

文部省

国立遺伝学研究所要覧

NATIONAL INSTITUTE OF GENETICS

1993

ccctgtggag	ccacacccta	gggttggcca	atctactccc	aggagcaggg	agggcaggag
ccagggctgg	gcataaaaagt	cagggcagag	ccatctattg	ctt acatttg	cttctgacac
aactgtgttc	actagcaacc	tcaaacagac	accatggtgc	acctgactcc	tgaggagaag
tctgccgtta	ctgccctgtg	gggcaagggtg	aacgtggatg	aagttggtgg	tgaggccctg
ggcaggttgg	tatcaaggtt	acaagacagg	tttaaggaga	ccaatagaaa	ctgggcatgt
ggagacagag	aagactcttg	ggtttctgat	aggcactgac	tctctctgcc	tattggtcta
ttttcccacc	cttaggctgc	tggtggtcta	cccttggacc	cagaggttct	ttgagtcctt
tggggatctg	tccactcctg	atgctgttat	gggcaaccct	aaggtgaagg	ctcatggcaa
gaaagtgctc	ggtgccttta	gtgatggcct	ggctcacctg	gacaacctca	agggcacctt
tgccacactg	agtgagctgc	actgtgacaa	gctgcacgtg	gatcctgaga	acttcagggt
gagtctatgg	gacccttgat	gttttctttc	cccttctttt	ctatggttaa	gttcatgtca
taggaagggg	agaagtaaca	gggtacagtt	tagaatggga	aacagacgaa	tgattgcatc
agtgtggaag	tctcaggatc	gttttagttt	cttttatttg	ctgttcataa	caattgtttt
cttttgttta	attcttgctt	tctttttttt	tcttctccgc	aatttttact	attatactta
atgccttaac	attgtgtata	acaaaaggaa	atatctctga	gatacattaa	gtaacttaaa
aaaaaacttt	acacagtctg	cctagtacat	tactatattg	aatatatgtg	tgcttatttg
catattcata	atctccctac	tttattttct	tttattttta	attgatacat	aatcattata
catatttatg	ggttaaagtg	taatgtttta	atatgtgtac	acatattgac	caaatcaggg
taattttgca	tttgtaattt	taaaaaatgc	tttcttcttt	taatatactt	ttttgtttat
cttatttcta	atactttccc	taatctcttt	ctttcagggc	aataatgata	caatgtatca
tgccctcttg	caccattcta	aagaataaca	gtgataattt	ctgggttaag	gcaatagcaa
tatttctgca	tataaatatt	tctgcatata	aattgtaact	gatgtaagag	gtttcatatt
gctaatagca	gctacaatcc	agctaccatt	ctgcttttat	tttatggttg	ggataaggct
ggattattct	gagtccaagc	taggcccttt	tgctaateat	gttcatacct	cttatcttcc
tcccacagct	cctgggcaac	gtgctggtct	gtgtgctggc	ccatcacttt	ggcaaagaat
tcaccccacc	agtgcaggct	gcctatcaga	aagtgggtggc	tggtgtggct	aatgccctgg
cccacaagta	tcactaagct	cgctttcttg	ctgtccaatt	tctattaaag	gttcctttgt
tcctaagtc	caactactaa	actgggggat	attatgaagg	gccttgagca	tctggattct
gcctaataaa	aaacatttat	tttcattgca	atgatgtatt	taaattattt	ctgaatattt
tactaaaaag	ggaatgtggg	aggtcagtgc	atttaaaaca	taaagaaatg	atgagctggt
caaaccctgg	gaaaatacac	tatatcttaa	actccatgaa	agaagggtgag	gctgcaacca
gctaatgcac	attggcaaca	gcccctgatg	cctatgcctt	attcatccct	cagaaaagga
ttctttaga	ggcttgattt	gcaggttaaa	gttttgctat	gctgtatttt	acattactta
ttgttttagc	tgteectcatg	aatgtctttt	cactaaccat	ttgcttatcc	tgcatctctc
tcagccttga	ct				



目次

はじめに	2
沿革	3
概要	5
組織	6
評議員会及び運営協議会	10
研究所全景	12
予算	14
研究のねらいと研究活動	15
科学研究費補助金	45
共同研究	47
民間等との共同研究	50
大学院教育協力	51
行事	51
研究を促進するための活動	52
国際交流	53
総合研究大学院大学生命科学研究科 遺伝学専攻の概要	55
位置図	58

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44年になりました。9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、生命科学研究所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。

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図って参りましたが、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（哺乳動物・無脊椎・植物・微生物・遺伝資源の保存研究室），遺伝情報研究センター（構造・組換えの2研究室），実験圃場新設
- 昭和60年4月1日 生理遺伝及び応用遺伝の2客員研究部門増設
遺伝情報研究センター（合成研究室・遺伝情報分析研究室）新設
- 昭和62年1月12日 日本DNAデータバンク稼働
- 昭和63年4月8日 放射線・アイソトープセンター新設
遺伝情報研究センター（遺伝子ライブラリー研究室）新設
- 平成元年10月1日 富澤純一第6代所長就任
- 平成5年4月1日 遺伝実験生物保存研究センター（発酵工学研究室）新設



資料展示室

【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。

【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。

【国際交流】

遺伝学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。

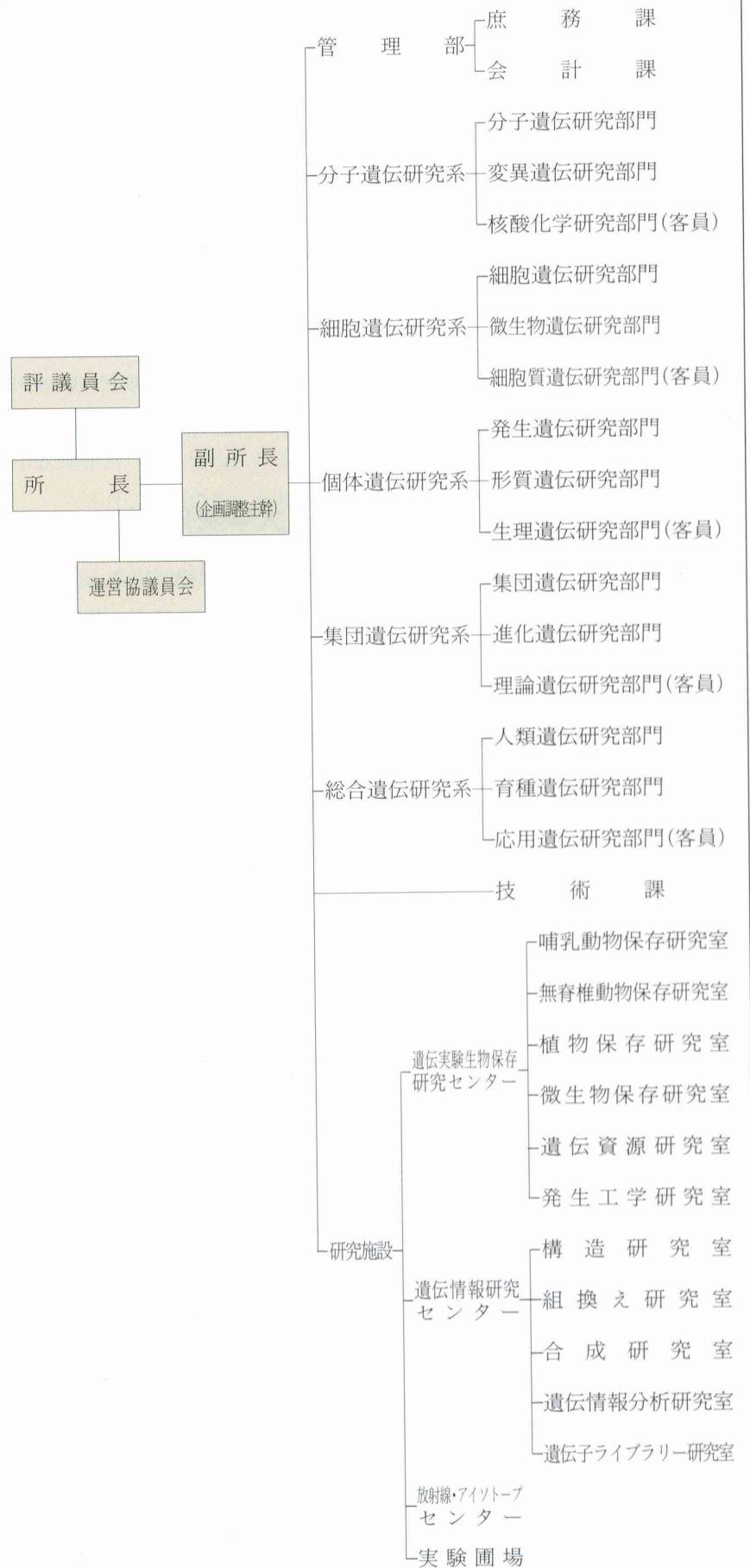


250余種に及んで系統保存している八重桜並木

組 織

【機構図】

(平成5年6月1日現在)



【定員表】 (平成5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	14(5)	19(5)	33	67(10)	18	24	109(10)

(注) () 内の数は各員研究部門の教官数 (外数) である。

【職員等】 (平成5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
助手 岸 努

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)
客員助教授 北上 始
(福富士通研究所情報処理研究部門研究員)

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 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

助教授(併) 安田 秀世
(金沢大学薬学部)
客員助教授 米川 博通
(財団法人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

教授 廣瀬 進
助教授 村上 昭雄
助手 湊 清
助手 山田 正明

生理遺伝客員研究部門

教授(併) 半田 宏
(東京工業大学生命理工学部)
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 教 授 田 嶋 文 生
助 手 高 野 敏 行

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)
助 教 授(併) 館 田 英 典
(九州大学理学部)

進化遺伝研究部門

教 授 池 村 淑 道
助 教 授 斎 藤 成 也
助 手 森 山 悦 子
助 手 松 本 健 一

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

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)

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

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

助 教 授 城 石 俊 彦
助 手 宮 下 信 泉

無脊椎動物保存研究室

助 手 上 田 均

植物保存研究室(併) 佐野芳雄

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 館 野 義 男

発生工学研究室

教 授 中 辻 憲 夫
助 手 白 吉 安 昭

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 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

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

管理部

管理部長 海老原 昭

庶務課

課長 宮地 秀夫
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 堀田 昭久
共同研究係長 山本 勉
情報資料係長 櫻田 芳男

会計課

課長 結城 義久
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 佐藤 隆司
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

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

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

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
- 井 口 洋 夫
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
東京都立大学名誉教授
- 菅 野 晴 夫
財団法人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
財団法人DNA研究所副理事長
- 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
広島大学名誉教授
- ◎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
財団法人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
近畿大学教授 (生物理工学部)
- 由 良 隆
HSP研究所長
- 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 財団法人生命誌研究館特別研究員
- 岡 田 益 吉 筑波大学教授 (生物科学系)
- 竹 内 拓 司 財団法人クラスター・コア日本遺伝子研究所長
- 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 奈良先端科学技術大学院大学教授 (バイオサイエンス研究科長)

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
DNAデータ研究利用委員会	瀬野悍二
組換えDNA実験安全委員会	瀬野悍二
予算委員会	今村孝
施設整備委員会	堀内賢介
将来計画委員会	瀬野悍二
セミナー委員会	小原雄治
図書委員会	池村淑道
共通機器委員会	沖野啓子 (森島)
電子計算機委員会	五條堀孝
放射線安全委員会	瀬野悍二
発明委員会	今村孝
データベース等取扱い委員会	原田朋子 (太田)
動物実験委員会	森脇和郎
排水等処理委員会	杉山勉
実験圃場運営委員会	佐野芳雄
宿舎委員会	中辻憲夫
厚生安全委員会	海老原昭
防火管理委員会	海老原昭
宿泊施設利用委員会	今村孝

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	
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）
土井良宏	九州大学教授（農学部）
野村達次	（勸）実験動物中央研究所長
山村研一	熊本大学教授（医学部）
由良隆	HSP研究所長
吉川寛	奈良先端科学技術大学院大学教授 (バイオサイエンス研究科長)
渡辺隆夫	京都工芸繊維大学教授 (繊維学部)

DNAデータ研究利用委員会

所外委員（五十音順）

伊藤彬	（勸）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）
榊佳之	東京大学教授 (医科学研究所)
舘田英典	九州大学助教授（理学部）
長谷川政美	統計数理研究所教授 (予測制御研究系)
堀寛	名古屋大学教授（理学部）
松原謙一	大阪大学教授 (細胞生体工学センター)
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	105,312㎡
内訳	
研究所敷地	96,069㎡
宿舎敷地	9,243㎡
建物総面積(建面積)	11,775㎡
延面積	20,091㎡
(平成5年6月1日現在)	

- ① 本館
- ② 職員集会所
- ③ 放射線実験室
- ④ 第2ネズミ飼育室
- ⑤ 特別畜室
- ⑥ 研修室
- ⑦ 孵卵育雛舎
- ⑧ ファイロン温室
- ⑨ ファイロン温室
- ⑩ 堆肥舎
- ⑪ 麦温室
- ⑫ 図書館
- ⑬ 第1ネズミ飼育室
- ⑭ 内部照射実験棟
- ⑮ 桑温室
- ⑯ 遺伝実験生物保存研究棟
- ⑰ 機械棟
- ⑱ 廃棄物保管庫
- ⑲ ネズミ附属棟
- ⑳ カイコ附属棟
- ㉑ 微生物附属棟
- ㉒ 排水処理棟
- ㉓ 組換えDNA実験棟
- ㉔ 野生イネ温室
- ㉕ 動物飼育装置上屋
- ㉖ 実験圃場管理棟
- ㉗ 日長調節装置
- ㉘ 遺伝情報研究センター棟
- ㉙ 隔離温室
- ㉚ 水田温室
- ㉛ 桑温室
- ㉜ R1実験棟
- ㉝ 中央機械室
- ㉞ ベレット温室
- ㉟ 研究員宿泊施設

予 算

【歳出予算】

平成5年度当初 (項) 研究所

(単位：千円)

人	件	費	722,434
物	件	費	675,238
合		計	1,397,672

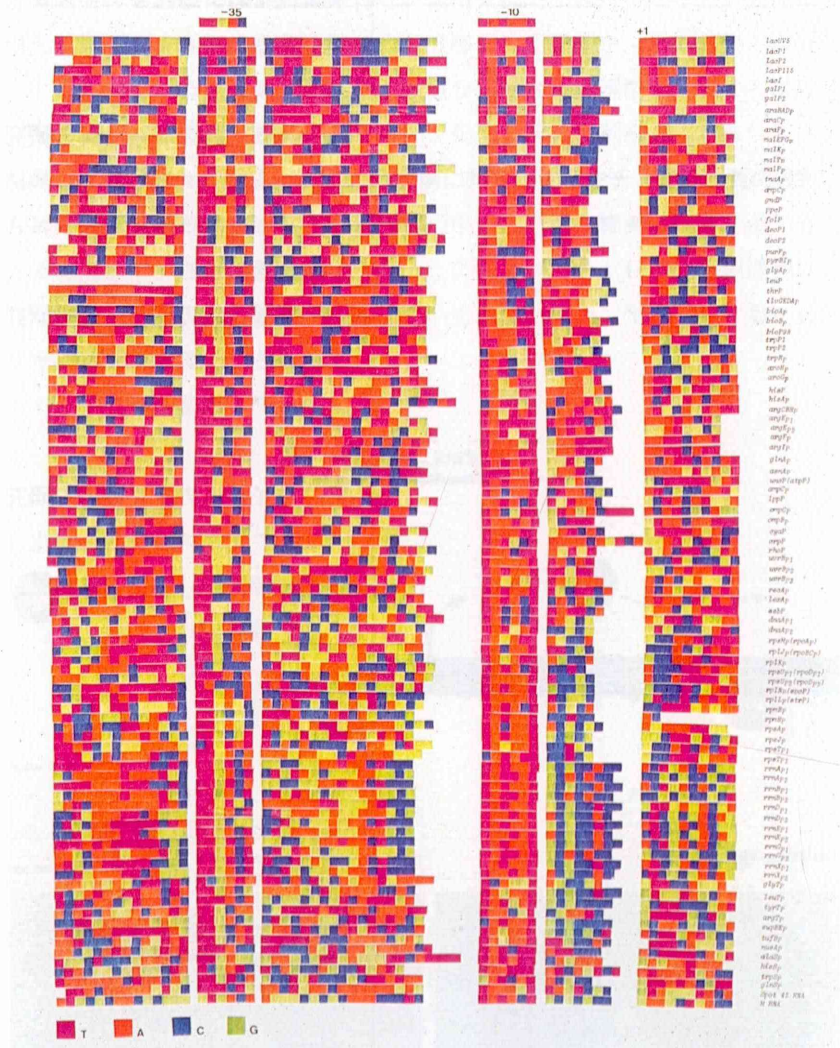


アマギヨシノ (天城吉野)
P. Xyedoensis Matsumura cv. Amagi-yoshino
「オオシマザクラ」を母に「エドヒガン」を父にした交配種 (1957)、竹中要博士は「染井吉野の起源」の研究で多くの材料を提供してくれた伊豆半島の中央にある天城山の名をとり、またこの研究に関連した桜であることを残すために語尾に「吉野」をつけて命名した。樹勢はよく、枝条は横に広がりやや下がり気味となる。「ソメイヨシノ」とやや似たところがある。若芽は淡い茶色、葉は「ソメイヨシノ」よりやや大きく、「オオシマザクラ」形を示す。

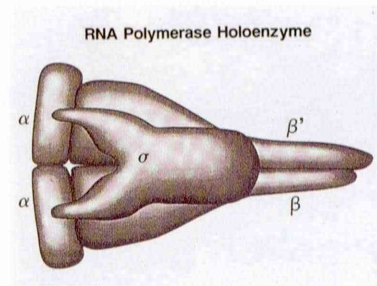
研究のねらいと研究活動

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。

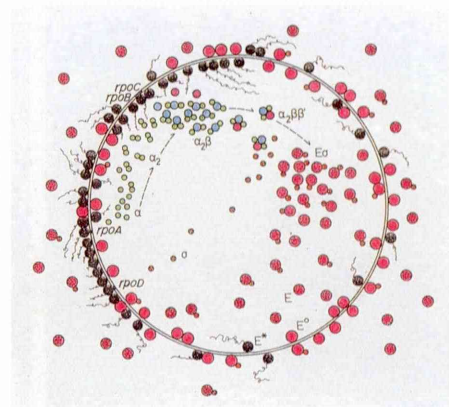
分子遺伝研究系



転写開始の信号プロモーターには、RNA合成開始点上流域DNAに共通構造がある。



大腸菌RNAポリメラーゼの分子構造模型。



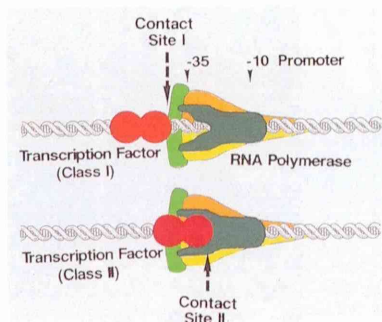
大腸菌RNAポリメラーゼの構造成機構。

【分子遺伝研究部門】

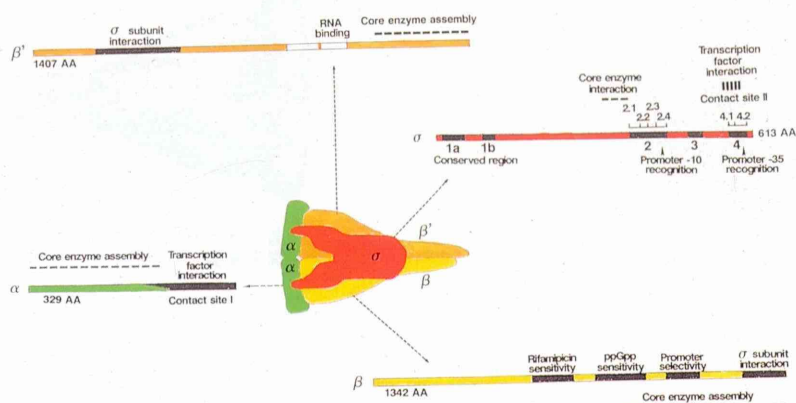
遺伝子は、細菌（大腸菌）でも数千、ヒトではその100~1,000倍もあると推定されている。ところが、そのうちで普段発現されているものは、大腸菌では数10%以下、ヒトでは、1%以下である。生物が、その生活環境に応じて、どの遺伝子を、どれ程に発現させるかを決める調節のしくみを分子の水準で理解することは、分子遺伝学の究極の目標のひとつである。分子遺伝研究部門では、遺伝子の発現が主に、遺伝子が転写されてRNAができる段階で調節されることに注目し、転写とその制御の機構の解明を目的とした研究を行っている。

- (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って転写が制御される機構の解明を目標として、大腸菌のRNAポリメラーゼの分子解剖や、RNAポリメラーゼと転写因子の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、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、サブユニット混合物から酵素を再構成する試みが行われている。
- (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。

分子遺伝研究系



転写因子はRNAポリメラーゼを活性化する。RNAポリメラーゼ分子の上に2ヶ所、転写因子との接触部位が同定された。



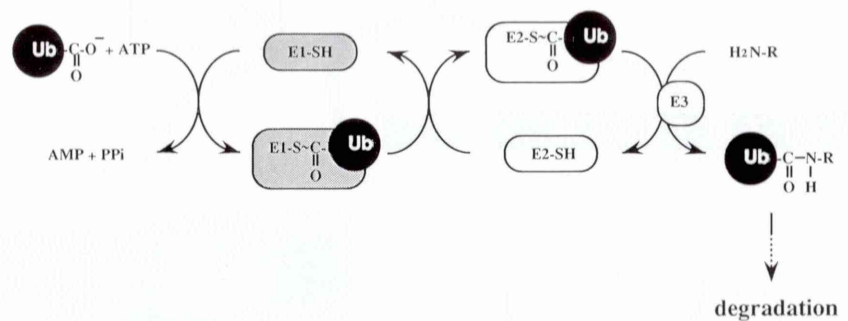
RNAポリメラーゼの構成部品サブユニットごとに、機能地図がつけられている。

【変異遺伝研究部門】

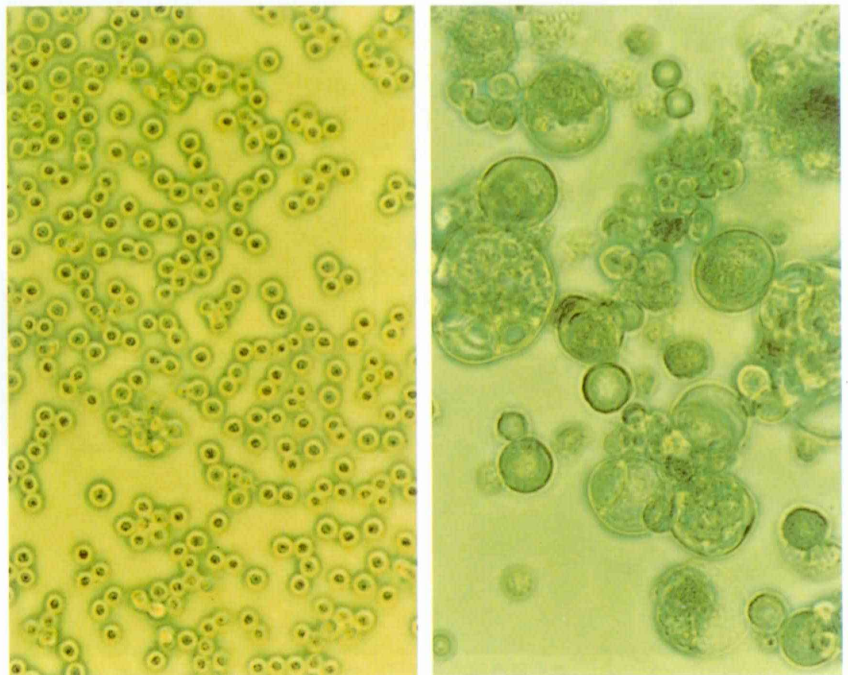
当研究部門では、動物培養細胞や酵母を材料に分子生物学の方法論を用い、細胞の増殖機構の研究を、細胞周期や染色体の構造と機能との関連で進めている。

- (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。

Ubiquitin pathway



分子遺伝研究系

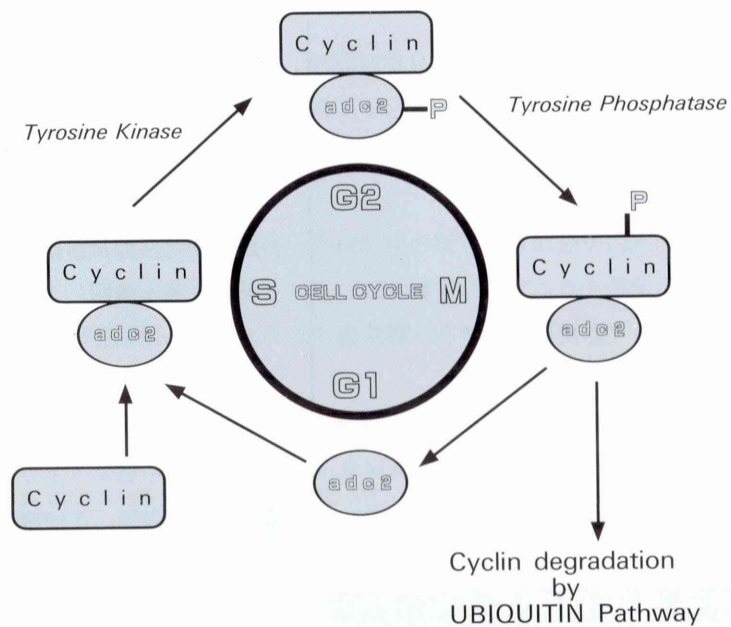


ユビキチン系の乱れにより細胞周期と染色体の異常をきたした動物培養細胞(右)とその正常細胞(E)

【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

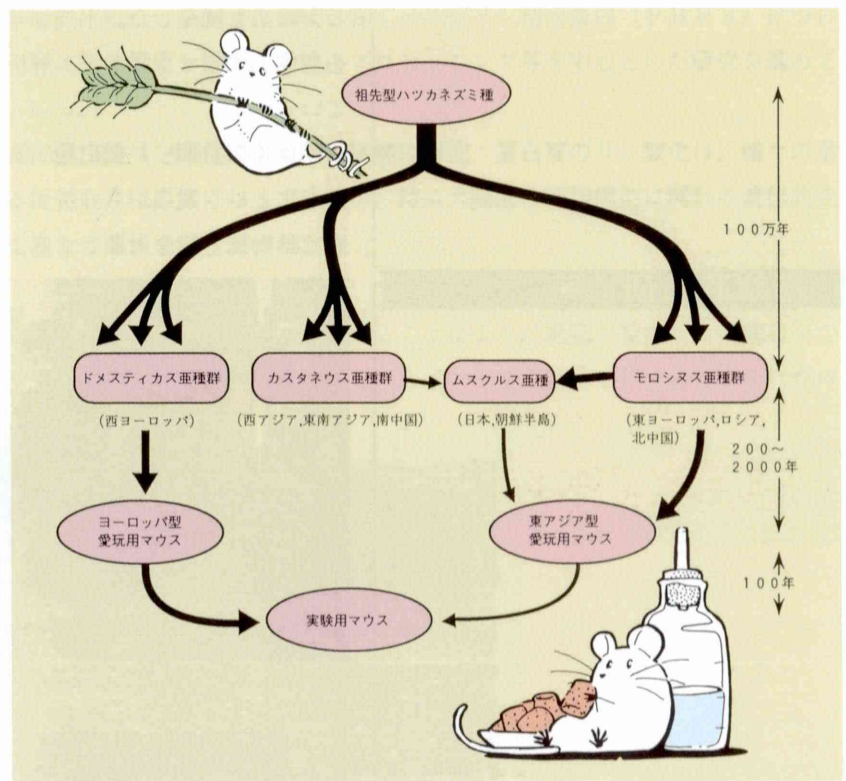
分子遺伝研究系



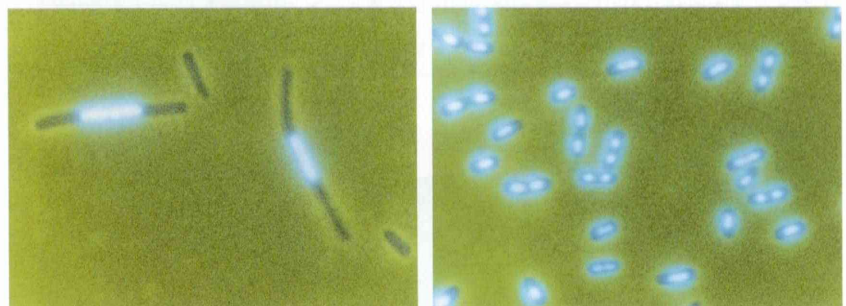
研究者

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-および分子-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およびこのマウスにみられる高頻度突然変異生成の分子機構の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、ホルモン代謝系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、マウスゲノム解析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、大腸菌およ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。



ハツカネズミ亜種の遺伝学的分化と実験用マウスの由来



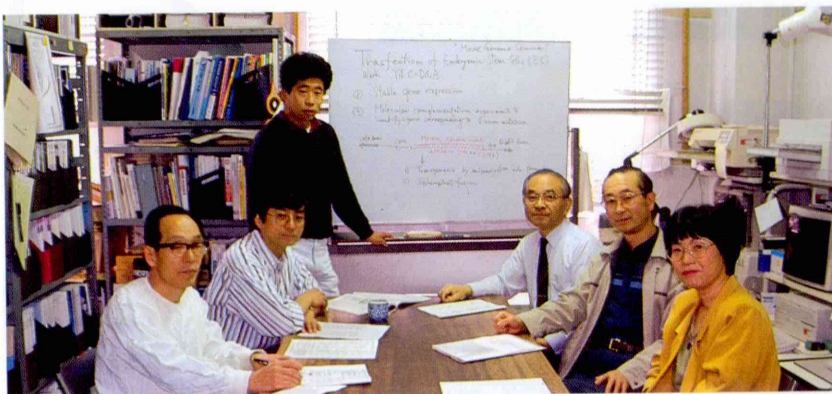
大腸菌の変異株(左)と野生株(右)の蛍光顕微鏡写真
DNAと結合する蛍光色素 DAPI で染色したもの。細胞の中で青白く光って見えるのが染色体。左側の写真は、複製した染色体を娘細胞へうまく分配できなくなる温度感受性変異株 (par変異株) で、高温では大きな染色体をもつ細長い細胞となり、同時に染色体を失った細胞を放出する。この変異株は、“大腸菌のミュータントバンク” から見出された。

【細胞遺伝研究部門】

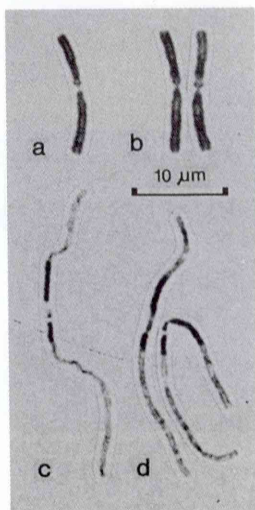
この研究部門では、東アジアを中心に世界各地から採集した野生マウスを対象にその種分化の過程を遺伝学的な手法、特に染色体C-バンドパターン、生化学的遺伝変異、各種遺伝子DNAの一次構造などから解析する研究を行い、この結果、主要な野生マウス亜種および実験用マウスの遺伝学的な位置づけを明らかにした。実験用マウスと進化的に隔たりのある、アジア産野生マウス亜種の変異に富む遺伝子に立脚した独自の研究として、アジア地域におけるマウス亜種の分布と遺伝学的分化の探索、野生由来H-2導入系統における遺伝的組換えホット・スポットおよび高頻度突然変異生成の分子機構の解明、DNAレベルにおけるヘモグロビン遺伝子、リボゾーム遺伝子等の分析を進めている。一方、発癌に対する遺伝要因の研究も、哺乳動物保存研究室と共同して進めており、特に、マウス肺腫瘍を対象に発癌を抑制する野生由来遺伝子を探索している。この研究のために、野生由来系統を用いたりコンピナント・インブレッド系統も育成した。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トランスジェニックの手法を用いて復帰させる実験系も開発した。平成3年度から、マウスNa11染色体遺伝子マッピングを主体とするマウスゲノム解析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ほかに、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。

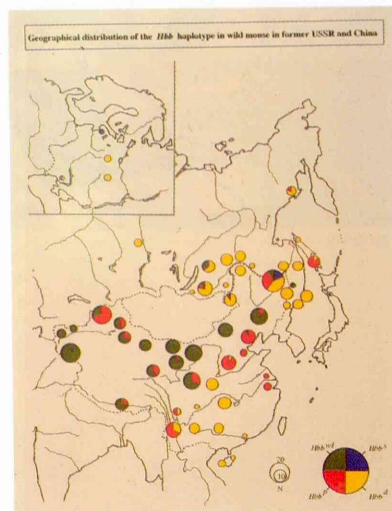
細胞遺伝研究系



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



東アジアにおけるマウスヘモグロビンβ鎖遺伝子変異の分布

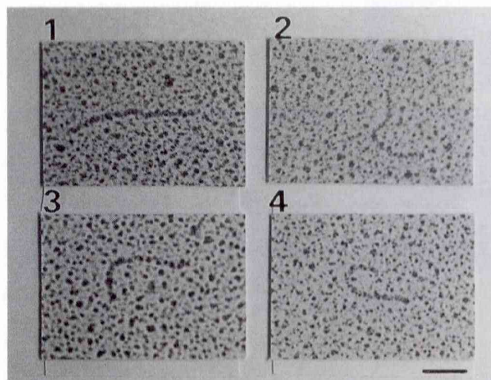
【微生物遺伝研究部門】

微生物遺伝研究部門では、DNA複製および細胞分裂の機構の研究を、遺伝学的、生化学的、ならびに組換えDNAなどの手法によって研究している。この目的のために、遺伝学的にも生化学的にも最も詳しく調べられている大腸菌とそのファージを用いて、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：DNA複製の調節は複製開始反応の制御を通じて行われるが、このとき重要な役割をはたすのは、DNA上の複製開始領域と種々の蛋白質間の特異的な相互作用である。これらの反応を研究するためのモデル系として大腸菌の繊維状ファージを用い、その遺伝的変異体を利用した解析を進めている。
- (2) 大腸菌染色体の複製に関する研究：大腸菌の染色体複製は、“oriC”とよばれる245塩基対のDNA領域に依存し、ここから複製が開始される。この反応を制御する蛋白質因子の同定およびそれらの作用機構の研究を行っている。
- (3) 細胞分裂に関する研究：大腸菌の細胞分裂に関わる遺伝子とその産物、特に、細胞分裂隔壁の形成に働くペニシリン結合蛋白（PBP3）について、その構造と機能、発現、プロセッシング等を中心とした研究を進めている。
- (4) 蛋白質リン酸化による制御機構の研究：蛋白質のリン酸化は、種々の遺伝子の発現調節に与っているが、特に大腸菌の細胞周期に関わる遺伝的変異との関係を調べている。

細胞遺伝研究系

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



繊維状ファージのDNA複製にあずかる蛋白質が複製開始領域のDNAに結合することにより、折れ曲がったDNA構造が形成される。その電子顕微鏡写真。

1. 蛋白質を加えないコントロール。(まっすぐなDNAが認められる) 2. 複製促進蛋白質が結合。 3. 複製開始蛋白質が2分子結合。 4. 複製開始蛋白質が4分子結合。(下部の横棒は0.1 μ)

研究者

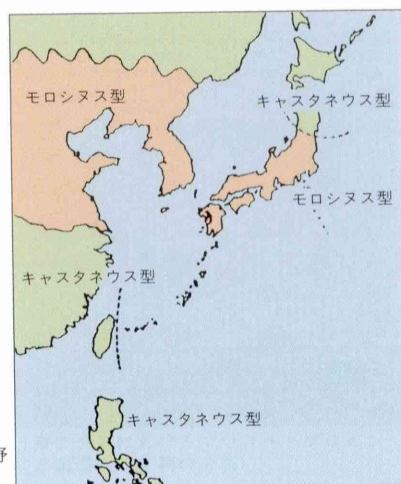


【細胞質遺伝客員研究部門】

当研究部門では、ミトコンドリアDNA (mtDNA) を材料にして、マウス (*Mus musculus*) の野生集団の構造やその進化 (亜種分化) を、分子進化学的方法を用いて研究している。これまでに mtDNA 多型はマウス亜種を同定する有力な標識として利用できることが明らかになり、これをもとに、まず実験用マウスがどのような経緯で作成されたかを調べた。その結果、実験用マウスは、ドメスティカス (*M. m. domesticus*) と呼ばれる欧州産の亜種が核になり、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ことが明らかになった。このことはアジア産マウスが、現存の実験用マウスを改良するとき、有用な遺伝子資源として利用できることを示している。そのためには、まずアジア産マウスが実験用マウスに対しどの程度遺伝的に隔たっているのかを知る必要があった。

そこで、わが国をはじめ、極東、中東、東南アジアの各地域でマウスを採集し、mtDNA 多型を指標にしてそれらの遺伝学的特性を調査した。その結果、1) 上記の地域にはムスクルス (*M. m. musculus*) とキャストネウス (*M. m. castaneus*) と呼ばれる2種類の亜種が主に棲息しており、それらはドメスティクスと分岐年代にしてそれぞれおよそ百万年ほど隔たっていることが分かった。さらに、2) 従来独立した亜種とされていた日本のモロシヌス (*M. m. molossinus*) は、ムスクルスとキャストネウスの“雑種”を起源として成立したことが分かった。しかも、図に示したような分布のパターンから、日本列島にはキャストネウスが先に渡来し、その後ムスクルスが侵入したものと考えられた。また、これら両者とも共生型マウスと呼ばれ、ヒトについて分布を広げる性質を持つことから、これら両者のマウスはヒトの移動に伴って日本列島に移ってきた可能性の強いことが示唆された (日本産マウス雑種起源説)。

この仮説をより詳細に検討するため、今までに採集した千数百頭のマウスの中から代表的なもの、約90頭について、mtDNA の複製開始点 (D-loop 領域) の塩基配列 (約1 キロ塩基対) を決定し、その領域に存在する変異を詳細に比較検討した。その結果、1) 日本産のムスクルス型 mtDNA を持つ集団は、韓国、中国北部、ロシア極東地方の集団に非常に近く、また、2) キャスタネウス型 mtDNA を持つ集団は東南アジアのマウスに近いことが分かった。この結果は、日本人起源説のうちの「渡來說」に良く合致し、しかも、ヒトの mtDNA による最近の研究「縄文人の mtDNA は東南アジア人のものに近い」という人類遺伝研究部門寶来の結果とも矛盾しない。それゆえ、日本産野生マウス集団の成立と日本人集団の成立とは深くかかわっており、「マウスはヒトの動きを反映する“鏡”である。」ということが結論された。



mt DNAからみた日本産野生マウスの集団

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け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、ヒドラの散在神経系ネットワークの形式機構の研究を行っている。

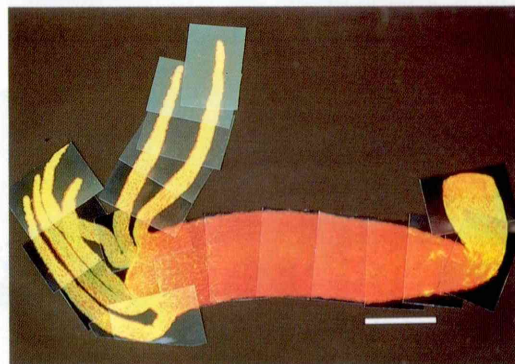


器官形成を完了したカイコの胚
(体長：約2mm)

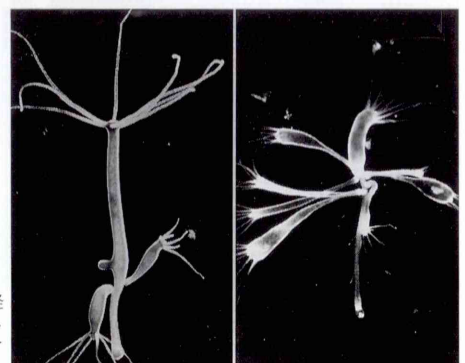
個体遺伝研究系



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。



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。



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에서도最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多くある。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進めている。

個体遺伝研究系

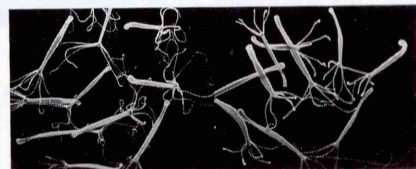


水草に付着している
日本産チクビヒドラ



ヒドラ実験室

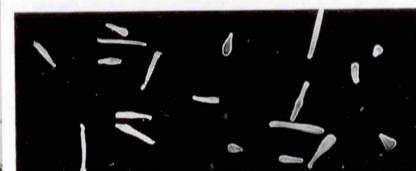
正常再生を行う
野生系統ヒドラ 頭部再生のでき
ない突然変異系
統ヒドラ



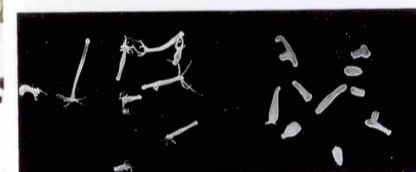
切断前



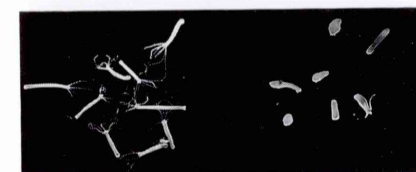
切断直後



再生 2 日



再生 4 日



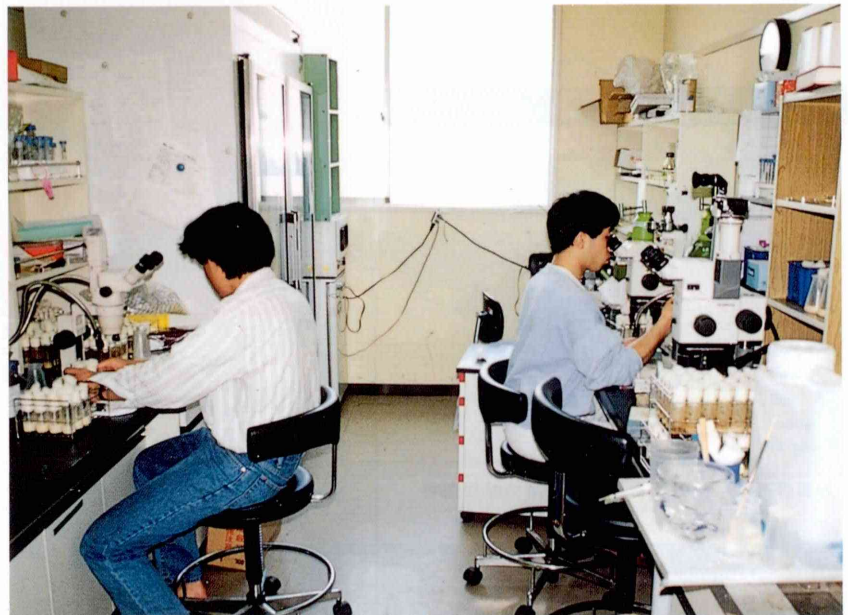
再生 6 日

【形質遺伝研究部門】

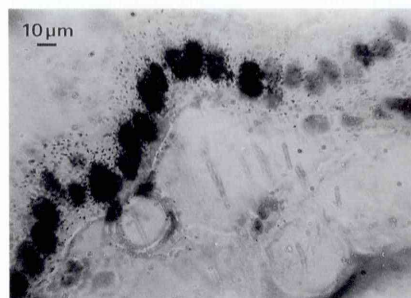
高等生物の体は1個の受精卵から始まり、これが細胞分裂を繰り返し多くの細胞となり、生長とともに種々の異なった組織や器官に分化する。形質遺伝研究部門では、1個の細胞からそのような特定な機能や形態を持った組織への分化がどのような仕組みで起こるか、それら種々の形質は胚発生過程のいつ・どこで発現するか、また、生長・変態・加齢・生殖などの後胚発生過程はどのような遺伝子系によって支配されているかを究明するために、研究が進められている。

- (1) 遺伝子発現制御の研究：発生と細胞分化に伴う遺伝子発現の制御機構を解明する目的で、DNAの高次構造やホルモンが遺伝子発現に果たす役割についてショウジョウバエ、カイコ、エリ蚕を用いて研究している。
- (2) 生活史関連形質の遺伝学的研究：カイコでは胚休眠性、脱皮回数、寿命などが異なる多くの系統が知られている。これらの諸系統が、光周期・気温などの外的情報とどのように係わりながら形成されて来たかについて遺伝学的解析を進めている。
- (3) 発生における母性効果の遺伝学的研究：初期発生において、卵の細胞質が発生・分化に重要な役割を果たしている。ショウジョウバエを用い、母性効果について遺伝学的研究を進めている。

個体遺伝研究系



研究者



エリ蚕4齢幼虫表皮細胞での同調的なH³-メチルジンの取り込み



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

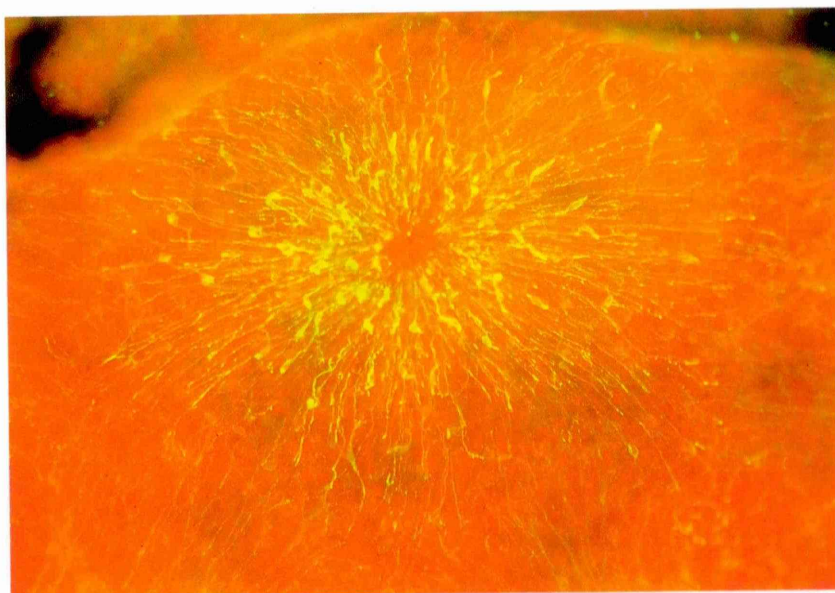
【生理遺伝客員研究部門】

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）。

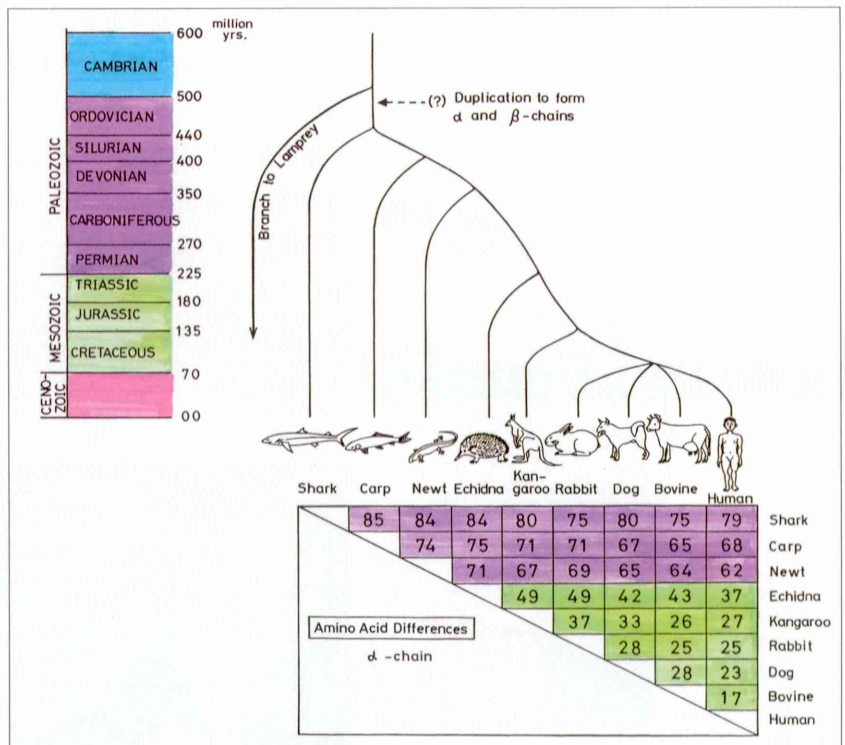
このようなヒドラ散在神経系の形成機構を明らかにすることを目的として、当部門は発生遺伝研究部門と共同研究を進めている。



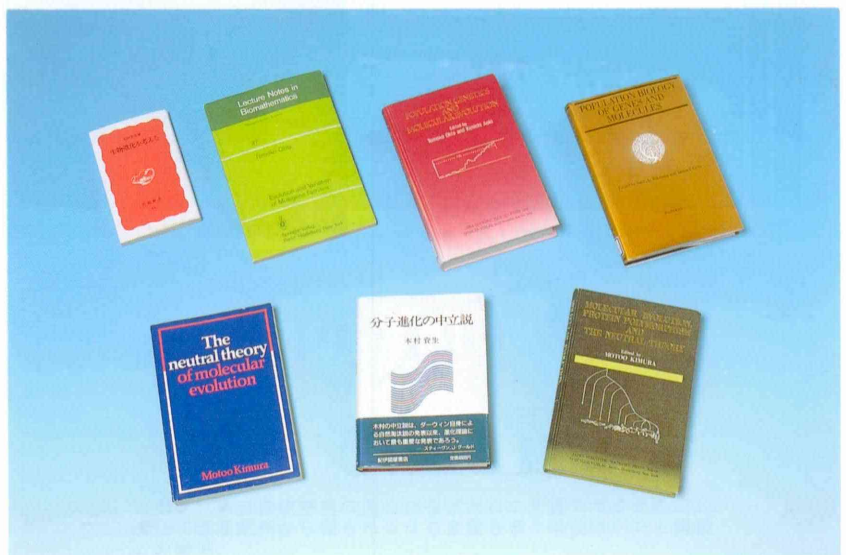
間接蛍光抗体法で染色したヒドロ口丘組織の神経系。中央開口部周辺にある多数の感覚神経細胞から神経突起が放射状に広がりネットワークを形成している。

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、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理解するための理論的研究を行っている。特にDNA塩基配列の比較による各種理論モデルの検証やDNA多型の統計分析に重点をおいている。
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。特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】

一つ一つの個体ではなく、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一つの集団をなし、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なってくる。DNA塩基配列の比較分析により各種理論モデルの検証を行っている。また、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。

集団遺伝研究系



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解析技術の進歩とともに、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。

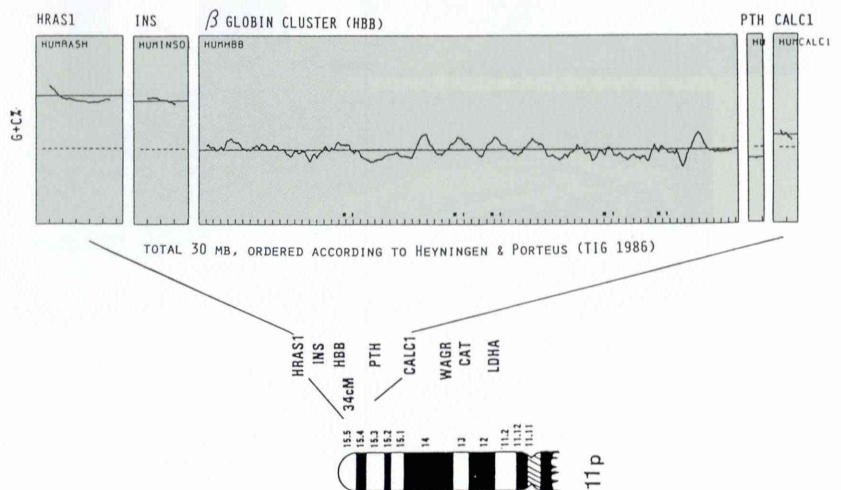
主要な研究テーマとしては以下のものがある。

- (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学的解析を行っている。



研究者

集団遺伝研究系



ヒト第11番染色体短腕に見られる巨大GC含量モザイクの例。
遺伝子塩基配列から得られるGC含量分布と染色体バンド構造との関係。

【理論遺伝客員研究部門】

当研究部門では、分子の進化のメカニズムを探究する目的で、DNA塩基配列の比較・解析および理論集団遺伝学の研究を進めている。分子進化の中立説は、研究の展開を計る上で指導的原理を与えるものとして重要な役割をしているが、新しいデータと照らしてその一般性を検証するも大切な課題である。特に、分子レベルの変異のうち自然選択に中立な変異の割合の推定をすることは、分子の機能的な重要性と関連して多角的に行っている。現在研究対象としている分子は、主要組織適合性抗原遺伝子群とミトコンドリアDNAである。前者は、脊椎動物の免疫系において自己・非自己の決定にあずかる主要なレセプター分子であり、その起源と進化を明らかにする研究を進めている。また、分子の進化から生物の進化を探究することも主要な課題である。特に、人類の歴史を遺伝学観点から明らかにする目的で、分子人類学的な研究を展開している。

集団遺伝研究系

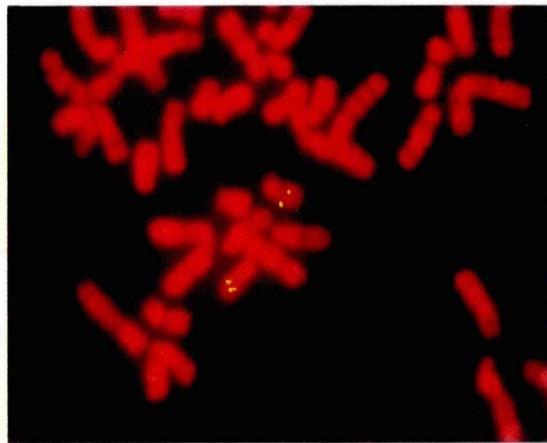


高畑がオーガナイズした第17回谷ロシンポジウム



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1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。他の3冊は、木村博士が受賞した第4回国際生物学賞記念シンポジウム、第17回谷ロシンポジウム等の機会に高畑が、J. F. Crow博士、木村博士およびA. G. Clark博士と共編した論文集である。

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。特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、特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。

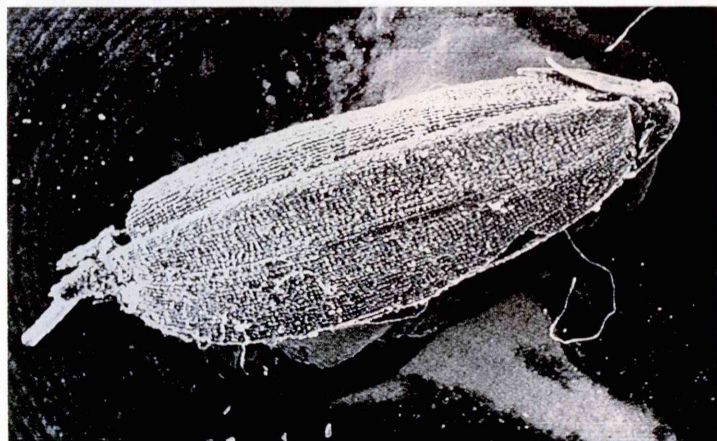


*in situ hybridization*法により、第21番染色体長腕にマップされたDNA断片は、黄色蛍光スポットとして認識される。

総合遺伝研究系



研究者



中国・河姆渡遺跡から出土した、約7,000年前の野生イネと思われる炭化米。保存状態の良い古代米からはDNA解析も可能。

【人類遺伝研究部門】

この部門では、ヒトの正常なら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。

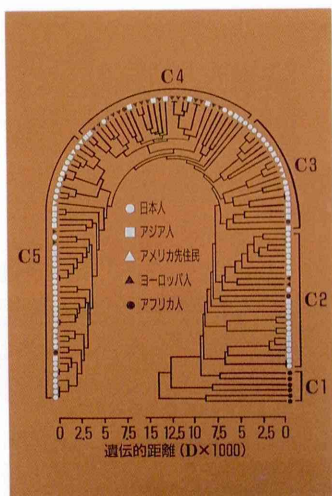
例えば、新生児150人に1人は何らかの染色体異常を持っており、その多くは精神的・身体的な発達の遅れを伴ってくる。また、単一座位の遺伝子異常による遺伝病の種類は3,000を超えるが、一生の間にそのどれかの異常を発現するリスクのあるものは新生児コーホートの約1%と推定される。大多数の染色体異常と優性遺伝病の一部は、健康な親の配偶子に生じた新生突然変異によることが判っている。本研究部門では、各種のがん、白血病細胞や網膜芽細胞種などを手掛かりとして、こうした突然変異と細胞の増殖・分化の調節異常並びに腫瘍化の成因についての分子遺伝学研究を進めている。

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。世界中のいろいろ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、日本人に特に多い（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。

総合遺伝研究系



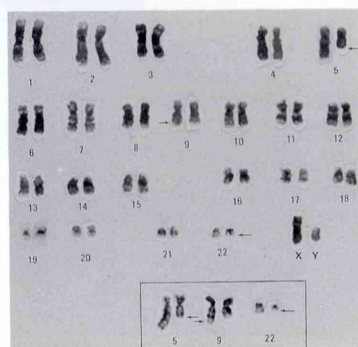
128人の現代人のクラスター分類とその地理的分布

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 (54%)	アメリカ
C1	5	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

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。



研究者



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。

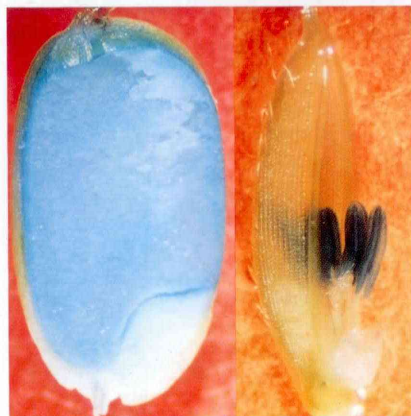
【育種遺伝研究部門】

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とり組んでいる。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もちろん、植物育種学にとっても重要な基盤となるものである。

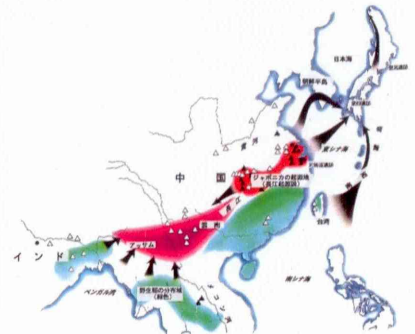
- (1) **イネの起源・系統分化**——世界各地から収集され当研究所で保存されている多数の野生および栽培イネ系統を用い、種々の遺伝的マーカーの変異解析を通じて、栽培化や品種分化の過程を明らかにすることをめざしている。また生物考古学的手法による進化研究も始められた。
- (2) **小進化の機構**——生殖的隔離の遺伝的基礎、自然選択の作用、適応的遺伝子の単離・同定など、小進化の要因解明をめざした実験的研究を進めている。他方、野生イネ自生地の継続的調査に基づく集団動態の生態遺伝学的研究も進行中である。
- (3) **形態形成の遺伝的制御**——形態形成を遺伝子レベルで理解するには鍵となる遺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。

総合遺伝研究系

短日圃場のイネを見ながら



トランジェニックイネにおける *wx* 座遺伝子のプロモーター領域の働き。このプロモーター領域は胚乳と葯（花粉）で組織特異的に機能している。

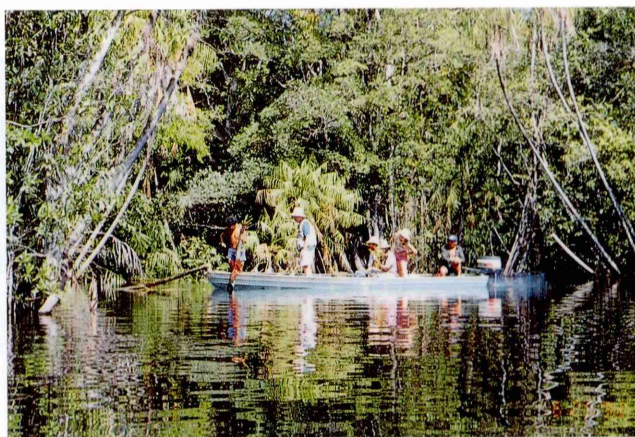


遺伝学的証拠から考えたイネの起源と伝播に関する仮説

【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関わる核タンパク質遺伝子のクローニングを進めている。
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、野生イネや栽培イネ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。

総合遺伝研究系



イネ自然集団の野外研究。
上：アマゾン河で野生イネを探す。 下：ブータンの山地の水田で変異調査。

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・発生工学の6研究室があり、スタッフはそれぞれの材料の重要な遺伝子とその働きに関する基礎的研究を進めるとともに、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っている。



遺伝実験生物保存研究センター

遺伝実験生物保存研究センター



アマヤドリ (雨宿)
Prunus lannesiana Wils. cv. Amayadori
樹形は傘状、「白妙」に似た青芽の八重咲き。小花柄長く、無毛。つぼみは外側が淡紅色を帯びる。オオシマザクラ系。開花と共に花柄が伸び葉かげに垂れて咲く形が、あたかも葉かげに雨をよけているようにみえるのでこの名がある。

【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レッド系統、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ともに、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。

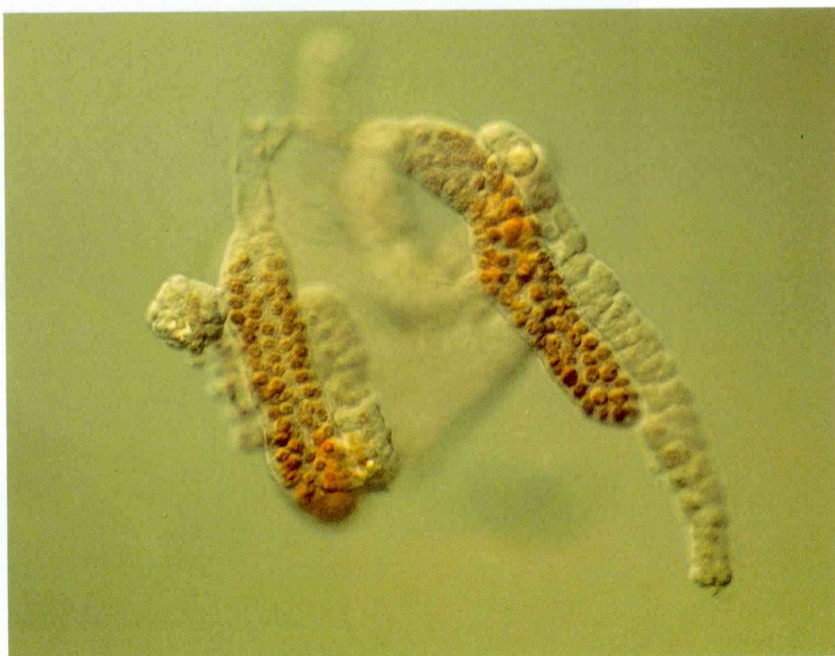


マウス胚の凍結保存実験

遺伝実験生物保存研究センター

【無脊椎動物保存研究室】

昆虫の発生のメカニズムの解析を行っている。実際には、ショウジョウバエとカイコを用いて、脱皮や変態時に昆虫ホルモンによって誘導される現象を分子レベル、特に遺伝子の転写制御機構の面から理解することをめざしている。



ショウジョウバエの唾腺
抗体染色法により、転写因子であるFTZ-F1蛋白質が特定の時期の核に検出された。

【植物保存研究室】

イネを中心とする植物の系統保存を行っている。このうちイネは過去30年以上にわたって世界各地の自生地から収集した野生イネおよび在来の栽培品種で、他に類のない貴重な遺伝資源である。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

遺伝実験生物保存研究センター

【微生物保存研究室】

大腸菌の細胞分裂の温度感受性変異系統を使用し、細胞分裂の時期決定を制御する分子機構の研究を行っている。

また、大腸菌を主とする微生物遺伝系統の特性開発と保存事業は、国内外で高く評価されている。



微生物保存実験室

【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。



【発生工学研究室】

哺乳類の胚発生を対象とする研究を行っている。特に、マウス胚幹細胞および着床後胚における形態形成、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。



発生工学研究室セミナー

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、その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、遺伝情報に関する主として分子レベルの実験的研究を行う4研究室と、コンピュータによる情報解析の研究を行う1研究室の合わせて5研究室からなる。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ともに、研究所内及び他機関の研究者との共同研究及び情報提供を行っている。特に、本センターに設置されている日本DNAデータバンク（DDBJ）は欧州および米国のデータバンクとの連携のもとに遺伝情報の収集、データベース化、管理、提供について中枢的役割をはたしている。

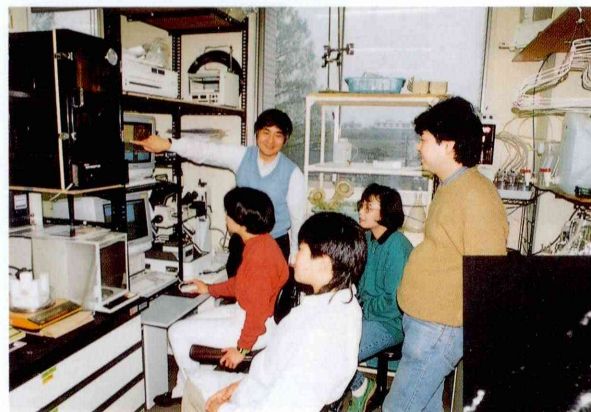


遺伝情報研究センター

遺伝情報研究センター

【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）、構造体の時間的変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。



研究者



RNAポリメラーゼの1分子ダイナミクス

【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。

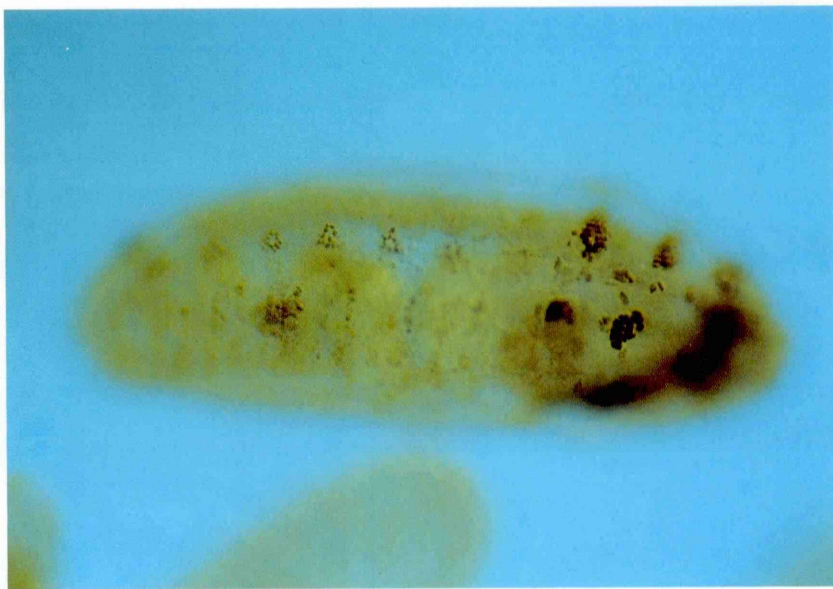


研究者

遺伝情報研究センター

【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、人工合成の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。



ショウジョウバエの胚における *escargot* 遺伝子の発現分布。胚を抗 *escargot* 抗体で染色した。染まっているのは将来成虫構造を形成する細胞である。

【遺伝情報分析研究室】

コンピューターによるDNA塩基配列とタンパク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。

日本DNAデータバンク (DDBJ)

現在、DNAデータベースの利用によって、分子生物学のみならず、関連する広い分野の研究で、多大な成果が生み出されている。これらの膨大なDNA塩基配列のデータベースを管理運営するために、1980年代前半にDNAデータバンクが欧州と米国であいついで設立された。わが国においても、研究者のあいだでDNAデータバンクの必要性が認識され、1984年に本研究所に遺伝情報研究センターが設置されたのにもない、『日本DNAデータバンク』(DNA Data Bank of Japan ; 略称DDBJ)が設立された。1987年からは、リリースという形で本格的なデータ配布を始めた。

DDBJは、三大国際DNAデータバンクのひとつとして、欧州のEMBLデータライブラリーおよび米国のNCBI/GenBankとの密接な連携のもとに、塩基配列データベースの世界共同構築をすすめている。この動きを円滑にするため、3データバンクの運営に対する指導助言の機能をもつ国際諮問委員会、および3データバンクを実際に運営している人間が集まる実務者会議が、それぞれ年1回開かれている。

日本の研究者は、データの登録をDDBJで行うことができる。データ受付後、DDBJがアクセッションナンバーを発行している。また、3データバンク間のデータ交換により、国際DNAデータベースが成り立っている。

さらに、DDBJは単にDNAデータベースの構築にとどまらず、現在急速に発展しつつある『生命情報科学』の中心のひとつとして、さまざまな活動を行っている。

遺伝情報研究センター



研究者

【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、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と機能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と応用を進めている。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

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きた。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やガンマ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かたわら、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

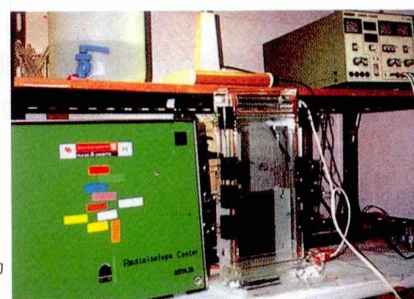
C. elegans は体長1mmで約1,000個の細胞から成り、半透明なことを利用した顕微鏡観察から、個々の細胞が受精卵からどのような細胞分裂を経て出来たかが完全に解っている唯一の動物である。遺伝解析やDNA解析も非常に進んでいる。このような利点を生かして生殖細胞におけるDNA修復の研究を進めることにより、多細胞生物の生殖細胞におけるDNA修復の機構の解明を目指している。

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。



放射線・アイソトープセンター



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

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、遺伝実験生物保存研究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。



日長処理装置
野生イネの多くは、短日条件下で花芽が分化する性質をもつので、日本のような高緯度地方では開花結実しない。日長処理装置は日長を自動的に調節して短日植物の開花を制御するための装置であって、野生イネ用開いた遺伝実験や遺伝資源の保存のために重要である。



ソメイベニ（染井紅）
「ソメイヨシノ」にできた枝変わりから1972年に作られた。「ソメイヨシノ」に比べて、花色が濃く、花径がやや小形となり、抱え咲きとなる点が目につくが、最も変わった点は、萼片の縁の芒形状の鋸歯が特に短くなり、時には鋸歯が無くなり全縁となることである。開花は母体の「ソメイヨシノ」より1～2日ぐらい遅い。

実験圃場

【平成5年度】

科学研究費補助金研究課題

がん特別研究 63,400千円

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

マウス神経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 25,200千円

ユビキチン系の細胞複製における役割

ミトコンドリア病におけるDNA診断法の開発と病態の解明

ヒトゲノムのコーディング領域推定とGC含量モザイク構造の解析

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

大腸菌SOS応答における翻訳段階での発現誘導

ユビキチンシステムによる細胞周期制御

GTP結合蛋白質のイソプレニル化による機能発現制御メカニズムに関する研究

昆虫の変態期にホルモンによって誘導される転写因子の制御ネットワークの解析

ショウジョウバエの器官形成を制御する転写制御因子

アブシジン酸によるInewx遺伝子座の発現制御機構の解明

一般研究(A) 5,600千円

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、細胞分裂の分子的基礎

一般研究(B) 27,300千円

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

ミトコンドリアDNAからみた現生人類の起源

病原性ウイルス遺伝子の系統樹解析と機能予測

イネ野生遺伝子の再評価

植物遺伝子資源の自生地における保存に関する基礎研究

マウス始原生殖細胞の増殖分化調節機構及び発生工学的操作の研究

一般研究(C) 6,300千円

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

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

遺伝子系図学理論を用いた集団の遺伝的分化の研究

細菌細胞の分裂隔壁形成の制御機構

出土植物遺体の分析による古代の水田生態系および周辺環境の歴史的変遷に関する研究

奨励研究(A) 4,000千円

蛋白質のドメイン構造からみたプロテアーゼ遺伝子とインヒビター
遺伝子の分子進化

インフルエンザウイルスRNAポリメラーゼによるウイルスゲノム
複製機構の解析

C. elegans の神経回路の形成機構の分子遺伝学的解析

トランスポゾンを利用した線虫 C. elegans 遺伝子破壊システムの
開発

試験研究(B) 16,000千円

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

分子進化学における総合的遺伝情報解析ソフトウェアの開発研究

【平成5年度】

研究課題	研究代表者
1. 定常期大腸菌 RNA ポリメラーゼの主要シグマ因子 σ^{38} (rpoS 遺伝子産物)の研究	田中 寛 (東京大学応用微生物研究所)
2. 単純ヘルペスウイルス I 型を用いたウイルスベクターの開発	小山 一 (徳島大学医学部)
3. ウイルス感染に伴う宿主細胞分子の修飾機構	永田 恭介 (東京工業大学生命理工学部)
4. 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	和田 明 (京都大学理学部)
5. ポリアミンによる大腸菌遺伝子発現調節	五十嵐一衛 (千葉大学薬学部)
6. Q β フェージ RNA 複製酵素宿主因子 (HF-1) 宿主細胞内機能の研究	井口 義夫 (帝京大学理工学部)
7. プロテアソームとユビキチンによる細胞周期制御機構の研究	田中 啓二 (徳島大学酵素科学研究センター)
8. DNA 複製期細胞核微細構造形成に関するタンパク質の研究	矢倉 達夫 (関西学院大学理学部)
9. 野生マウスを用いた補体系 H 因子遺伝子の gene introgression の解析	坂井俊之助 (金沢大学がん研究所)
10. 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	土屋 公幸 (宮崎医科大学)
11. 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	松島 芳文 (埼玉県立がんセンター研究所)
12. 染色体進化とテロメア多重化に関する分子細胞遺伝学研究	平井 啓久 (京都大学霊長類研究所)
13. 減数分裂機構の分子遺伝学および細胞遺伝学的研究	和田 政保 (財動物繁殖研究所)
14. 種分化の理論的・実験的研究	渡辺 隆夫 (京都工芸繊維大学繊維学部)
15. インスリン依存性糖尿病 (IDDM) の遺伝学的解析	前田 正人 (財社会保険三島病院消化器科)
16. プラスミドの伝達複製の研究	大坪 栄一 (東京大学応用微生物研究所)
17. DNA・蛋白質結合領域に関する高次構造の視覚化	廣川 秀夫 (上智大学生命科学研究所)
18. 大腸菌プラスミド, フェージの DNA 複製開始における宿主蛋白質の機能	山口 和男 (金沢大学遺伝子実験施設)
19. ヒドラの組織構築の走査型電子顕微鏡による解析	岩永 敏彦 (新潟大学医学部)
20. ヒドラ解離細胞再集合体を用いた体軸方向決定機構の研究	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)

21. ヒドラにおける位置依存的細胞分化機構の研究—上皮細胞と神経細胞の相互依存関係の解明— 小早川義尚 (九州大学教養部)
22. ヒドラの生理活性物質の単離と機能解析 宗岡洋二郎 (広島大学総合科学部)
23. ヒドラの形態形成に関与する遺伝子の解析 塩川光一郎 (東京大学理学部)
24. 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 黒沢良和 (藤田保健衛生大学医学部)
25. LECラットにおける肝炎・肝癌発症機構の解明 寺田邦彦 (秋田大学医学部)
26. 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)
27. 動物種の成長様式についての遺伝学的および生理学的比較研究 吉田高志 (国立子殖産生研究所遺伝医学実験用重長種センター)
28. 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 米村勇 (東京医科歯科大学医学部)
29. 画像解析におけるカイコの繭の測定とその品種分化に関する研究 中田徹 (北海道大学農学部)
30. 植物個体の遺伝子型分布図を解析するための統計的手法の研究 宮下直彦 (京都大学農学部)
31. 染色体バンド構造と遺伝子塩基配列との関係の解析 猪子英俊 (東海大学医学部)
32. 高等動物クロマチン構造と染色体GC含量分布との関係の解析 三田和英 (放射医学総合研究所生物研究部)
33. 高等動物のS期内DNA複製スイッチ部位の解析 奥村克純 (三重大学生物資源学部)
34. 種の分化と遺伝子の分化に関する数理的解析 植田信太郎 (東京大学理学部)
35. 造血幹細胞の増殖および単球系細胞への分化における遺伝子発現 仁保喜之 (九州大学医学部)
36. 急性骨髄単球性白血病の遺伝子解析 藤田繁 (愛媛大学医学部)
37. ソーイングによって分離した染色体のRLGS法による解析 松原謙一 (大阪大学細胞生体工学センター)
38. 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 陶山明 (東京大学教養学部)
39. オセアニアのヒト集団のミトコンドリアDNAの変異と他の遺伝特性との関連の解析 大塚柳太郎 (東京大学医学部)
40. 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 (聖マリア病院病理部)
41. 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)
42. イネの花の発生過程の遺伝学的解析 長戸康郎 (東京大学農学部)

43. 高等植物の waxy 座遺伝子と転移因子
の分子遺伝学的解析 野田 和彦 (横浜市立大学木原生物学研究所)
44. イネの分化と地理的分布に関する生態
遺伝学的研究 佐藤 雅志 (東北大学遺伝生態研究センター)
45. 高等植物の発生・分化を調節する突然
変異・遺伝子の研究 米田 好文 (東京大学遺伝子実験施設)
46. 中枢神経系ニューロンの移動に関する
研究 永田 功 (勸東京都神経科学総合研究所)
47. シトクロム P-450cam オペロン・リプ
レッサー (Cam リプレッサー) は
DNA 上をスライドするか? 荒牧 弘範 (第一薬科大学)
48. 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 政夫 (成蹊大学工学部)
49. 一本鎖 DNA 結合蛋白質 (SSB) 及び
基質複合体の高分解能 X 線解析 月原 富武 (徳島大学工学部)
50. 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)
51. ショウジョウバエ strawberry 遺伝子
の機能解析 岡野 栄之 (東京大学医科学研究所)
52. チロシナーゼ遺伝子調節領域の系統解
析と機能予測 山本 博章 (東北大学理学部)
53. 新しい細胞外機能を担うプロテアーゼ
遺伝子の分子進化学的研究 高橋 敬 (島根医科大学医学部)
54. 次世代の遺伝子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)

研究会名	研究代表者	開催予定年月日
1. 細胞増殖制御の分子 機構	花岡 文雄 (理化学研究所)	5.12.3 ~ 5.12.4
2. ユビキチン・システ ムと細胞周期	田中 啓二 (徳島大学酵素科学 研究センター)	5.12.5 ~ 5.12.6
3. 哺乳類に特有な遺伝 機構	高木 信夫 (北海道大学 遺伝子実験施設)	6.1.13 ~ 6.1.14
4. 染色体研究の現状と 展望 - 新しい手法に よる動物・植物染色 体研究の統合	中山 繁樹 (農業生物資源 研究所)	6.1.13 ~ 6.1.14
5. 日本産アリ類系統分 類カラー画像デー タベース構築	今井 弘民 (国立遺伝学 研究所)	5.6.19 ~ 5.6.20
6. ヒドラの発生生物学	小泉 修 (福岡女子大学 家政学部)	5.12.4 ~ 5.12.5
7. 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)	6.1.22

8. Evolutionary Dynamics in Cultivated and Wild Plants 福田 一郎 (東京女子大学 文理学部) 5.9.4 ~ 5.9.5
9. 地球環境危機と遺伝育種学 中井 弘和 (静岡大学農学部) 6.1.14 ~ 6.1.15
10. 日本における主要作物の起源と伝播 小西 猛朗 (九州大学農学部) 6.1.20 ~ 6.1.21
11. 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) 6.1.10 ~ 6.1.11
12. 生命情報科学の視点からみた遺伝子の進化 五條堀 孝 (国立遺伝学研究所) 5.10.20 ~ 5.10.21
13. 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 定家 義人 (国立遺伝学研究所) 5.9.24 ~ 5.9.25

民間等との共同研究

【平成5年度】

研究課題	研究代表者	相手方民間機関
大量DNAデータの分子進化学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
大量遺伝情報処理の研究開発	〃	株式会社富士通研究所

大学院教育協力

行 事

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。

【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れる。

【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

国際交流

【外国人研究者の受け入れ】

1. 文部省外国人研究員制度による受け入れ

氏名	所属	研究課題	受入教官	期間
Tangirala	インド	染色体異常の分	変異遺伝研究部門	平4.12.1
Sudha	Vijaya病院	子遺伝学	教授 瀬野悍二	～5.11.30

2. 中国政府派遣制度による受け入れ

氏名	所属	研究課題	受入教官	期間
朱 江	中国 蘇洲高等蚕桑 専門学校	昆虫の遺伝子発 現に関する研究	形質遺伝研究部門 廣 瀬 進	平4.10.1 ～5.9.30
曾 慶稲	中国 湖北大学	線虫発生の分子 遺学研究	遺伝情報研究センター 小 原 雄 治	平4.10.1 ～5.9.30

3. 日本学術振興会等による受け入れ

氏名	所属	研究課題	受入教官	期間
孫 冠誠	中国 農業科学院蚕 業研究所	カイコの転写制 御因子BmFT Z-F1の解析	形質遺伝研究部門 廣 瀬 進	平4.10.1 ～5.9.30

【海外渡航件数】

国名	件数
アメリカ合衆国	29
ドイツ・フランス	14
中国	10
連合王国	3
韓国	4
その他	16
計	76

【協定の締結】

相手機関名	協定の名称	締結年月日
中国天津市 労働衛生職業病研究 所	中国北部地理区における野生小鼠 (ハツカネズミ)の遺伝学的調査 と実験動物化に関する共同研究	(予定)
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

【平成5年度国際シンポジウム】

開催期間：平成5年4月14日～平成5年4月17日（4日間）

開催地：三島市

テーマ：生命情報学と分子進化

参加者数：外国研究者24名，国内研究者116名 合計140名

内 容：

生命科学と情報科学の学際科学として誕生し急速な勢いで発展してきている生命情報学は，健康・環境・食糧・情報・通信などの人間社会に直接関連する分野に大きく貢献し始めている。特に，遺伝情報であるDNA配列データの蓄積はめざましく，そのデータから生物学的に有用な情報を抽出しようという研究は，生命情報学の中心課題としてますます盛んになるようとしている。DNA配列には生物進化の歴史が深く刻み込まれており，分子レベルの進化機構の解明は生命情報学にとっても最も意義深い研究分野になっている。

このような状況把握のもとに，本国際シンポジウムは，前半にDNAデータバンク国際諮問委員会を開催し，後半に分子進化の最新研究に関する講演と討議を行った。DNAデータバンク国際諮問委員会は，毎年日米欧の三極において持ち回りで開催され，DNAデータバンク研究事業の生命情報学における役割と将来の方向を国際的に議論するもので，すでに通算6回目を迎えた。本会では，DNAデータバンク運営における国際協調の重要性が確認された。後半の講演会では，外国人17名，日本人14名の講演者が，ウイルス，太古遺伝子，真核遺伝子，哺乳類遺伝子，遺伝的変異と人類進化，ゲノム進化と生命情報学，大量遺伝情報処理解析の7つのセッションにわたって，それぞれの研究成果を発表した。



諮問委員会



全体会議

総合研究大学院大学 生命科学研究所 遺伝学専攻の概要

【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連係及び協力の下に、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します。

【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備えています。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ましたが、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りました。

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・集団の各研究分野およ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行っています。

【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。

さらに、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を持つ機能、施設・設備等を十分に活用できるようになっています。

【大講座・教員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。

【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。

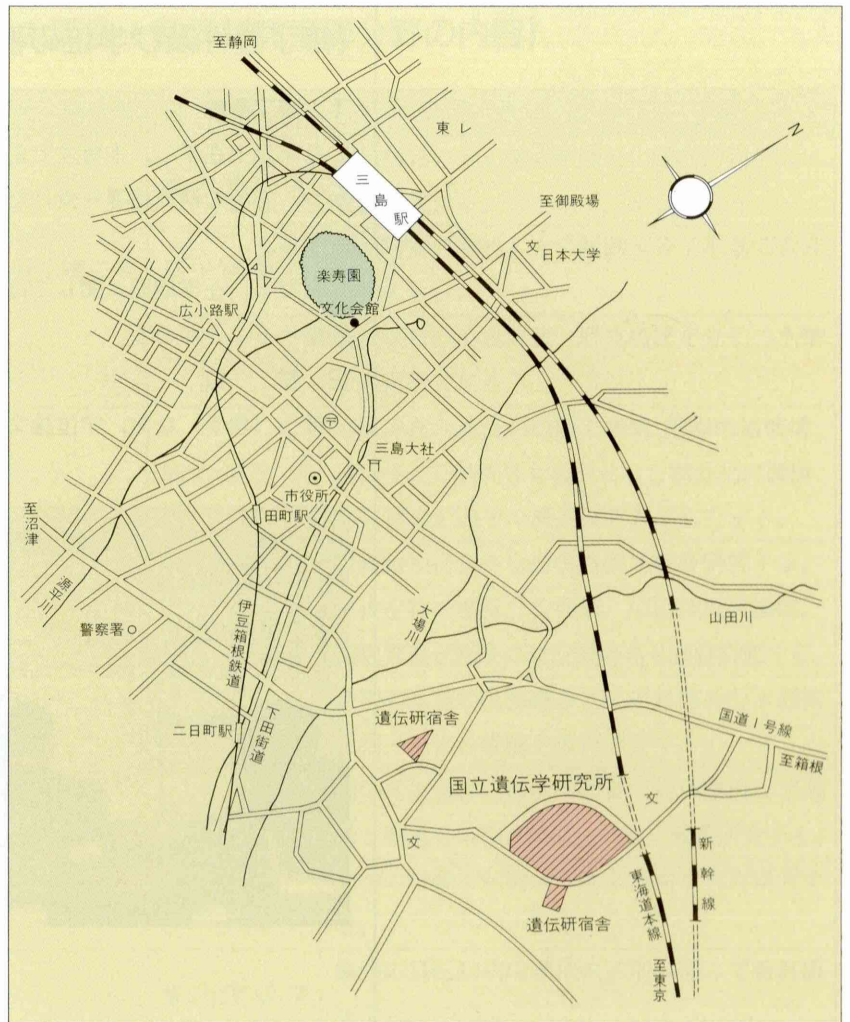
2. 学 位

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。



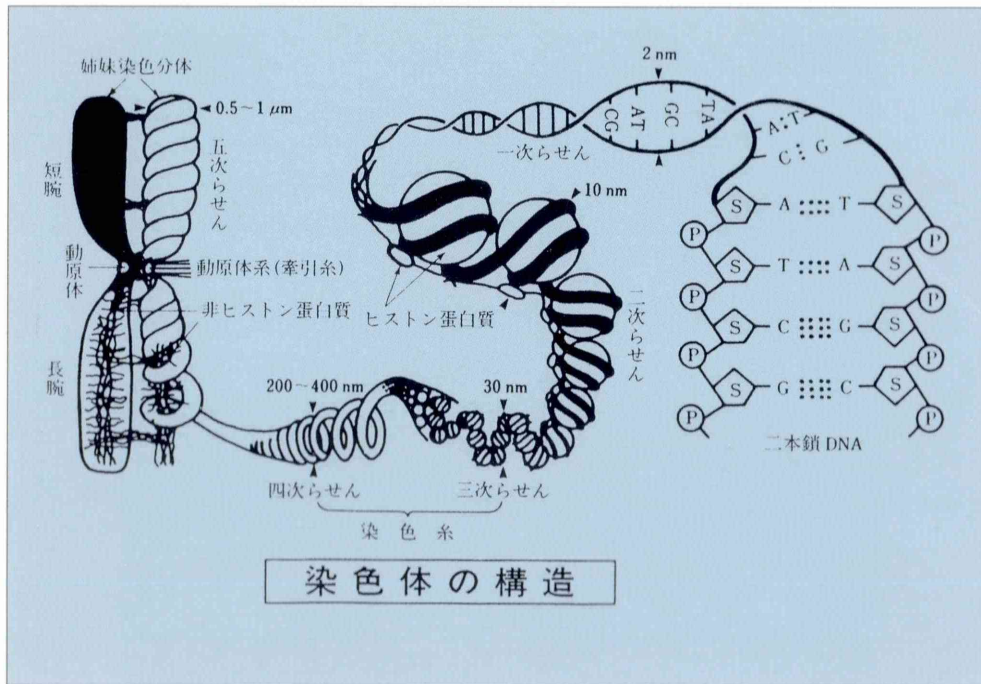
平成5年度入学式

位置図



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





平成5年7月 発行

国立遺伝学研究所要覧 1993
NATIONAL INSTITUTE OF GENETICS

国立遺伝学研究所管理部庶務課

〒411 静岡県三島市谷田1111

TEL 0559-75-0771(代表)

FAX 0559-75-6240

0559-71-3651



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。

表紙説明

人間のベータ鎖ヘモグロビン遺伝子のDNA塩基配列。前後の周辺領域、2個のイントロン(介在配列)、3個のエクソン(つながって伝令RNAとなる)から構成されている。4種類の塩基は小文字のa(アデニン)、g(グアニン)、t(チミン)、c(シトシン)で表わされている。