼなどの分子がいくつか集まって特別な構造体を作らなければならない。この構造体の構成と機能を明らかにするために、独創的な技術を開発して駆使し、分子生物学的技術と併用して研究を行っている。遺伝子DNAの機能ユニット全体を固定化して、発現調節のための構造体1分子の運動をリアルタイムで追跡したり（1分子ダイナミクス）、構造体の時間的变化を化学反応として解析して、転写や翻訳の発現調節機構を解明している。



RNAポリメラーゼの1分子ダイナミクス

2. 組換え研究室

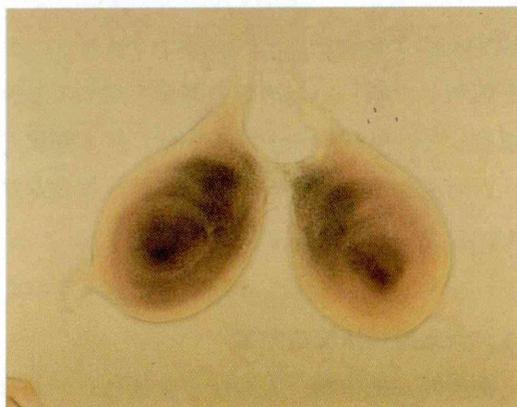
発生や行動に関係する遺伝子を発見し、その働きを知ることにより、発生や行動のメカニズムを解明しようとしている。研究材料としては線虫*Caenorhabditis elegans*を用い、突然変異株の分離・遺伝子クローニング・顕微鏡による発生過程の追跡・行動の測定などの実験を行うとともに、発生のスイッチ回路や神経回路網の理論の開発を試みている。



研究者

3. 合成研究室

発生や分化の分子機構を解明するには、遺伝子発現に関する基礎的研究が必須である。本研究室では、人工合成DNAと遺伝子操作技術を利用して真核生物DNAの高次構造と発生や分化にあずかる遺伝子の発現制御に関する研究を行っている。



シュウジョウバエの前脚の成虫原基。
原基の発生をコントロールする *fleabag*
遺伝子の発現が *in situ* ハイブリダイゼーション法により検出されている。

4. 遺伝情報分析研究室

コンピューターによるDNA塩基配列と蛋白質アミノ酸配列から得られる遺伝情報の解析及びデータベースに関する研究を行っている。

DNA データバンク

DNA データバンク (DNA Data Bank of JAPAN, 略称「DDBJ」) は全国的な要請にもとづき、遺伝情報研究センター遺伝情報分析研究室に昭和61年4月に設立された。現在、DDBJ は米国の Gen Bank 及び欧州の EMBL データライブラリー両DNAデータバンクと密接な協力関係にありDNAデータの収集、データベースの構築ならびに提供を共同で行っている。



遺伝情報分析研究室
研究者

5. 遺伝子ライブラリー研究室

生物の発生、分化は遺伝子発現のネットワークとしてとらえることができる。その分子レベルの実体を総合的に理解するために、本研究室では線虫 *C.elegans* を材料として、胚発生における全ての遺伝子の発現様式を明らかにすることをめざして、遺伝子ライブラリーを利用した新しい方法論の開発を進めている。並行して、世界に先がけて作成した大腸菌ゲノムの遺伝子ライブラリーの維持、配布及びゲノムデータベース作成を行っている。

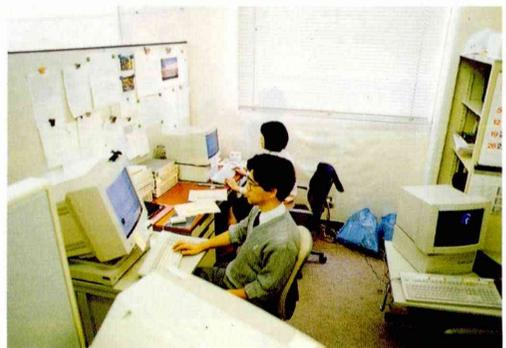


研究者

6. 大量遺伝情報研究室

微生物、動植物、人間など生物のDNA塩基配列のデータベースが、世界的な規模で急増している。これに伴い、膨れ上がる情報をどのように扱うかが大変重要になってきている。これにより、生物学と情報科学との間に接点が生み出され、生物情報科学と呼ばれる新しい科学分野が誕生しつつある。

本研究室では、生物情報科学の基礎概念を確立するために、遺伝情報解析の基礎研究を行っている。特に、生物科学と情報科学の融合を行うことにより大量の遺伝情報処理を旨とした研究を行っている。この研究は、生物科学の分野に新しい研究アプローチを与えることが期待されている。また、情報科学の分野にとっても、データベースの検索技術を中心に、曖昧処理、探索処理、可視化処理、学習処理などといった情報処理の研究に新展開が期待されている。



研究者

放射線・アイソトープセンター

当センターは各種放射線やラジオアイソトープ（放射性同位元素）を、遺伝子の機能と構造の研究に利用するための共同利用施設として昭和63年4月に発足した。

当センターの前身はおよそ30年前に設立された放射線実験室であり、歴史的に次のように整備されてきた。昭和27年X線実験室新設、昭和31年、34年放射線実験室新增設、昭和35年照射用特別蚕室新設、昭和39年ガンマー線照射温室新設、昭和42年中性子照射室新設、昭和50年内部照射棟新設、昭和52年トレーサー棟 I, II 新設。昭和63年新R I棟新設。この間に備えられたX線、ガンマー線、中性子の発生装置と各種の放射線測定装置を用いて、多くの放射線遺伝学上の研究がなされて来た。近年では放射性同位元素をトレーサーとして用いた実験が多く行われるようになっている。

昭和63年度には、放射性同位元素を用いた研究のための施設を拡充する目的で新R I棟を建設した。ここでは、核酸や蛋白質の素材である化学物質を放射性同位元素で標識して細胞に取り込ませ、放射性同位元素で標識された核酸や蛋白質を分析することや、遺伝子である核酸やその素材を試験管の中で直接標識し、酵素を用いて合成、分析する研究がなされる。主に用いられる放射性同位元素は ^3H 、 ^{14}C 、 ^{32}P などであり、これらは弱い透過力のベータ線を放出するが極めて微量でも検出できる。このため他の方法では検出できない微量の反応も測定でき、現代の遺伝子の研究には不可欠なものである。

当センターの研究室ではセンターの管理運営に携わる傍ら次のような研究を行っている。

1. 線虫 *Caenorhabditis elegans* 生殖細胞の放射線遺伝学

*C.elegans*は体長1mmで約1,000個の細胞から成り、半透明なことを利用した顕微鏡観察から、個々の細胞が受精卵からどのような細胞分裂を経て出来たかが完全に解っている唯一の動物である。遺伝解析やDNA解析も非常に進んでいる。このような利点を生かして生殖細胞におけるDNA修復の研究を進めることにより、多細胞生物の生殖細胞におけるDNA修復の機構の解明を目指している。

2. バクテリアの増殖と分化を制御する遺伝子の研究

枯草菌は栄養劣化に直面するとただ一回の不等分裂を経て孢子へと分化する。細胞分裂を支配する遺伝子がどのような機構でこの不等分裂に関わって細胞分化に関与しているかを研究している。



放射性同位元素を用いた電気泳動によるDNA塩基配列決定実験

R I棟



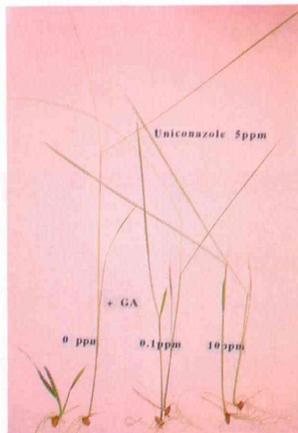
^{137}Cs ガンマー線源

実験圃場

実験圃場は、おもに植物関係の研究に用いられる実験植物を栽培管理しており、水田、畑、温室群と実験圃場管理棟から構成されている。また、低緯度地域から採集されたイネの系統を出穂させるための日長処理装置および隔離栽培するための隔離温室、イネを周年栽培するための水田温室などの特徴ある施設がある。

実験圃場では、これらの施設を利用して関連研究部門の研究者の要請に基づいた実験植物の栽培、管理を通じて、それらの研究に協力している。さらに、遺伝実験生物保存センターの植物保存研究室の系統保存業務に協力し、イネ・ムギ・サクラ・アサガオの実験系統を維持、管理するために、種子の更新や株保存を行っている。

実験圃場研究室には、助手1名が配属され、イネやダイズ、ペチュニアなどの植物の形態形成、生理形質、適応制御などに関する遺伝現象を突然変異体の作成、遺伝子の解析、植物への遺伝子導入などの方法を用いて解析を試みている。また、PCR法を応用し、古代イネを含めたイネの系統識別に関する研究も行っている。



一定量のジベレリン（植物ホルモン）合成阻害剤（Uniconazole）を前もって処理し、濃度の異なるジベレリン（GA）を処理した実験。正常なイネ（左側）は、ジベレリンの濃度が増加するにしたがって草丈が回復するが、変異体（右側）では、逆に草丈が減少して正常なイネと同じになる。

科学研究費補助金 (平成4年度)

(計 186,900 千円)

科学研究費補助金研究課題

がん特別研究 63,100 千円

がん研究のための実験動物の維持と開発
ユビキチンサイクルが支配するがん細胞の増殖と染色体不安定化
マウス胚幹細胞へのがん遺伝子導入による細胞増殖・分化の研究

重点領域研究 58,300 千円

野生遺伝子の導入による生物機能モデル動物の開発
ヒトゲノム遺伝子コーディング領域の多変量解析による推定法の確立
DNAからみたモンゴロイド集団の起源と系統
ユビキチン活性化酵素の細胞複製における役割
遺伝的多型と連鎖の解析による遺伝子病保因者診断への新しいアプローチ
ミトコンドリア病におけるDNA診断と病態の解明
転写因子FTZ-F1およびBmFTZ-F1の機能解析
ショウジョウバエにおける器官形成の遺伝的制御
C.elegansの形態形成遺伝子の探索
細胞間マトリックスタンパク質遺伝子の多様なオルタナティブスプライシング機構の研究

総合研究 2,000 千円

転写装置の分子解剖推進のための調査研究

一般研究 28,300 千円

複製開始域におけるDNAと蛋白の相互作用—大腸菌染色体の複製、分配、細胞分裂の分子の基礎
ヒドラ細胞接着分子
線虫C.elegansの胚発生各期に特異的に発現される遺伝子群の解析
細胞周期と染色体機能制御におけるユビキチンの役割
RNAポリメラーゼの分子解剖
C.elegansの発生におけるシグナル伝達の役割
ヒトチミジル酸合成酵素遺伝子の発現調節機構について
ヒドラ細胞種特異的に発現する遺伝子の簡便検出系の確立
ゲノム中に散在する反復配列の進化に関する集団遺伝学的研究
温血脊椎動物染色体バンド構造と巨大GC含量モザイク構造との関係の解明
ウイルス遺伝子の進化機構
1分子ダイナミクスによる転写開始活性化の動的機構
分裂酵母を用いたGTP結合蛋白質の細胞内局在化と機能制御メカニズムに関する研究

奨励研究 3,400 千円

ショウジョウバエの形態形成を制御する遺伝子fleabug
MHCの持つ生物機能のトランジェニックマウスによる解析
大腸菌RNAポリメラーゼβサブユニットの構造・機能相関
大腸菌リン酸化蛋白質の解析

試験研究 5,100 千円

作物の近交系統および生態型に特異的なDNAマーカー・ライブラリーの構築

国際学術研究 26,700 千円

熱帯アジアにおける稲遺伝資源の生態遺伝学的調査(第4次)
アマゾンの植物資源に関する生態遺伝学的調査—イネ属およびStylosanthes属(マメ科)を中心に—
DNAデータバンクの運営・拡充に関する研究調査
中国産野生ハツカネズミおよびイネの遺伝的分化に関する日中共同研究
ヒドラ発生における細胞接着分子の役割

共同研究 (平成4年度)

研究課題

1. 大腸菌*nar*オペロン上の*narX-narK*間の転写方向制御と二制御因子(FNR-NarL)系の役割
2. cDNAに由来するウイルスRNAを遺伝子として持つインフルエンザウイルスの作製
3. インフルエンザウイルス遺伝子の転写・複製機構の解明とウイルス発現ベクター系の開発
4. プロモーター強度に及ぼす-10配列内塩基置換効果の系統的な解析
5. 大腸菌の増殖段階移行に伴うRNAポリメラーゼとリボソームの動態の研究
6. ポリアミンによる大腸菌遺伝子発現調節
7. 高度好塩性菌*Halobacterium halobium*由来RNA polymeraseの機能解析
8. Q β ファージRNA複製酵素宿主因子(HF-1)の宿主細胞内機能の研究
9. プロテアソーム, ユビキチン依存性蛋白質分解系による分子識別と代謝異常の研究
10. 60アミノ酸のconsensus repeatを基本構造に有する蛋白群の遺伝子のマウスゲノムマッピング
11. ショウジョウバエにおけるin vitro系での相対的組換え
12. マウスの生殖細胞異常をひきおこす遺伝子のマッピング
13. アジア産ハツカネズミ野生集団における尿・唾液・涙液タンパク遺伝子の多型と分布
14. 中国産野生ハツカネズミ亜種における遺伝的分化および形態分類に関する研究
15. 哺乳類染色体におけるキアズマ解析
16. トビキバハリアリ染色体を用いた最小作用仮説の分子細胞遺伝学的研究
17. 大腸菌*fadL*遺伝子発現の浸透圧調節
18. 大腸菌*ispA*遺伝子の機能について

研究代表者

- 高橋 浩二郎 (岡山大学歯学部)
- 中田 進 (東京理科大学基礎工学部)
- 永田 恭介 (東京工業大学生命理工学部)
- 橘 秀樹 (神戸大学理学部)
- 和田 明 (京都大学理学部)
- 五十嵐 一衛 (千葉大学薬学部)
- 中山 匡 (大阪教育大学)
- 井口 義夫 (帝京大学理工学部)
- 田中 啓二 (徳島大学酵素科学研究センター)
- 坂井 俊之助 (金沢大学がん研究所)
- 松田 宗男 (杏林大学医学部)
- 野口 基子 (静岡大学理学部)
- 松島 芳文 (埼玉県立がんセンター研究所)
- 土屋 公幸 (宮崎医科大学)
- 和田 政保 (財)動物繁殖研究所
- 平井 啓久 (熊本大学医学部)
- 西村 行進 (東邦大学理学部)
- 藤崎 真吾 (東邦大学理学部)

19. DNA・蛋白質結合領域に関する高次構造の視覚化
 20. 大腸菌プラスミド、ファージのDNA複製開始における宿主蛋白質の機能
 21. ヒドラ神経系の免疫組織化学的研究
 22. ヒドラを用いた多細胞系における自己組織化の解析
 23. 細胞の分化・発生に対する細胞成長因子の作用
 24. ヒドラの形態形成に関与する遺伝子の解析
 25. 無脊椎動物におけるホメオボックスを持つ遺伝子の分離と解析
 26. 昆虫における老化指標の確立と寿命を規定する遺伝子の探索
 27. カイコにおける遺伝的野生型（ワイルドタイプ）の推定—寄生バエの寄主選択性を指標として—
 28. 画像解析によるカイコの繭型の測定とその品種分化に関する研究
 29. 高等生物のゲノム中に存在する高度に反復した配列の進化に関する集団遺伝学的研究
 30. 林木集団における遺伝的変異の維持と繁殖構造に関する集団遺伝学的研究
 31. 染色体バンド構造と遺伝子塩基配列との関係の解析
 32. チロシナーゼ遺伝子調節領域の分子進化学的研究
 33. 松本市地域の嗅覚・味覚障害者集団に対する人類遺伝学的継続研究と全国集計に関する研究
 34. 細胞増殖抑制機構に対する分子細胞遺伝学的研究
 35. ゲノムスキヤニング二次元電気泳動法による染色体ソーターで分画された染色体のスポットマッピング
 36. ヒトY染色体アルフォイドDNAの解析
 37. マルチDNAプローブ法によるゲノムDNAライブラリーの整列
- 廣川 秀夫（上智大学生命科学研究所）
- 山口 和男（金沢大学遺伝子実験施設）
- 小早川 義尚（九州大学教養部）
- 前田 美香（理化学研究所フォトダイナミクス研究センター）
- 黒田 行昭（麻布大学生物科学総合研究所）
- 塩川 光一郎（東京大学理学部）
- 黒沢 良和（藤田保健衛生大学医学部）
- 米村 勇（東京医科歯科大学医学部）
- 島田 順（東京農工大学農学部）
- 中田 徹（北海道大学農学部）
- 飯塚 勝（筑紫女学園短期大学）
- 吉丸 博志（農林水産省林野庁森林総合研究所）
- 猪子 英俊（東海大学医学部）
- 山本 博章（東北大学理学部）
- 二木 安之（信州大学医学部）
- 仁保 喜之（九州大学医学部）
- 林 崎 良英（国立循環器病センター研究所バイオサイエンス部）
- 岡崎 恒子（名古屋大学理学部）
- 陶山 明（東京大学教養学部）

38. 過剰染色体症候群の発症に関する細胞ならびに分子遺伝学的解析
中村 康 寛 (聖マリア病院)
39. イネの生態種及び生態型の分化に関する研究
石川 隆 二 (弘前大学農学部)
40. 作物の進化における雑草型植物の果たす役割
小西 猛 朗 (九州大学農学部)
41. ラオスおよびマレーシアのイネの生態・進化遺伝学的解析
島本 義 也 (北海道大学農学部)
42. 高等植物におけるアルコール脱水素酵素の分子進化学的研究
矢原 徹 一 (東京大学教養学部)
43. イネの進化・栽培化過程における遺伝子発現の変化
長戸 康 郎 (東京大学農学部)
44. 高等植物の遺伝子発現調節の分子機構
米田 好 文 (東京大学遺伝子実験施設)
45. ショウジョウバエの同胞種間に見られる適応戦略について
井上 寛 (大阪外国語大学)
46. 雑種致死とNucleolar dominanceの細胞遺伝学的研究
山本 雅 敏 (宮崎医科大学)
47. ニワトリ胚強膜線維芽細胞が分泌するオートクライン増殖因子の遺伝子クローニングと塩基配列の決定
渡辺 一 雄 (広島大学総合科学部)
48. 大腸菌一本鎖DNA結合タンパク質 (SSB) の機能ドメインの構造解析
清水 光 弘 (東京薬科大学)
49. 一本鎖DNA結合タンパク質のX線結晶構造解析
月原 富 武 (徳島大学工学部)
50. 電気力学的分子マニピュレーションを用いた1分子ダイナミクスの研究
鷺津 正 夫 (成蹊大学工学部)
51. フィブロインのH鎖, L鎖遺伝子の同調的発現機構の解析
水野 重 樹 (東北大学農学部)
52. 真核細胞における転写調節因子とDNAとの相互作用
半田 宏 (東京工業大学生命理工学部)
53. 試験管内クロマチンアセンブリー過程における植物転写開始増幅因子による転写開始複合体形成
山崎 健 一 (名古屋大学農学部)
54. マウスにおけるFTZ-F1関連遺伝子の解析
丹羽 太 貫 (広島大学原爆放射能医学研究所)
55. 蛋白分子の未知機能推定のためのシステム構築の試み
植田 信太郎 (東京大学理学部)
56. 帰納学習理論を用いた遺伝子の構造機能相関学習と分子進化への応用
田中 博 (東京医科歯科大学難治疾患研究所)
57. 遺伝情報処理向きデータベースシステムの研究
牧之内 顕 文 (九州大学工学部)

58. 線虫 *Caenorhabditis elegans* の卵の孵化に対する光動力作用の障害と修復
須原 準平 (立教大学理学部)
59. ダイズの根粒非着生突然変異体を用いた遺伝子分析
菅沼 教生 (愛知教育大学)
60. セリンプロテアーゼ遺伝子の分子進化的研究
高橋 敬 (島根医科大学)

研究会名	研究代表者	開催予定年月日
1. 体細胞変異株を用いた細胞増殖機構の研究	小山 秀機 (横浜市立大学木原生物学研究所)	4.12.4 ~ 4.12.5
2. 種分化研究における遺伝学の役割	米川 博通 (助東京都臨床医学総合研究所)	4.9.25 ~ 4.9.26
3. ヒドラ散在神経系形成機構	小泉 修 (福岡女子大学家政学部)	4.6.5 ~ 4.6.6
4. 分子系統学と生物分類学の接点	斎藤 成也 (国立遺伝学研究所)	4.8.29 ~ 4.8.30
5. 造血幹細胞増殖分化の機構の学際的研究	仁保 喜之 (九州大学医学部)	5.1.22
6. 作物における F ₁ 品種育成の遺伝学	新城 長有 (琉球大学農学部)	4.11.16 ~ 4.11.17
7. 植物ゲノムの動態	平井 篤志 (名古屋大学農学部)	4.12.11 ~ 4.12.12
8. 高等植物の根機能に関する遺伝情報研究会	谷坂 隆俊 (京都大学農学部)	4.11.25 ~ 4.11.26
9. 地球環境の変動と植物生態遺伝学	島本 義也 (北海道大学農学部)	5.1.13 ~ 5.1.14
10. コンピュータネットワークによる DNA データベースの利用に関する研究	五條堀 孝 (国立遺伝学研究所)	4.9.12 ~ 4.9.13
11. 枯草菌の分子遺伝学と菌株及び DNA の系統保存に関する研究会	吉川 寛 (大阪大学医学部)	4.9.25 ~ 4.9.26

民間等との共同研究 (平成4年度)

研究課題	研究代表者	相手方民間機関
大量 DNA データの分子進化的解析と遺伝子機能領域同定法の研究開発	遺伝情報研究センター 教授 五條堀 孝	富士通株式会社

大学院教育協力

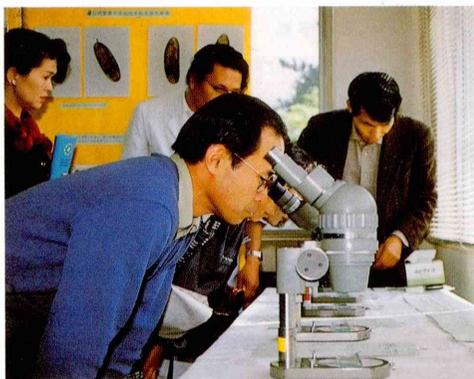
国立遺伝学研究所は、遺伝学に関する総合研究の中核として共同利用に供するとともに、研究者の養成についても各大学の要請に応じて、当該大学の大学院における教育に協力し、学生の研究指導を行うことができる（国立学校設置法第9条の2第3項、大学院設置基準第13条第2項、大学共同利用機関組織運営規則第2条第3項）。

以上の規定をふまえて、昭和59年度から全国の国・公・私立大学の大学院学生を特別研究学生として受け入れている。

行 事

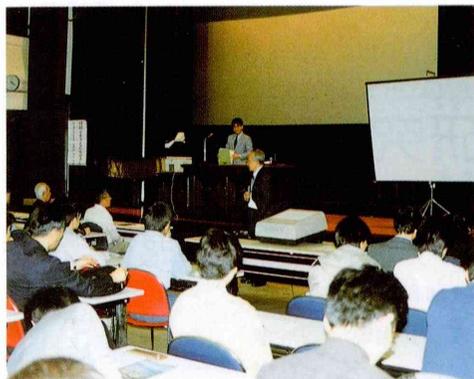
研究所の一般公開

科学技術週間における行事の一環として、各研究部門の展示及び学術講演を行い、学術映画を上映し、研究所の一部を公開して一般の見学に供している。



公開講演会

年1回、秋、東京で本研究所教官を講師として、一般を対象に遺伝学公開講演会を開催している。



研究を促進するための活動

内部交流セミナー

研究所内における研究経過を発表し討論する会で、盛夏の時期を除き毎週金曜日に開かる。

Biological Symposia

外国の研究者が来訪の際に随時開催し、講演討論を行う。

日本遺伝学会三島談話会

研究所及び三島市附近在住の会員で組織され、原則として月1回程度会員による研究成果発表と討論を行う。



内部交流セミナー



Biological Symposia

国際交流

外国人研究者の受入れ

1. 文部省外国人研究員制度による受入れ

氏名	所属	研究課題	受入教官	期間
Tangirala Sudha	インド Vijaya病院	染色体異常の分子遺伝学	変異遺伝研究部門 教授 瀬野 惇二	平3.12.1～4.11.30

2. 日本学術振興会等による受入れ

氏名	所属	研究課題	受入教官	期間
Engelbert Hobmayer	ドイツ ミュンヘン大学	ヒドラ細胞接着分子	発生遺伝研究部門 教授 杉山 勉	平3.3.28～5.3.27
Ashok Kumar	連合王国 エジンバラ大学	RNAポリメラーゼの 分子解剖	分子遺伝研究部門 教授 石浜 明	平4.4.1～4.6.30

海外渡航件数（平成3年度）

国名	件数
アメリカ合衆国	36
ドイツ	9
中国	8
連合王国	4
韓国	3
その他	14
計	74

協定の締結

相手機関名	協定の名称	締結年月日
中国衛生部 蘭州生物製品研究所	中国西北地区における野生小鼠（ハツカネズミ）の 遺伝学的調査と実験動物化の共同研究	平成元.11.1



国際DNAデータバンク実務者会議

総合研究大学院大学生命科学研究科遺伝学専攻の概要

1. 目的

総合研究大学院大学は、大学共同利用機関との緊密な関係及び協力の下に、その優れた研究機能を活用して、高度の、かつ国際的にも開かれた大学院の教育研究を行い、新しい学問分野を開拓するとともに、それぞれの専門分野において学術研究の新しい流れに先導的に対応できる幅広い視野を持つ、創造性豊かな研究者を養成することを目的とする。

2. 教育研究の概要

遺伝学は、生命現象を遺伝子との関連のもとに解明する学問で、分析的であると同時に極めて学際的性格を具えている。この学問は、従来から生物学の一分野にとどまらず、理学・農学・医学・薬学等の隣接分野とも深い関わりをもってきたが、近年の分子レベルにおける遺伝学の目覚ましい発展に伴って、今日では広く生命科学の中核として重要な役割を担うようになった。

本専攻は、母体となる国立遺伝学研究所で進められている分子・細胞・個体・集団の各研究分野及びこれらを基盤とする応用的研究分野において、遺伝学の最先端を学習させるとともに、高度でかつ独創性のある研究題目について、数多くの実験生物系統と、よく整備されたDNAデータベース並びに放射線・アイソトープ装置等をも活用して教育研究をする。

3. 教育研究の特色

遺伝学は独創的・先端的で高度かつ学際的学問であることの特殊性から5大講座に設置する特色ある各授業科目をすべて選択性としています。また、各大講座には演習を設け、積極的な受講を促すとともに研究指導の指針としています。

更に、母体となる国立遺伝学研究所において実施される定期的な研究活動（内部交流セミナー、Biological Symposia等）の参加を義務づけるとともに、国立遺伝学研究所に既存する遺伝実験生物保存研究センター、遺伝情報研究センター、放射線・アイソトープセンター及び実験圃場が持つ機能、施設・設備等を十分に活用できるようになっています。

4. 大講座・教育研究指導分野の内容

大 講 座	指 導 分 野	分 野 の 内 容
分 子 遺 伝 学	分子構造学	遺伝物質の分子構造原理を化学的・物理学的に教育研究する。
	分子機能学	遺伝物質の機能とその制御を分子水準で教育研究する。
	分子形成学	遺伝物質の形成原理と形成機構を分子の水準で教育研究する。
細 胞 遺 伝 学	細胞遺伝学	真核生物の遺伝的組換え機構、細胞増殖機構、遺伝子及び染色体を指標とした種分化の機構、細胞質遺伝因子の構造等を教育研究する。
	哺乳類遺伝学	哺乳動物に特有な遺伝機構を教育研究する。
	微生物遺伝学	原核生物の細胞分裂機構、染色体複製機構、細胞質遺伝因子の遺伝機構等を教育研究する。
個 体 遺 伝 学	発生遺伝学	動物の形態形成機構及びその基盤をなす細胞分裂・分化の機構を教育研究する。
	形質遺伝学	個体発生過程の遺伝的形質の発現機構及び遺伝と環境との相互関係について教育研究する。
	行動遺伝学	動物の行動を制御する遺伝機構を教育研究する。
集 団 遺 伝 学	集団遺伝学	集団の遺伝的構成変化の法則に関して教育研究する。
	進化遺伝学	生物進化の遺伝的機構を表現型と分子の両レベルで教育研究する。
	分子進化学	DNAや蛋白質の構造を理論的かつ実験的に解析し、遺伝子進化の過程と仕組みを教育研究する。
応 用 遺 伝 学	人類遺伝学	代謝異常や腫瘍の発生にかかわる遺伝要因をDNA及び蛋白質分子レベルの変異として実験的に解析し、ヒト・生命現象の分子遺伝学的特性と個体差に関して教育研究する。
	植物遺伝学	有用植物の進化・適応・形質発現に関する遺伝学的研究及び遺伝資源生物の収集・保存の理論と技術に関して教育研究する。

5. 修了要件及び学位の種類

(1) 修了要件

3年以上在学し、本専攻で定めた授業科目について、10単位以上修得し、かつ、必要な研究指導を受けた上、博士論文の審査及び試験に合格することとする。

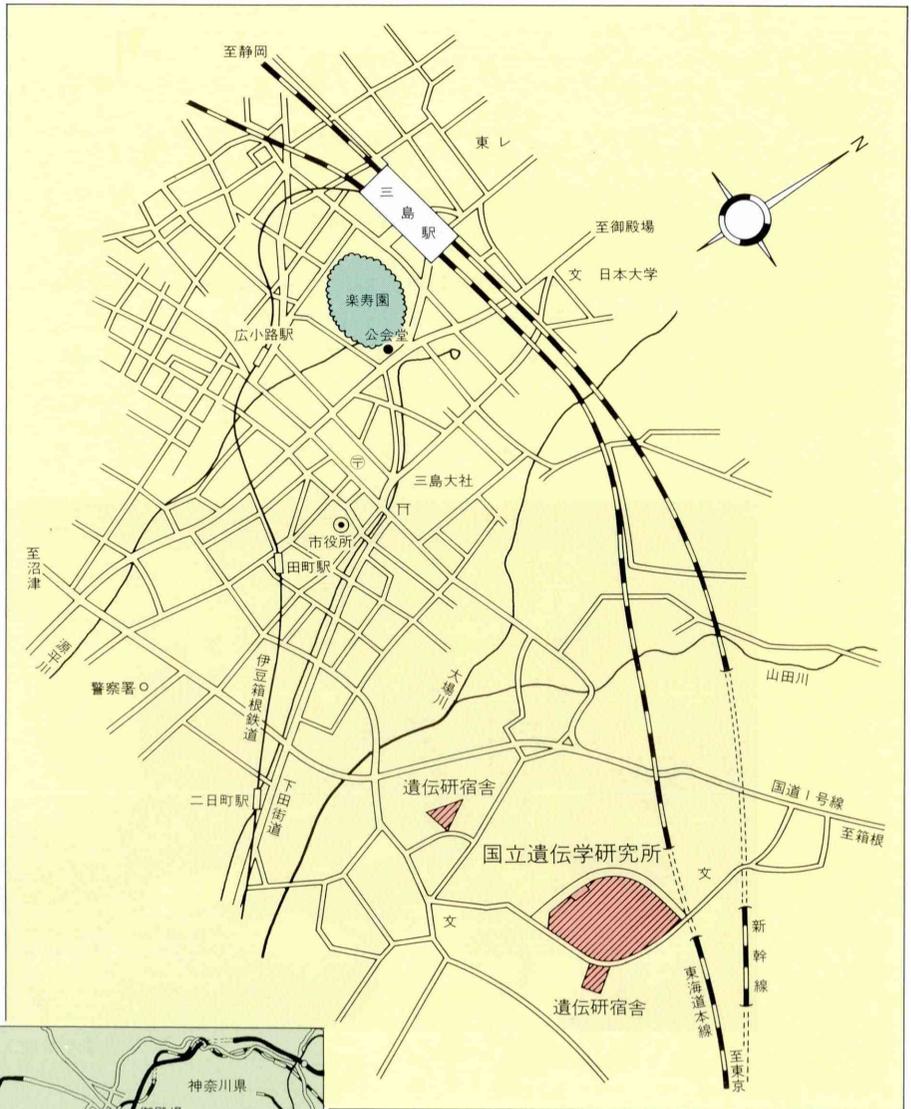
ただし、在学期間に関しては、特に優れた研究業績を上げた者については、短縮することがある。

(2) 学 位

博士（理学）なお、学位論文の内容によっては博士（学術）が授与される。



平成4年度入学式



三島駅からの距離 約4 km
 所要時間 バス約15分
 タクシー約10分



シンボルマークは減数分裂第一中期の分裂像を図案化したもので、「地球の歴史は地層に、生物の歴史は染色体に記されてある」(木原 均、1946)を表している。

国立遺伝学研究所

〒411 静岡県三島市谷田1111
電話 <0559> 75-0771 (代表)
ファクシミリ <0559> 71-3651
75-6240