

# 2010 要 覧

■大学共同利用機関法人 ■情報・システム研究機構

## 国立遺伝学研究所

National Institute of Genetics

■国立大学法人 ■総合研究大学院大学

## 遺伝学専攻

Department of Genetics, SOKENDAI



# 目次

## Contents

はじめに Introduction	3
概要 Outline	4
遺伝研マップ NIG Map	6
組織 Organization	8
<b>■ 遺伝研の研究活動</b>	
研究活動 Research Activities	9
知的財産室 Intellectual Property Unit	47
新領域融合研究センター Transdisciplinary Research Integration Center	49
<b>■ 遺伝研の事業と活動</b>	
日本DNAデータベースの活動 Activity of the DNA Data Bank of Japan	50
遺伝資源データベースとリソースの提供サービス Materials and Information Services of Genetic Resources	51
遺伝学電子博物館 Cyber Museum of Genetics	52
国際交流 International Activities	53
<b>■ 遺伝研の教育</b>	
総合研究大学院大学・生命科学研究科・遺伝学専攻 Department of Genetics, School of Life Science, SOKENDAI	55
他研究機関からの受け入れ Hosting Scientists from Other Institutions	60
<b>■ 研究を促進するための活動</b>	
研究を促進するための活動と行事 Activities for the Promotion of Research and Events	62
運営 Management	63
研究教育職員・研究員・学生 Research Staff & Students	66
管理部と技術課職員 Staff of Administration Department and Technical Section	70
沿革 History	71
予算 Budget	73
科学研究費補助金 Grant-in-Aid for Scientific Research	73
2009年度に発行された論文一覧 Publications in FY2009	74
公募による共同研究 Collaborative Research	77
民間等との共同研究 Joint Research with the Private Sector	79
受託研究 Commissioned Research	80
研究開発施設共用等促進費補助金 National BioResource Project	80
表彰・受賞歴 Awards・Honors	81
知的財産権 Intellectual Property Rights	81
情報・システム研究機構 Research Organization of Information and Systems	82
遺伝研へのアクセス Access to the Institute	83

国立遺伝学研究所はDNA二重らせん発見の4年前にあたる1949年に文部省(当時)直轄研究所として創設されました。60年を越す、その歴史は20世紀後半の生命科学の爆発的発展と重なり、本研究所も、分子進化の中立説、mRNAのキャップ構造の発見、DNA複製起点の同定など数々の優れた研究業績を輩出してきました。生命は複雑なシステムですが、それを解き明かす上で遺伝学の手法や考え方は非常に強力です。細胞分化や生物の形作り、さらには脳機能や行動といった高次な現象も遺伝学のアプローチにより解明が進みました。これは生命が基本的にゲノムに書き込まれた遺伝情報に基づいて内外環境との相互作用を経てできあがるからであり、遺伝学は生命科学の根幹といえるのです。

国立遺伝学研究所は1984年に大学共同利用機関に改組され、遺伝学のナショナルセンターとして機能してきました。国立遺伝学研究所の使命は生命科学における先端研究とそのための基盤整備、人材の養成、そしてこれらをもとにした共同利用・共同研究の推進です。毎年コンスタントに多数の優れた論文が発表され、高レベルの研究活動が続いていますし、国内外の共同研究拠点としても多くの優れた成果をあげてきており、論文引用度や外部研究資金の獲得額も常に高水準を保ってきました。基盤整備ではDNAデータバンク(DDBJ)や生物遺伝資源のセンター、最近ではDNAシーケンシングセンターを運営し、国際的な拠点として機能するとともに、研究コミュニティとの連携を進めてきました。本研究所にはマウスやイネなど何十年もかけて収集・構築してきた遺伝資源が多くありますが、ゲノムの時代の研究材料として新たな光が当たり始めています。今後とも、このような長期的な視点での基盤整備を進めていきたいと考えています。人材育成・分野開拓では、新分野創造センターを拡充し将来を見すえた体制づくりも進めてきました。また大学院教育では総合研究大学院大学・遺伝学専攻を担当し、優秀な研究者を世に送り出しています。このように大学共同利用機関のミッションを果たすべく、教職員、学生、ポスドク、テクニシャン、SEなど合わせて500名近くの在籍者が活動を続けています。

国立遺伝学研究所は2004年に大学共同利用機関法人情報・システム研究機構の一員として法人化され、本年度から第2期が始まります。第2期においても生命システムの個別メカニズムの解明、さらにはその全体像の解明をめざした国際水準の先端的研究に取り組み、いっそうの発展を期したいと思えます。特に、新たなゲノム研究は遺伝学・生命科学を変えつつありますので、「生命システムを多様なゲノムの解析・比較から明らかにする」ことをめざした研究体制も整備していく予定です。

国立遺伝学研究所は常に若返り、改革を続け、そして、生命科学を先導する研究所として活動していきたいと考えております。遺伝学・生命科学を作り上げ発展させてきた先輩達の汗と努力に報いるべく、一層の研究を重ねていく所存でありますので、今後とも、どうか皆様のご指導・ご鞭撻をよろしく願いたします。

所長 小原 雄治

The National Institute of Genetics (NIG) was established in 1949 as the central institute to study various aspects of genetics. It was reorganized in 1984 as an inter-university research institute to promote collaborations with researchers at universities. Since 1988, NIG has been participating in graduate education as the Department of Genetics of the Graduate University for Advanced Studies (SOKENDAI). NIG also serves as a center for various genetic resources such as mutant strains, clones and vectors, and houses DDBJ, the DNA Data Bank of Japan, and a DNA sequencing center.

The history of NIG overlaps the period of a revolution in the field of Genetics. Genetics is no longer a discipline to study the rules and mechanisms of heredity, but has become the basis for all fields of life science. Molecular techniques now allow us not only to decipher the entire genome sequence of organisms including humans, but also to understand the details of higher biological phenomena: cell differentiation, morphogenesis, brain function, and evolution --- the history of life itself. Currently, 37 research groups are actively performing pioneering and cutting-edge researches in these fields at NIG.

Recent generation of massive information on biological systems and their environment calls for new directions in life sciences, such as bioinformatics, system-level analysis, and theoretical approaches to extract knowledge from databases. In particular, so-called the next generation DNA sequencing technology will revolutionize a wide range of life science. To this end NIG sets up the facilities for the high-throughput DNA sequencing and massive data analysis, which are used for collaborations in the research community. NIG has collected and developed various bioresources (mouse, rice etc.) from wild population for long time, which are now excellent targets in the new genome era to understand the mechanisms and its evolution and diversity of life. We would appreciate your continuous support and encouragement to NIG, and welcome your comments and suggestions on our research activities and endeavors.

Yuji Kohara, Director-General



小原雄治 所長 Yuji Kohara Director-General

研究分野:分子生物学、ゲノム生物学

略歴:名古屋大学助手(1980-1989)、英国MRC分子生物学研究所客員研究員(1988-1990)、国立遺伝学研究所 遺伝情報研究センター助教授(1989-1996)、同・構造遺伝学センター教授(1996-1998)、同・生物遺伝資源情報総合センター教授(1998-)、同・副所長(2002-2004)、同・所長(2004-)、情報・システム研究機構理事(2005-)、総合研究大学院大学教授(1996-)、日本学術会議会員(2005-)

所属学会:日本分子生物学会、日本遺伝学会、HUGO (Human Genome Organization)

Research Field: Genome biology and molecular biology

Career: Assistant Professor, Institute of Molecular Biology, Nagoya University (1980-1989); Visiting Scientist, MRC Laboratory of Molecular Biology, Cambridge, UK (1988-1990); Associate Professor, DNA Research Center, NIG (1989-1996); Professor, Structural Biology Center, NIG (1996-1998); Professor and Head, Center for Genetic Resource Information, NIG (1998-2004); Professor, Department of Genetics, SOKENDAI (1996-); Vice Director, NIG (2002-); Director-General, NIG (2004-).

Memberships: Genetics Society of Japan; Molecular Biology Society of Japan; HUGO (Human Genome Organization)

共同利用

全国の研究者のために共同研究の機会を提供し、またそのための施設の利用に応ずる。

RESEARCH COLLABORATIONS

This institute offers collaborative research opportunities to researchers throughout Japan.

大学院教育

総合研究大学院大学生命科学研究科の遺伝学専攻を担当し、大学院学生の教育を行う。また、その他の大学の大学院教育に協力する。

EDUCATION FOR GRADUATE STUDENTS

This institute enrolls graduate students as the Department of Genetics, School of Life Sciences, Graduate University for Advanced Studies, and also participates in the education of students from other universities.

国際交流

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

INTERNATIONAL COLLABORATION

This institute strives to promote international scientific exchanges by sponsoring international symposia and through the exchange of researchers.



知的基盤整備事業

生命科学を支える中核拠点として、バイオリソース事業、DDBJ事業、DNAシーケンシング事業を行っている。

INTELLECTUAL INFRASTRUCTURE FOR LIFE SCIENCES

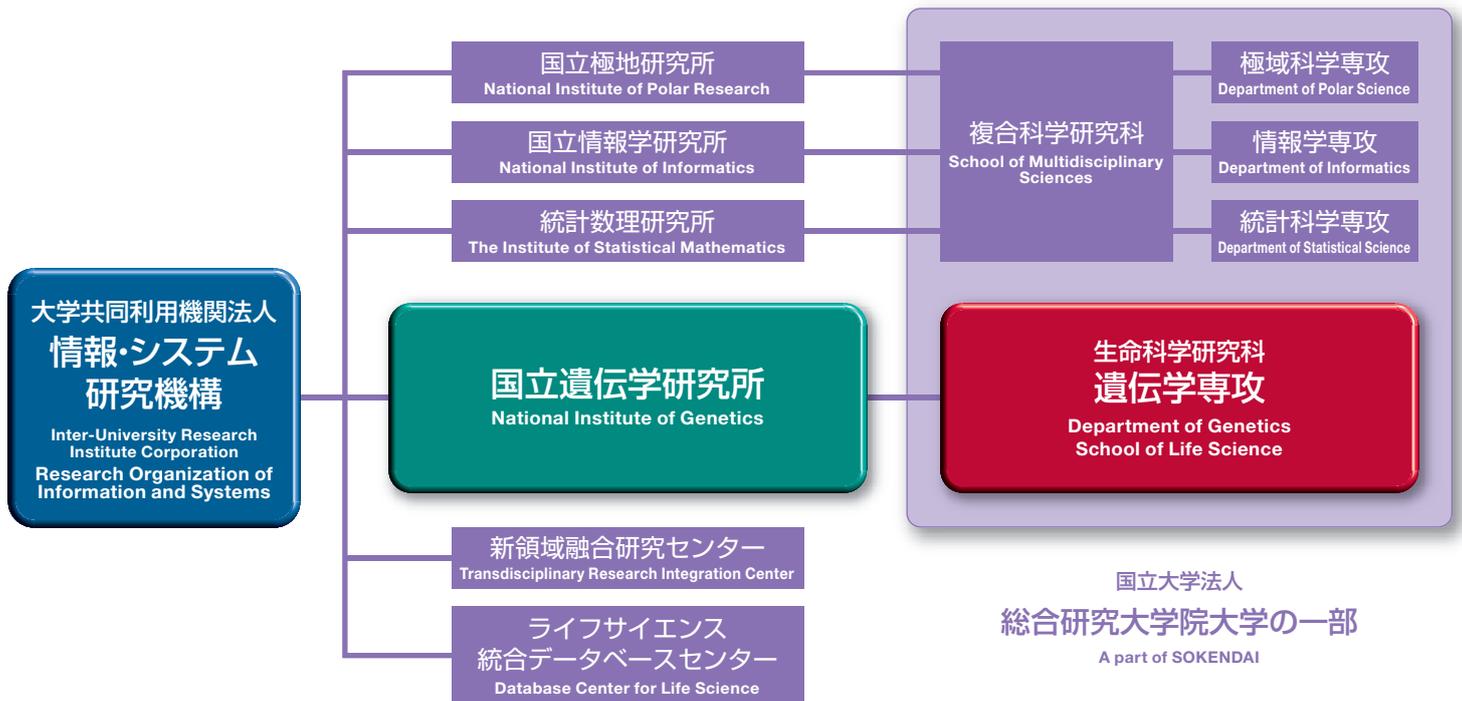
NIG performs Bioresources Center, DNA Data Bank of Japan (DDBJ) and DNA Sequencing Center, as a core institute to build the intellectual infrastructure that supports Life Sciences.

遺伝学の最先端研究

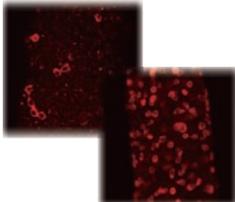
生命科学分野における中核研究機関として国際水準の先端的研究に取り組んでいる。

CUTTING-EDGE GENETICS RESEARCH

As a core institute of Genetics, NIG is acting for advanced research in the field of Life Sciences.

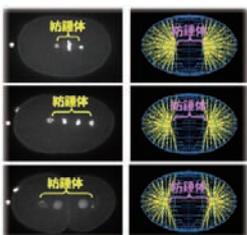


生命科学分野における遺伝学の中核拠点としての先端研究活動  
Cutting-edge research at the National Institute of Genetics: a core institute for life sciences



▲ *Nanos2* を強制発現したマウスの精巣(右)  
▲ *Nanos2*-overexpression results in an extra-accumulation of germline stem cells in mouse testis (right).

▼ コンピュータ・シミュレーションを利用した紡錘体伸長過程の再現  
▼ Computer simulation of spindle elongation in *C. elegans*.



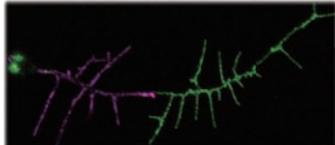


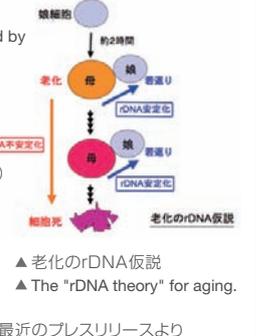
◀ A developmental abnormality induced by activation of retrotransposon in *Arabidopsis* (right).

▲ シロイヌナズナのトランスポゾン活性化による発生異常(右) 正常な個体(左)

▶ ショウジョウバエ神経細胞における膜タンパク質の軸索内局在

▶ Intrinsic compartmentalization of axonal membrane proteins in *Drosophila* neurons.





▲ 老化のrDNA仮説  
▲ The "rDNA theory" for aging.

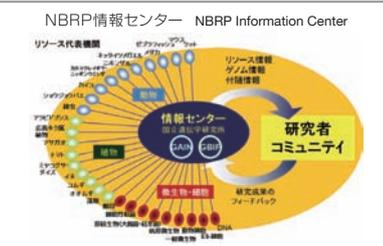
最近のプレスリリースより

国立遺伝学研究所は、生命科学分野における中核拠点として生命システムの個別メカニズムの解明、さらにはその全体像の解明を目指した国際水準の先端的研究に取り組んでいる。生命システムは遺伝情報と多様な生体物質が階層性を持つことが特徴である。そのため、遺伝子・ゲノムから生命システム解明を目指し、「染色体・細胞」、「エピジェネティクス」、「発生・分化」、「生殖」、「行動」、「脳科学」、「ゲノム・大量情報」、「進化・多様性」などのキーワードでイネ、シロイヌナズナ、マウス、ゼブラフィッシュ、ショウジョウバエ、線虫、酵母、大腸菌などのモデル生物やデータベースを用いた最先端の研究を行っている。

NIG is a core institute for advanced research in the field of Life Sciences working to unlock the mysteries of biological systems and their individual mechanisms. Biological systems are characterized by hierarchical structure of genetic information and various biological materials. Therefore, to explore from genes and genomes to biological systems, we perform cutting edge research using rice, *Arabidopsis*, mice, zebrafish, fruit flies, nematode, *E. coli* and other model organisms, and various databases, with keywords such as "chromosome/cell", "epigenetics", "development/differentiation", "reproduction", "behavior", "neuroscience", "genomics and bioinformatics", and "evolution and diversity".

生命科学を支える知的基盤整備事業の中核拠点としての活動  
Activities to build the intellectual infrastructure that supports life sciences

バイオリソース (生物遺伝資源) 事業  
Bioresources Project



リソース代表機関: EBI/EMBL, GenBank, DDBJ, NBRP, etc.

研究者コミュニティ

<i>E. coli</i> K-12	4320 genes
<i>B. subtilis</i> 168	4105 genes

Specific genes: 2873, Orthologous genes: 1447/1530, Specific genes: 2575

H20年度は1962件の提供同意書(MTA)を締結  
1,962 cases of outgoing MTA were processed in a period of April 2008 to March 2009.

H20年度のNBRP DBへの月平均アクセス数は約17万件  
The DB had 170,000 views per month on average in a period of April 2008 to March 2009.

学術研究用の生物系統の開発、収集、提供の中核拠点としてバイオリソース事業を展開している。文科省NBRPの各種生物の中核代表機関としても活動し、さらに情報センターとして大学等と連携してバイオリソースデータベースの構築と公開運用を進めている。

NIG serves as a center for developing, collecting, and distributing biological resources of various strains of experimental organisms for academic research. NIG also plays an important role as a central institute for the National BioResource Project and functions as its information center to promote development of biological resource databases in collaboration with universities and other organizations.

DDBJ (日本DNAデータベース) 事業  
DDBJ Project



EMBL database (欧州), DDBJ database (日本), GenBank database (米国)

国際塩基配列データベースの共同構築

レコード数  
研究プロジェクト数

- Number of entries: 112,322,320
- Number of projects: 607,738

Go to: the project view

登録元の地理分布 geographical distribution



Japan	15,047,259 records
United States of America	60,994,804 records
EPO	4,202,529 records

DDBJは、欧州のEBI/EMBL-Bank、および米国のNCBI/GenBankと3局共同で、「国際塩基配列データベース(INSD)」を構築・維持・配布している。INSDデータは、目的や国籍に拘わらず閲覧・ダウンロード・改変・再配布が可能で人類の共有財である。

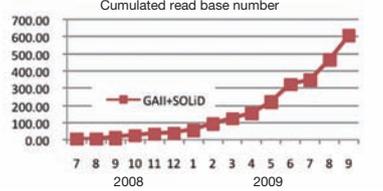
Together with Europe's EBI/EMBL and the U.S.'s NCBI/GenBank, the DDBJ makes up and administers the International Nucleotide Sequence Database (INSD). INSD data can be viewed, downloaded, manipulated, and redistributed regardless of intended applications or national boundaries. The INSD data is a shared resource for all peoples.

DNAシーケンシング事業  
DNA Sequencing Project

最新のDNA配列決定装置 (次世代シーケンサー)  
The latest DNA Sequencing Machines (Next-Generation Sequencer)



決定した塩基数の累計  
Cumulated read base number



Year	2008	2009
Cumulated read base number	~100,000	~700,000

多細胞生物の全ゲノム解読では国内最大の実績とノウハウを持つ。これまでに29機関(大学、研究所)の57グループとの共同により44生物種のゲノムや遺伝子解析を行ってきた。学術分野のゲノム情報産出の中核として機能している。

NIG is top in the nation for technical knowhow and successful complete sequencing of multicellular organism genomes. NIG has conducted analyses of genes and genomes of 44 species in collaboration with 29 organizations (universities and research groups). NIG is a key producer of genomic information for academia and science.

# 遺伝研マップ

実験動物慰霊碑  
Memorial Monument for Experimental Animals



テニスコート  
Tennis Court



研究員宿泊施設 Guest House



講堂 Lecture Hall



食堂 Dining Room

- A 本館  
Main Building
- B 図書館  
Library
- C 研究実験棟  
Laboratory Building
- D 講堂棟  
Lecture Hall
- G 構造遺伝学研究センター  
Structural Biology Center
- H RI実験棟  
Radioisotope Laboratory

- J 第2研究実験棟  
Laboratory Building II
- K 第2電子計算機棟  
Computer Building II
- M 電子計算機棟  
Computer Building I
- Q 研究員宿泊施設  
Guest House
- R 系統生物研究センター  
Genetic Strains Research Center
- 生物遺伝資源情報総合センター  
Center for Genetic Resource Information

- S 系統生物西附属棟  
Genetic Strains Research Center West Building
- U ネズミ附属棟  
Mouse Breeding Building II
- V 実験圃場管理施設  
Administration Building for Experimental Farm
- W 生命情報・DDBJ研究センター  
Center for Information Biology and DNA Data Bank of Japan
- X 動物飼育実験棟  
Animal Research Building

## 〈研究所の敷地と建物〉

土地総面積 Institute Facilities and Grounds	106,959㎡
内訳 Details	研究所敷地 Institute area
	宿舎敷地 Residential area
建築面積 Building area	15,843㎡
建物延面積 (Total floor space)	37,357㎡

(2010年4月1日現在)

## 研究系・研究センター等の概要 Outline of Departments, Research Centers and Experimental Farm

## 分子遺伝研究系

遺伝情報の発現とその制御過程を、染色体構造の構築と機能、その統合性維持の機構に着目して分子遺伝学の方法で研究している。

## 細胞遺伝研究系

細胞内で観察される遺伝現象を分子レベルで解明することを目指して、生細胞及び無細胞系を用いた研究を行っている。

## 個体遺伝研究系

ヒドラ、ショウジョウバエ、ゼブラフィッシュ、マウスなどのモデル生物を用い、動物発生における遺伝子発現、細胞運命決定、細胞分化、形態形成の機構についての研究を行っている。

## 集団遺伝研究系

生物進化の歴史とその機構を解明する目的で、実験的及び理論的手法を用いて、遺伝子やゲノムのレベルから集団のレベルまで幅広く研究している。

## 総合遺伝研究系

ヒトを含む哺乳動物や植物の発生のエピジェネティックな制御、および神経回路形成の遺伝的制御に関する総合的な研究を行っている。

## 系統生物研究センター

多様な生物種の遺伝資源に立脚して特色のある先端的研究を進めるとともに、マウス、ゼブラフィッシュ、ショウジョウバエ、イネ、原核生物の有用実験系統の開発・維持・分譲事業を行っている。

## 生物遺伝資源情報総合センター

ゲノム及びバイオインフォマティクス研究とともに、生物遺伝資源委員会の運営及び生物遺伝資源データベースの構築の業務を行っている。

## 構造遺伝学研究センター

旧遺伝情報研究センターを1996年に改組して設立。分子から多細胞の各レベルで、遺伝学と構造生物学の境界領域で最先端の研究を行うとともに、生体内の構造を観察・解析する様々な手法を開発し、遺伝学に導入している。

## 生命情報・DDBJ研究センター

生命情報学の研究拠点として、情報学(インフォマティクス)を駆使して遺伝・進化を始めとする生命現象の解明に取り組むとともに、欧米のEMBL/EBI及びGenBank/NCBIと共同で構築している国際DNAデータベースを中心とする情報基盤を提供している。

## 新分野創造センター

本センターでは、若手の優れた研究者が独立して研究室を運営し、遺伝学とその周辺領域に新しい分野を開拓する研究を行う。これにより、将来、研究者集団で重要な役割を果たす人材を育成する。

## 放射線・アイソトープセンター

放射線や放射性同位元素を、研究利用するための共同利用施設である。<sup>137</sup>Csを線源としたガンマー線照射装置を備えている。

## 実験圃場

遺伝研における研究と事業支援のための植物遺伝資源作成、管理、分譲及び関連研究を行っている。

## Department of Molecular Genetics

Molecular genetic studies of gene expression and its control are being carried out, currently focusing on chromosomal structure and function and maintenance of its integrity.

## Department of Cell Genetics

Fundamental genetic phenomena are being studied in living cells and in cell-free systems to explain the phenomena observed at the cellular level in molecular terms.

## Department of Developmental Genetics

We study mechanisms of gene expression, cell fate determination, differentiation and morphogenesis during development using various model organisms, such as hydra, Drosophila, zebrafish and mouse.

## Department of Population Genetics

We are conducting experimental and theoretical studies on the history and mechanisms of organismal evolution from the gene and genome level to the population level using various organisms, such as human, Drosophila and mouse.

## Department of Integrated Genetics

We study the epigenetic control of development of plants, and the genetic control of neuron network formation, by integrating the knowledge from various fields of genetics.

## Genetic Strains Research Center

This center develops valuable genetic strains of mice, Drosophila, rice, Escherichia coli, etc., and supplies them to researchers in and outside Japan. Each laboratory explores gene function in organisms using these strains.

## Center for Genetic Resource Information

The mission of this center is 1) to coordinate and reinforce the genetic resource repositories in Japan through the activity of the Genetic Resource Committee and 2) to construct the central database for genetic resource information. Large scale genomics is also performed.

## Structural Biology Center

This center was founded in 1996 by reorganizing the DNA Research Center to perform the pioneering researches in the new area between genetics and structural biology, and to develop new methods and techniques for the area.

## Center for Information Biology and DNA Data Bank of Japan

The center consists of five laboratories where researchers conduct research on genetic information by an extensive use of computers. The DNA Data Bank of Japan (DDBJ) is also housed in the center, which is working in collaboration with EBI/EMBL and NCBI/GenBank.

## Center for Frontier Research

The Center for Frontier Research provides promising young scientists with independent positions and an opportunity of developing new frontiers in genetics and related research fields. The Center thereby brings up scientists who will play crucial roles in academic fields in the future.

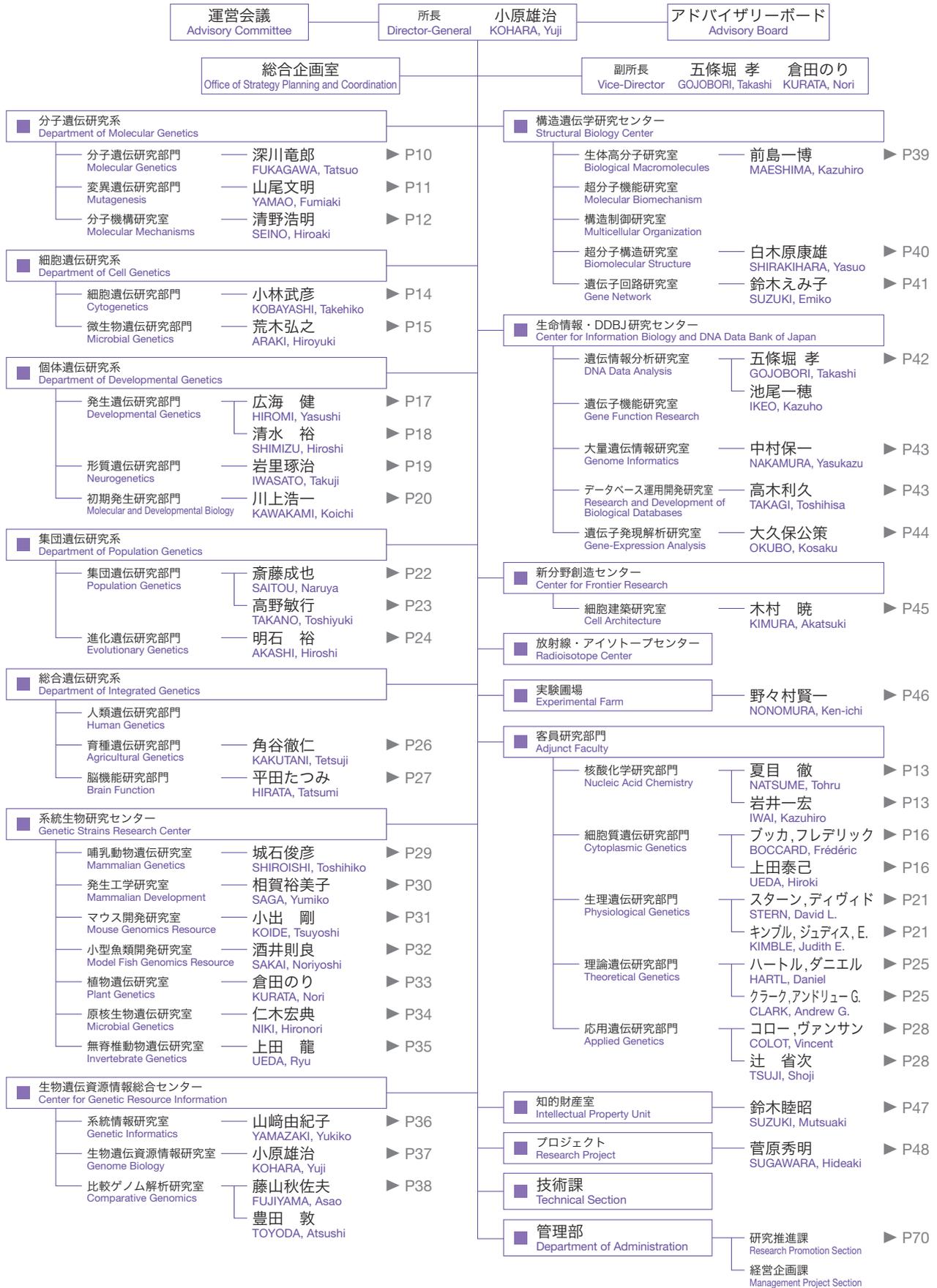
## Radioisotope Center

The Radioisotope Center has facilities for biochemical experiments using radioactive tracers. Irradiation treatment of <sup>137</sup>Cs is also available.

## Experimental Farm

The farm is responsible for plant resource generation, management, distribution and related studies to support research and service in the NIG.

※詳細な研究内容、業績については Annual Report <http://www.nig.ac.jp/section/nenpo.html> を参照ください。



4月1日現在  
as of April 1.

# 研究活動

## Research Activities

## 深川研究室 Fukagawa Group

[http://www.nig.ac.jp/labs/MolGene/index\\_j.html](http://www.nig.ac.jp/labs/MolGene/index_j.html)

深川竜郎  
教授 博(理)  
FUKAGAWA, Tatsuo  
D. Sci., Professor



堀 哲也  
助教 博(農)  
HORI, Tetsuya  
D. Agr., Assistant Professor



西野達哉  
助教 博(医)  
NISHINO, Tatsuya  
D. Med., Assistant Professor



## 染色体構造と機能

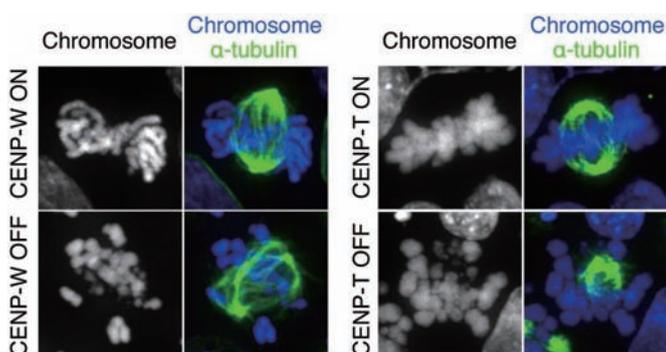
生物が生命を維持するためには、ほぼ決まった時間周期で染色体の複製と分配が正確に行われなければなりません。染色体の複製・分配といった基本的な生体反応に狂いが生じると染色体の異数化、がん化など細胞に対する悪影響が生じます。細胞周期のS期で複製された染色体は、M期では両極から伸びた紡錘体に捕えられ、娘細胞へと分配されます。この際、紡錘体が結合する染色体の特殊構造はキネトコアと呼ばれ、キネトコアの形成されるゲノム領域はセントロメアと定義されています。私たちの研究室では、キネトコアが正常に構築されるための集合機構、キネトコアと微小管結合を監視するスピンドルチェックポイント機構、セントロメア近傍のヘテロクロマチン形成機構など染色体分配に関わる様々な分子機構の解明を目指して研究を行なっています。研究手法としては、分子遺伝学、細胞生物学、生化学、構造生物学、ゲノム生物学といったあらゆる方法を用いています。

また、未分化な細胞、初期発生期の細胞、分化した細胞におけるセントロメア構造の変化に伴う多様な染色体分配機構に着目し、マウス遺伝学を用いた研究も行っています。

## Structure and function of chromosomes in higher vertebrate cells

The centromere plays a fundamental role in accurate chromosome segregation during mitosis and meiosis in eukaryotes. Its functions include sister chromatid adhesion and separation, microtubule attachment, chromosome movement, mitotic checkpoint control, and formation of heterochromatin. Although chromosome segregation errors cause genetic diseases including some cancers, the mechanism by which centromeres interact with microtubules of the spindle apparatus during cell division is not fully understood. To understand the molecular mechanism of chromosome segregation, we are currently studying on kinetochore assembly mechanism, spindle checkpoint function, and formation mechanism of heterochromatin structure near centromere. We are using molecular genetics, cell biology, biochemistry, structural biology, and genome biology to analyze kinetochore structure and function.

We are also interested in various mechanism of chromosome segregation during development of organisms. To understand the mechanism of chromosome segregation in the organismsal context, we are using mice genetics approach.



図一 キネトコアタンパク質であるCENP-WおよびCENP-Tをノックアウトした細胞での染色体像(青)とスピンドル形態(緑)を示している。コントロールの細胞(CENP-W ONおよびCENP-T ON)では、染色体は正常に整列して2極性のスピンドルが観察されるが、ノックアウト細胞(CENP-W OFFおよびCENP-T OFF)では、染色体が過凝縮を起こし、染色体配置が異常になっている。

Figure - Chromosome morphology and  $\alpha$ -tubulin staining (green) in control (CENP-W ON or CENP-T ON), CENP-W- (CENP-W OFF) and CENP-T (CENP-T OFF)-deficient DT40 cells. Chromosomes were counterstained with DAPI (Blue). Control cells show the normal staining pattern for  $\alpha$ -tubulin (upper two panels). Mis-aligned hypercondensed chromosomes at the metaphase plate were detected in CENP-W- and CENP-T-deficient cells.

Amano, M., Suzuki, A., Hori, T., Backer, C., Okawa, K., Cheeseman, I.M., and Fukagawa, T. (2009). The CENP-S complex is essential for the stable assembly of outer kinetochore structure. *J. Cell Biol* 186, 173-182.

Hori, T., Amano, M., Suzuki, A., Backer, C., Welburn, J.P., Dong, Y., McEwen, B.F., Shang, W.H., Suzuki, E., Okawa, K., Cheeseman I.M., and Fukagawa, T. (2008). CCAN makes multiple contacts with centromeric DNA to provide distinct pathways to the outer kinetochore. *Cell* 135, 1039-1052.

Hori, T., Okada, M., Maenaka, K., and Fukagawa, T. (2008). CENP-O-class proteins form a stable complex and are required for proper kinetochore function. *Mol. Biol. Cell* 19, 843-854.

Kwon, M., Hori, T., Okada, M., and Fukagawa, T. (2007). CENP-C is involved in chromosome segregation, mitotic checkpoint function and kinetochore assembly. *Mol. Biol. Cell* 18, 2155-2168.

Okada, M., Cheeseman, I.M., Hori, T., Okawa, K., McLeod, I.X., Yates III, J.R., Desai, A., and Fukagawa, T. (2006). The CENP-H-I complex is required for the efficient incorporation of newly synthesized CENP-A into centromeres. *Nature Cell Biol* 8, 446-457.

Kline, S.L., Cheeseman, I.M., Hori, T., Fukagawa, T., and Desai, A. (2006). The human Mis12 complex is required for kinetochore assembly and proper chromosome segregation. *J. Cell Biol* 173, 9-17.

## 山尾研究室 Yamao Group

<http://www.nig.ac.jp/labs/MutaGen/home-j.html>



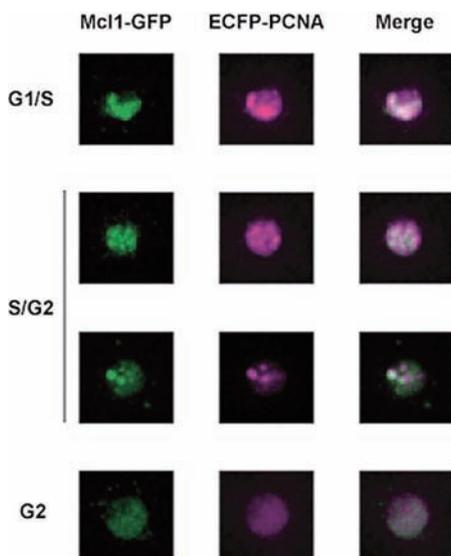
山尾文明  
教授 理博  
YAMAOKI Fumiaki  
D. Sc., Professor



## 蛋白質の修飾と動態からみる染色体機能の統御

タンパク質分解の主役であるユビキチン系は、昨今ではタンパク質分解における役割を遙かに超えて、多彩なタンパク質制御を司って、より広義のタンパク質の機能を制御する可逆的翻訳後修飾系であると認識されてきています。DNA 損傷修復機構におけるユビキチン系の役割はその代表例です。他方、複製、分配、修復、組換え、エピジェネティックな統御機構など、染色体の多種多様な高次機能の精緻な維持発現には種々の蛋白質修飾が重要な意味を持つことが認識されてきています。本研究室では、ユビキチン研究のこれまでの自身の経験と実績の上に立って、染色体の恒常性維持における翻訳後修飾の役割を解明することを目的にして、ユビキチン研究と染色体研究の双方で新たなパラダイムを拓きたいと考えています。そのため分裂酵母を用いて以下のようなテーマで研究を行っています。

- 細胞周期を調節するタンパク質のユビキチンによる動態制御
- DNAの損傷修復におけるユビキチン系の役割
- 組換えタンパク質群の翻訳後修飾とその動態



図一 ヘテロクロマチン形成と維持およびセントロメア構築に必須である分裂酵母のMcl1蛋白質は、細胞周期依存的に発現し、複製の場に局在する。

Figure - Fission yeast Mcl1 protein, essential for maintenance of heterochromatin and organization of core centromere, is expressed in cell cycle-dependent manner and localized at replication machinery.

## Post-translational modifications and its roles in the integrated chromosomal functions

The ubiquitin system, post-translationally linking ubiquitin to a vast range of proteins, contributes to a selective proteolysis in eukaryotic cells. Ubiquitin, however, together with other post-translational modification systems, has been expected to play roles other than protein degradation. On the other hand, the chromosomal functions like replication, separation, damage repair, recombination and epigenetic controls and so on, have been revealed owing to the post-translational modification systems. Based on our past achievements in ubiquitin research, we pursue the roles of post-translational modifications, especially by ubiquitin system, in the maintenance of chromosomal integrity, creating new paradigm in the both fields. For this, using fission yeast, we are carrying the following programs.

- 1) Identification of ubiquitin pathways specific for dynamics of key proteins for cell cycle control.
- 2) Search and understanding the role of ubiquitin system in the repair of damaged DNA.
- 3) Modifications and dynamics of proteins involved in recombination and repair of chromosomes.

Natsume, T., Tsutsui, Y., Sutani, T., Dunleavy, E. M. Pidoux, A. L., Iwasaki, H., Shirahige, K., Allshire, R. C., and Yamao, F. (2008). A DNA Polymerase a Accessory Protein, Mcl1, Is Required for Propagation of Centromere Structures in Fission Yeast. *Plos One* 3 (5), e2221.

Akamatsu, Y., Tsutsui, Y., Morishita, T., Shahjahan, M.D., Siddique, P., Kurokawa, Y., Ikeguchi, M., Yamao, F., Arcangioli, B., and Iwasaki, H. (2007). Fission Yeast Swi5/Sfr1 and Rhp55/Rhp57 Differentially Regulate Rhp51-dependent Recombination outcomes. *The EMBO J* 26, 1352 - 1362.

Tsutsui, Y., Morishita, T., Natsume, T., Yamashita, K., Iwasaki, H., Yamao, F., and H. Shinagawa. (2005). Genetic and Physical Interactions between *Schizosaccharomyces pombe* Mcl1 and Rad2, Dna2 and DNA polymerase a: Evidence for a Multifunctional Role of Mcl1 in DNA Replication and Repair. *Curr. Genet* 48, 34-43.

Kotani, T., Nagai, D., Asahi, K., Suzuki, H., Yamao, F., Kataoka, N. and Yagura, T. (2005). Antibacterial Properties of Some cyclic Organobismuth (III) Compounds. *Antimicrob. Agents Chemother* 49: 2729-2734.

## 清野研究室 Seino Group

<http://www.nig.ac.jp/section/seino/seino-j.html>

清野浩明  
助教 博(理)  
SEINO, Hiroaki  
D. Sc., Assistant Professor

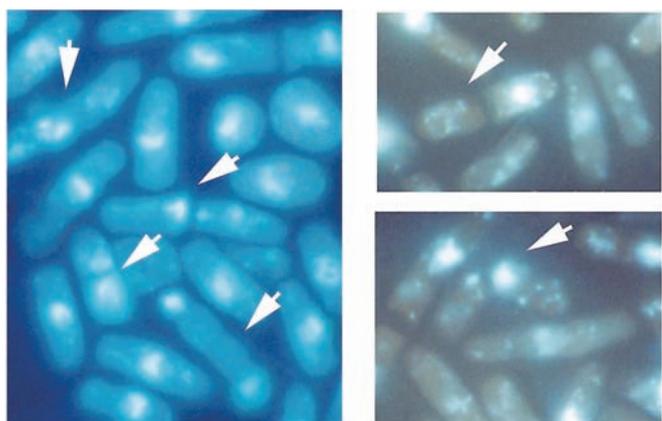


## ユビキチン・システムによる細胞周期制御機構

蛋白質の機能はその合成、翻訳後修飾に加えて分解によって制御されています。ユビキチン・プロテアソーム・システムは細胞内の蛋白質分解制御において重要な役割を担っています。ここ20年の間にユビキチン・プロテアソーム・システムが多岐にわたる生命現象に密接に関わることが明らかになってきました。私はユビキチン・プロテアソーム・システムと細胞機能、特に細胞周期制御との関係を遺伝学的解析の方法の確立した分裂酵母を用いて解析しています。現在、ユビキチン転移酵素に焦点を当て、細胞分裂期の進行に重要な機能を持つユビキチン転移酵素を2つ同定し、その機能を解析しています。解析の結果、分裂期にユビキチン化される標的蛋白質である分裂期サイクリンが2段階反応でポリユビキチン化される可能性を示す新しい知見が明らかになってきました。

現在、以下のプロジェクトを行っています。

- 1) 分裂酵母を用いたユビキチン・システムによる細胞周期制御機構の解析
- 2) ユビキチン・ネットワークの網羅的解明の方法の確立



ubcP1 (ubc4) 変異株      ubcP4 (ubc11) 変異株

図 1 2つのユビキチン転移酵素変異株において類似した細胞分裂期の進行異常が見られる。(矢印は典型的な分裂期の異常を起こした細胞を示す)

Figure 1 - Mutant strains of two ubiquitin-conjugating enzymes exhibit similar abnormality in mitotic transition. (Arrows indicate the typical cells exhibiting abnormal mitosis.)

## Regulatory mechanisms of cell cycle by ubiquitin system

Functions of many proteins are regulated by synthesis, post-translational modification and proteolysis. Ubiquitin/proteasome system is one of important systems for proteolysis. Recently it is found that ubiquitin/proteasome system was involved in many biological phenomena. I study the relationship between ubiquitin system and cellular mechanisms, especially cell cycle using fission yeast. Now I am focusing to two ubiquitin-conjugating enzymes that are essential for mitotic transition and studying ubiquitin system involved in mitotic transition.

The projects that we are carrying are below.

- 1) Analysis of the regulation mechanisms of cell cycle by ubiquitin system using fission yeast
- 2) Establishment of the methods for comprehensive elucidation of networks of ubiquitin system

Seino, H., Kishi, T., Nishitani, H., and Yamao, F. (2003). Two ubiquitin-conjugating enzymes, UbcP1/Ubc4 and UbcP4/Ubc11, have distinct functions for ubiquitination of mitotic cyclin. *Mol. Cell. Biol.* 23, 3497-3505.

# 夏目研究室 Natsume Group



夏目 徹  
 客員教授(産業技術総合研究所バイオメディシナル情報研究センター研究チーム長)  
 NATSUME, Tohru  
 Adjunct Professor (Team Leader, Biomedical Information Research Center, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology)

# 岩井研究室 Iwai Group



岩井一宏  
 客員教授(大阪大学大学院生命機能研究科教授)  
 IWAI, Kazuhiro  
 Adjunct Professor (Professor, Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University)

## タンパク質ネットワークから展開するケミカルバイオロジー

細胞の中には、様々なタンパク質が機能し生命現象を司る。そしてこれらのタンパク質は単独に働いているのではなく、グループや組織を構成し、ネットワークとして機能している。このような細胞内のタンパク質が生み出すネットワークをマッピングすることをタンパクネットワーク解析と呼ぶ。ネットワーク解析の重要性は生命現象の解明にとどまらず、疾患の発症メカニズムを分子レベルで理解することに繋がり、従って新たな診断・治療法の開発や、更に重要な創薬のターゲット発見へと直接的に連なる。我々は、超高感度・ハイスループットな独自の質量分析システムを構築し、大規模なタンパク質相互作用ネットワーク解析を行っている。また、タンパク質相互作用を制御する化合物プローブを取得することを目的としたケミカルバイオロジーも展開している。

## Protein networks and chemical biology

Based on systematic protein-protein network analysis, our laboratory has started chemical-biology project. Over the last decade, we discovered new interactions of disease related or causative proteins by large-scale protein-protein network analysis, leading to uncover precise molecular mechanisms of disease development. The primary goal of the project is to establish efficient and versatile drug discovery platform targeting crucial and vital interactions for disease treatment using second generation natural chemistry libraries. To this aim, we have developed and integrated ultra high sensitive mass spec facilities, chemo-informatics platform, large scale natural chemical sources, combinatorial chemistry and fluorescence imaging technology.



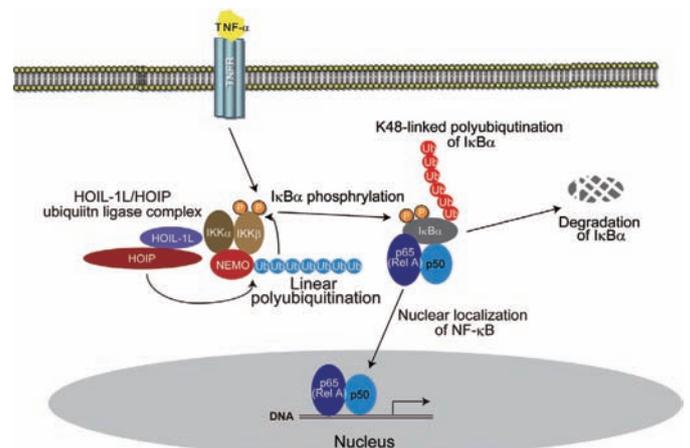
図一 タンパク質ネットワーク解析から展開するケミカルバイオロジー  
 Figure - From systematic analysis of protein interaction networks to chemical-biology

## ユビキチン修飾系によるNF-κB活性化制御

ユビキチン修飾系はタンパク質にユビキチンが数珠状に連なったポリマーであるポリユビキチン鎖を結合させることでタンパク質を分解に導く翻訳後修飾系として発見されたが、現在では生体内には多彩なポリユビキチン鎖が存在し、その種類の違いによって分解以外にも多彩な様式でタンパク質の機能を制御することが知られている。ポリユビキチン鎖はユビキチンのリジン残基を介して形成されると考えられてきたが、本研究室ではN末端のメチオニンを介した直鎖状ポリユビキチン鎖が生成されることを世界で初めて示すとともに、直鎖状ポリユビキチン化がNF-κBの選択的に活性化させることを見出しており、免疫アレルギー性疾患やガンとの関連も含め解析を進めている。

## Regulation of NF-κB signaling by ubiquitination

The ubiquitin system has been identified as a part of energy dependent protein degradation pathway, but it is now known as a reversible post-translational protein modification system that regulates protein function in many ways by conjugating polyubiquitin chains to the proteins. It has been shown that there exist several polyubiquitin chains in our body and that type of polyubiquitin chains determines mode of regulation of the conjugated proteins. Although it has been believed that all the polyubiquitin chains have been generated via Lys residues of ubiquitin, we have identified a brand new polyubiquitin chain—linear polyubiquitin chain—, which is generated via linkage between N-terminal α-amino group of Met of ubiquitin and C-terminal carboxyl group of Gly of another ubiquitin moiety. We have also identified linear polyubiquitination is a crucial component NF-κB activation pathway. Considering that abnormal activation of NF-κB is involved in many diseases including allergic diseases and cancer, we are now dissecting the precise roles linear polyubiquitination plays in NF-κB signaling from various aspects.



図一 NF-κBは非活性化状態ではIκBαと結合して細胞質に存在している。TNF-α等の刺激によりHOIL-1L/HOIPリガーゼがNEMOを直鎖状ポリユビキチン化してIKK複合体が活性化し、図示した経路によってNF-κBを活性化する。

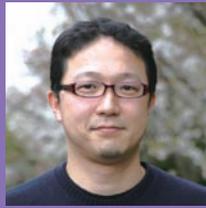
Figure - NF-κB resides in cytoplasm in complex with IκBα without any stimuli. When stimulated with several stimuli including TNF-α, HOIL-1L/HOIP ligase linear polyubiquitinates NEMO in the IKK complex, which leads to NF-κB activation as illustrated.

# 小林研究室 Kobayashi Group

<http://www.nig.ac.jp/labs/CytoGen/>



小林武彦  
教授 理博  
KOBAYASHI, Takahiko  
D. Sc., Professor



飯田哲史  
助教 博士(理学)  
IIDA, Tetsushi  
D. SC., Assistant Professor



## 若返りの分子生物学

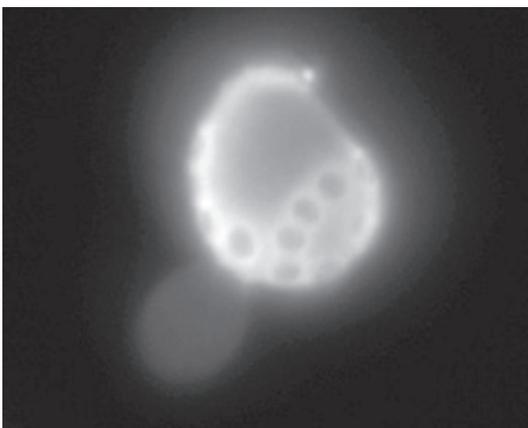
生物は世代交代を繰り返しながら生命の連続性を維持しています。その過程でそれぞれの個体は老化し、体を構成する細胞のほとんどは死んでしまいますが、生殖細胞や幹細胞といった新たに細胞を生み出す元となる細胞は生き延び、種の維持、個体の再生に働いています。当研究室ではこのような「死なない」細胞の維持機構を、ゲノムDNAに注目し研究しています。

ゲノム(遺伝情報)は生物のデザインを決める地球上でもっとも重要な情報です。しかしゲノムを担う物質であるDNAは紫外線や化学物質などで傷つきやすく、またその長い糸状構造が物理的な力にも弱く壊れやすい性質を持っています。そのため、ゲノムを安定に保つためにはDNAを修復する機構が必要です。

真核細胞のゲノムには特に壊れやすい領域が存在します。ゲノムの約10%を占めるリボソームRNA反復遺伝子(rDNA)はその1つです。当研究室の最近の研究により「死なない」細胞ではrDNAが完全に修復されてゲノムを安定に維持していることを発見しました。

### 主な研究テーマ

1. ゲノムの安定性維持機構
2. 細胞の不死化の分子機構
3. 増幅遺伝子の進化機構
4. 核小体とチェックポイント制御



図一 若返りの瞬間  
出芽酵母は分裂時に若返りを起こし、不死化した娘細胞を生み出す(左下の小さい細胞)。一方母細胞(右上の大きい細胞)は分裂の度に老化が進み約20回の分裂で死んでしまう。母細胞の丸い輪は娘細胞を生んだ痕。

Figure - The Moment of Rejuvenation  
Budding yeast divides asymmetrically. The daughter cell (left, smaller) rejuvenates and immortalizes. While, the mother cell (right, bigger) ages by cell division. The circles on the mother are scars that are traces of budding.

## Molecular Biology of Rejuvenation

Organisms are alternating generations and maintaining their species. During the period, though most cells age to die, some of them, such as germ line and stem cells, survive and maintain their species and individuals ("long-life cells"). We study how those cells "rejuvenate" and keep the integrity of genome.

Genome is the most important information on the earth that determines the design of life. In contrast, DNA that carries the genome is sensitive to ultraviolet and other chemicals. In addition, due to its filamentous structure, DNA is subject to physical shearing.

In eukaryotic cells, the genome has several "fragile" sites that are especially unstable. The ribosomal RNA gene repeat (rDNA) is the biggest one. The repeat occupies ~10% of yeast genome. Recently, we found that in the long-life cells the rDNA repeat is intensively repaired and the capability of cell division is recovered.

### Research themes

- 1, Mechanisms to maintain the genome stability
- 2, The relationship between genome stability, cellular aging and tumorigenesis
- 3, Evolution of repeating genes
- 4, The nucleolus and checkpoint control

Ide, S., Miyazaki, T., Maki, H., and Kobayashi, T. (2010). Abundance of ribosomal RNA gene copies maintains genome integrity. *Science* 327, 693-696.

Ganley, A.R.D., Ide, S., Saka, K., and Kobayashi, T. (2009). The effect of replication initiation on gene amplification in the rDNA and its relationship to aging. *Mol. Cell* 35, 683-693.

Iida, T., Nakayama, J., and Moazed, D. (2008). siRNA-mediated heterochromatin establishment requires HP1 and is associated with antisense transcription. *Mol. Cell* 31, 178-189.

Ganley, A.R.D., and Kobayashi, T. (2007). Highly efficient concerted evolution in the ribosomal DNA repeats: Total rDNA repeat variation revealed by whole-genome shotgun sequence data. *Genome Res.* 17, 184-191.

Kobayashi, T., and Ganley, A. R. D. (2005). Recombination regulation by transcription-induced cohesin dissociation in rDNA repeats. *Science* 309, 1581-1584.

Ganley, A.R.D., Hayashi, K., Horiuchi, T., and Kobayashi, T. (2005). Identifying gene-independent noncoding functional elements in the yeast ribosomal DNA by phylogenetic footprinting. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 102, 11787-11792.

## 荒木研究室 Araki Group

<http://www.nig.ac.jp/labs/MicGen/index.html>

荒木弘之  
教授 理博  
ARAKI, Hiroyuki  
D. Sc., Professor



田中誠司  
助教 博(理)  
TANAKA, Seiji  
D. Sc., Assistant Professor



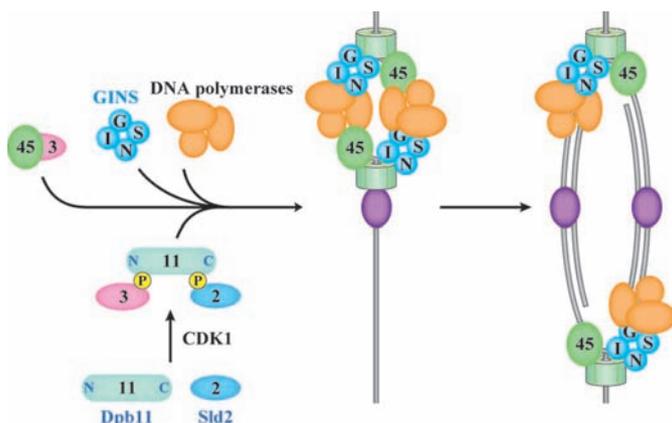
日詰光治  
助教 博(理)  
HIZUME, Koji  
D. Sc., Assistant Professor



## 真核生物染色体のDNA複製機構とその細胞周期による調節

染色体DNAは、細胞周期のS期に一度だけ正確に複製され、娘細胞に分配されてゆきます。この機構により、遺伝情報は親から子に過不足無く正確に伝わります。しかし、真核生物の染色体DNAの複製がどのように行われ、どうしてS期だけに複製されるのか、その詳細はよく分かっていません。本研究室ではこの問題に答えるため、出芽酵母を真核生物のモデル系として、染色体DNA複製機構の研究を行なっています。

染色体DNAの複製は、細胞周期により制御されています。サイクリン依存性キナーゼ(CDK)は、種々のタンパク質をリン酸化することにより細胞周期を制御していますが、染色体DNAの複製においても、その開始を促進するとともに重複した開始が起こらないようにしています。我々は、複製タンパク質Sld2とSld3がCDKによりリン酸化されると、もう一つの複製タンパク質であるDpb11と結合して、複製を開始することを示しました。しかし、この結合がどうして複製を開始させるのかは分かりません。そこで、複製開始の分子機構を研究する一環として、CDKによる複製開始の制御機構の研究も行なっています。



図一 DNA複製の開始。細胞周期のG1期後期からCDKが活性化するとSld2とSld3がリン酸化されDpb11に結合する。これらの結合がDNAポリメラーゼを含む複製因子の複製開始領域への集合を促進し複製が開始する。

Figure - Initiation of DNA replication. When CDK is activated from G1/S boundary, Sld2 and Sld3 are phosphorylated and bind to Dpb11. These interactions promote assembly of replication proteins including DNA polymerases to origins and then DNA replication starts.

## Molecular mechanism of eukaryotic DNA replication in the cell cycle

Chromosome DNA is replicated accurately in accordance with the cell cycle and segregated to daughter cells. This process ensures cells to transmit accurate genomic information to their progeny. However, molecular mechanism of DNA replication and its regulation in eukaryotic cell cycle have not been well elucidated. To approach this subject, we have isolated novel replication factors of budding yeast and analyzed their functions.

Eukaryotic chromosome is replicated exactly once in the S-phase of the cell cycle. Cyclin-dependent kinase (CDK), a key cell cycle engine, inhibits re-replication as well as promotes the initiation step of DNA replication. We have revealed that CDK promotes DNA replication through the phosphorylation-dependent interaction between replication proteins; Sld2 and Sld3 proteins are phosphorylated by CDK and then bind to Dpb11. Thus, if we bypass this interaction, DNA replicates without CDK activity. However, it is not elucidated how the interaction between these proteins promotes DNA replication. Therefore, we have been studying molecular mechanism of the initiation step in chromosomal DNA replication, which requires CDK activity.

Muramatsu, S., Hirai, K., Tak, Y-S., Kamimura, Y., and Araki, H. (2010). CDK-dependent complex formation between replication proteins, Dpb11, Sld2, Pol and GINS in budding yeast. *Genes & Dev.* 24, 602-612.

Tanaka, S., Tak, Y-S., and Araki, H. (2007). The role of CDK in the initiation step of DNA replication in eukaryotes. *Cell Division* 2,16.

Tanaka, S., Umemori, T., Hirai, K., Muramatsu, S., Kamimura, Y., and Araki, H. (2007). CDK-dependent phosphorylation of Sld2 and Sld3 initiates DNA replication in budding yeast. *Nature* 445, 328-332.

Tak, Y-S., Tanaka, Y., Endo, S., Kamimura, Y., and Araki, H. (2006). A CDK-catalysed regulatory phosphorylation for formation of the DNA replication complex Sld2-Dpb11. *EMBO J.* 25, 1987-1996.

Walter, J. C., and Araki, H. (2006). Activation of pre-replication complexes. In *DNA Replication and Human Disease* (ed. DePamphilis, M. L.), pp. 89-104, Cold Spring Harbor Laboratory Press, NY.

Iida, T., and Araki, H. (2004). Non-competitive counteractions of DNA polymerase and ISW2/yCHRAC for epigenetic inheritance of telomere-position effect in *Saccharomyces cerevisiae*. *Mol. Cell. Biol.* 24, 217-227.

## Boccard 研究室 Boccard Group



ブッカ, フレデリック  
客員教授 (CNRS 分子遺伝学研究センター, 所長)  
BOCCARD, Frédéric  
Adjunct Professor (Directeur de recherche, Centre de Genetique Moleculaire du CNRS)

## 上田研究室 Ueda Group



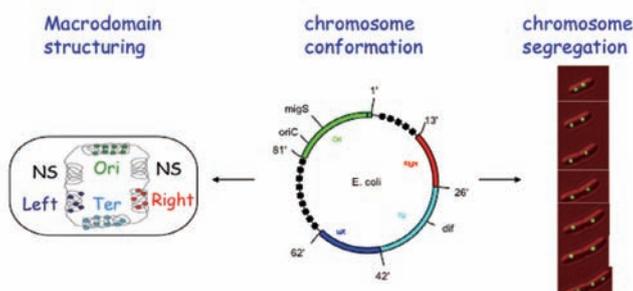
上田泰己  
客員教授 (理研 CDB プロジェクトリーダー)  
UEDA, Hiroki  
Adjunct Professor (Project Leader, RIKEN Center for Developmental Biology)

## 原核細胞の染色体動態

原核細胞の染色体 DNA は種々の因子の作用により、凝縮されていることが明らかとなってきたが、依然として不明な点もまだ多い。私たちは、遺伝学的な研究に蛍光顕微鏡観察による解析を加え、原核細胞の染色体構造内にマクロドメインというサブ構造が存在することを見いだした。マクロドメインは約 1 Mbp の領域から成り、DNA の動態はこのマクロドメインの空間的配置と関係する。マクロドメインの一つは、この内部の配列とこれに結合する MatP タンパク質により維持されていることを発見した。これらの因子の欠損により異常が起る事から、正しいマクロドメインの形成は染色体の維持に重要であることが分かる。私たちの研究の最終目的は、マクロドメイン形成の分子機構を解き明かし、染色体の維持における意義を明らかにする事である。これを達成すべく、1) Ter マクロドメイン形成における MatP、2) その他のマクロドメイン形成機構、3) マクロドメインの染色体維持における役割、を中心に研究を進めている。

## Dynamics of Bacterial Chromosome

The way bacteria compact their chromosome remains elusive even though a number of factors involved in DNA condensation have been identified. Using genetics and fluorescence microscopy, we demonstrated the existence of Macrodomains; large regions of about 1 Mb, and showed that DNA dynamics correlates the macrodomain topography of the chromosome. We identified the factor MatP that, by interacting with a repeated motif, organizes one of the macrodomain. Proper conformation and organization of macrodomains are important for chromosome management as inactivation of the structuring factor is highly detrimental. The main goal of our project is to characterize the molecular mechanisms used to structure macrodomains and to identify the role they play in chromosome management. To achieve this goal, three aspects are studied: i) MatP Structuring of the Ter MD, ii) Structuring processes of other MDs, iii) role of Macrodomains in chromosome management.



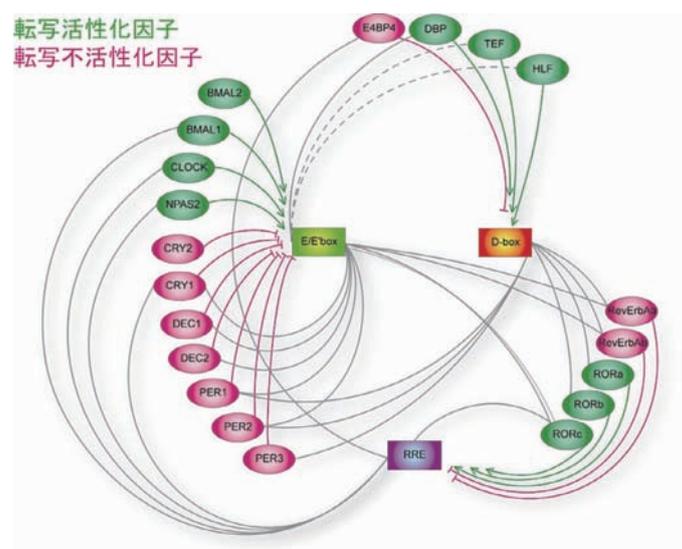
図一 原核細胞の染色体の細胞内構造とその分離・分配  
Figure - Conformation and dynamics of the bacterial chromosome

## 「時間」のシステム生物学

哺乳類の体内時計など、最終的に個体の振る舞いとして生物の時間を表現する複雑な生命現象を系統的に理解するために、分子・細胞・組織・個体の階層縦断的な研究手法・研究戦略 (同定・解析・制御・設計) を構築し遂行する。それらの過程で確立した基盤技術・研究戦略を発生・再生現象のような時間的・空間的な制御を必要とする他の複雑な生命現象にも応用していく。

## Systems Biology of "Time"

One of the major challenges in current biology is system-level understanding of dynamic and complex biological phenomena. The laboratory for systems biology has specific aims at development of the systems-biological technologies to dissect dynamic and complex biological systems, that covering atomic-level to molecular-level, cellular/tissue-level and organism-level, and their application for system-level understanding of the dynamic and complex organism-level biological processes such as mammalian circadian rhythm and early embryogenesis.



図一 哺乳類概日時計の転写制御ネットワーク図  
Figure - The transcription network of a mammalian circadian clock

上田研究室のホームページ: <http://www.cdb.riken.jp/lsb/jpn/index.html>

# 広海研究室 Hiromi Group

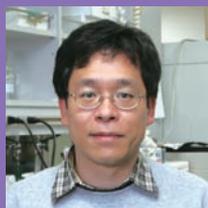
<http://www.nig.ac.jp/labs/DevGen/hiromi.html>



広海 健  
教授 理博  
HIROMI, Yasushi  
D. Sc., Professor



浅岡美穂  
助教 博(理)  
ASAOKA, Miho  
D. Sc., Assistant professor



林 貴史  
助教 博(理)  
HAYASHI, Takashi  
D. Sc., Assistant professor



## 器官構築の発生遺伝学

個体発生は受精卵がゲノム情報をもとに複雑な生物個体へと自律的に変化していく高度に秩序立った過程です。私たちはこの神秘的な現象の本質的理解に貢献すべく、以下のような研究を行っています。

1. 神経系では神経細胞同士が長い突起を介して連結し、情報を交換しあっています。私たちは「軸索」と呼ばれる神経細胞の突起が目には見えない「節」により区画化されていることを明らかにしました(図A)。この軸索の区画化が神経回路構築に果たす役割について調べています。
2. いくつかの器官には「幹細胞」と呼ばれる特別な細胞が存在し、寿命や損傷により失われた細胞に代わる新たな細胞を生み出して器官を維持しています。私たちは生殖巣を例に、通常の細胞からこの特殊な細胞が確立される機構を解析しています(図B)。
3. 組織や器官の構築過程では、個々の細胞は内的要因や外部環境に起因した様々な力学的影響にさらされています(図C)。これら力学的作用が個体発生に及ぼす影響について研究しています。

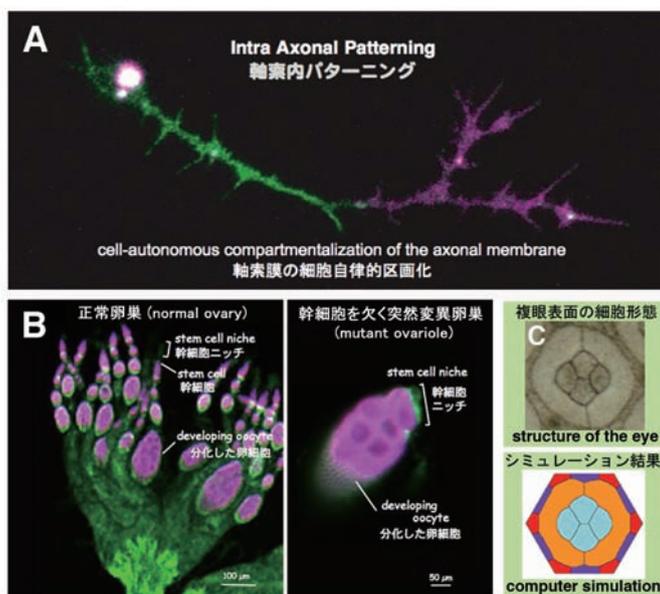


図 1 (A) 神経細胞。軸索が区画化されている。(B) 正常卵巣と幹細胞が形成されない突然変異体の卵巣。(C) 複眼の構造(上)と力学モデルに基づいたシミュレーション結果(下)。

Figure 1 - (A) An isolated neuron in culture. The axon is subdivided into two compartments. (B) A normal ovary and a mutant ovariole lacking germline stem cells. (C) The surface structure of the compound eye and its computer simulation.

## Developmental genetics of organogenesis

Construction of an organ requires a number of cellular events, such as proliferation, regional specification, and cell shape change. We are analyzing how the genomic information orchestrates these events, to discover new principles of organogenesis.

1. Cell-cell communication in the nervous system is achieved by long cellular processes --- the axon. We discovered that axons are subdivided into distal and proximal compartments, each containing distinct membrane proteins (Figure A). We are studying how such compartmentalization contributes to neural network formation.
2. Organ maintenance depends on "stem cells", a specialized cell type that supplies differentiating cells throughout animal life. We study how stem cells are established during gonadogenesis of the *Drosophila* ovary (Figure B).
3. During organogenesis individual cells are continuously exposed to physical forces of intrinsic and extrinsic origin (Figure C). We study how such forces affect and contribute to animal development.

Katsuki, T., Ailani, D., Hiramoto, M., and Hiromi, Y. (2009). Intra-axonal patterning: intrinsic compartmentalization of the axonal membrane in *Drosophila* neurons. *Neuron* 64, 188-199.

Williams, D.W., Kondo, S., Krzyzanowska, A., Hiromi, Y., and Truman, J.W. (2006). Local caspase activity directs engulfment of dendrites during pruning. *Nature Neuroscience* 9, 1234-1236.

Hiramoto, M., and Hiromi, Y. (2006). ROBO directs axon crossing of segmental boundaries by suppressing responsiveness to relocated Netrin. *Nature Neuroscience* 9, 58-66.

Kanai, M.I., Okabe, M., and Hiromi, Y. (2005). seven-up controls switching of transcription factors that specify temporal identities of *Drosophila* neuroblasts. *Developmental Cell* 8, 203-213.

Asaoka, M., and Lin, H. (2004). Germline stem cells in the *Drosophila* ovary descend from pole cells in the anterior region of the embryonic gonad. *Development* 131, 5079-5089.

Hayashi, T., and Carthew, R.W. (2004). Surface mechanics mediate pattern formation in the developing retina. *Nature* 431, 647-52.

勝木健雄, 広海健 (2008) 神経回路形成における構造・機能相関 - 軸索ガイダンス受容体はなぜ軸索内局在をするのか? 蛋白質核酸酵素 53, 537-543.

浅岡美穂 (2008) ショウジョウバエにおける生殖幹細胞ニッチとその形成機構. 細胞工学 27, 653-658.

林貴史 (2009) ショウジョウバエ視細胞の形態決定過程を支配する分子メカニズムとその数理モデル. 生物物理 49, 290-291.

# 清水研究室 Shimizu Group

<http://www.nig.ac.jp/labs/OntoGen/home.html>



清水 裕  
助教 工博  
SHIMIZU, Hiroshi  
D. Eng., Assistant Professor



## ヒドラの循環、消化機能発現機構の解析:進化生理学の創成

生理学は「生命現象を機能の側面から研究する生物学の一分野」であるが、現実的には医学への応用という観点からは哺乳類を対象にした研究がほとんどである。多細胞動物の生理機能が、進化の過程でどのように発達してきたかを明らかにすることは多細胞体制進化の研究にとって重要と考えられるが、そのような観点からの研究はほとんどおこなわれていないと言ってよい。我々は、発達した神経系をもつ多細胞動物としてもっとも原始的な刺胞動物に属するヒドラを用いて生理機能の進化過程を明らかにする試みをおこなっている。これまで、拡散によるとされてきた消化、循環機能発現が、ほ乳類と同様なぜん動や、拍動的な動きに依存することを明らかにした(Shimizu et al., 2003; Shimizu et al., 2004)。また、それらを制御する神経系の機能が、高等動物がもつ自律神経系のそれと非常によく似た特徴を有することを明らかにした(Shimizu & Okabe, 2007)。また最近の研究から、ヒドラの1センチに満たない長さの消化管が、部域に依存して食道的な運動をおこなう部位と、小腸的な運動機能をおこなう部位に領域化していることを明らかにした。この領域化の機構は未解明であり現在その解析をおこなっている。



図一 ヒドラ体幹から作成した食道組織の給餌後10分後から30分後までの変化。体幹上部組織はヒドラ消化管の中で口にも近い。この部分の組織を多数の個体から切り出し、釣り糸を通して移植した結果、食道ぜん動能(一方向への物質輸送能)が全域で高い状態を実現できる。一方、体幹下部組織の移植ではこれと異なる小腸的なぜん動がみとめられる。このように、ヒドラの盲管状で、かつ短い消化管内でもすでに機能的な領域化が起こっており、領域化が比較的高等動物に特異的ではない事を示している。

Figure - Esophageal reflex movement during 10-30 min. after feeding. The tissue was constructed by excising donut ring of upper body column tissue from many polyps and grafting them in tandem like chain of beads. By this grafting, an animal that functions like esophagus can be made. If the grafting is performed by using lower body column tissue, intestinal tissue like tube that has high capacity of peristaltic reflex can be made. These observations demonstrate that regional specification of the digestive tract which is thought to be specific to relatively higher metazoans is present already in Hydrozoa of phylum cnidaria.

## Genetic analysis of circulatory and digestive mechanisms in Hydra: creation of evolutionary physiology

How multicellular organisms obtained and developed various physiological functions is a very important and interesting problem in metazoan evolution. However, available information about the issue is very much limited because practical area of research of physiology is restricted to mammals because of its potential applicability to medical science. Our group has been involved in studying the mechanism of physiology of hydra. The research has yielded findings that digestive and circulatory functions of hydra involve movements such as peristalsis and pumping movements implying that these movements were invented in the very early stage of metazoan evolution (Shimizu et al., 2003; Shimizu et al., 2004). Also, it was found that the neural regulation of digestive and circulatory functions share basic characteristic features with the autonomic nervous system of mammals (Shimizu & Okabe, 2007). Recent research development has revealed that regional specification of the digestive tract that is a noticeable feature of higher organisms is observed in hydra, and that its genetic background is different from other organisms involving *CnOtx*, an orthologue of *Otx* in hydra. This is in sharp contrast with mammalian digestive tract where *Hox* orthologues play a major role. The mechanism of the regional specification is being investigated.

Shimizu, H., and Namikawa, H. (2009). The body plan of the cnidarian medusa: distinct differences in positional origins of polyp tentacles and medusa tentacles. *Evol Dev.* 11, 619-621.

清水 裕、並河 洋 (2009) クラゲ形の起源と進化 科学 3月号 398-404. 岩波書店

清水 裕 (2009) ヒドラ共通祖先の体制を垣間みることができる「生きた化石」細胞工学別冊「バイオリソース&データベース活用術」181-183. 学研メディカル秀潤社

Shimizu, H. (2008). Overturning the prejudices about hydra and metazoan evolution. In "Evolutionary biology: from concepts to applications" Springer

Shimizu, H., Aufschnaiter, R., Li L., Sarras, M.P. Jr, Borza, D.B., Abrahamson, D.R., Sado, Y., and Zhang, X. (2008). The extracellular matrix of hydra is a porous sheet and contains type IV collagen. *Zoology* 111, 410-418.

Shimizu, H., Takaku, Y., Zhang, X. and Fujisawa, T. (2007). The aboral pore of hydra: evidence that the digestive tract of hydra is a tube not a sac. *Dev. Genes Evol.* 217, 563-568.

Shimizu, H., and Okabe, M. (2007). Evolutionary origin of autonomic regulation of physiological activities in vertebrate phyla. *J Comp. Physiol. A* 193, 1013-1019.

清水 裕、岡部正隆 (2007) 消化管の進化的起源. 蛋白質 核酸 酵素.

岩里研究室

Iwasato Group

http://www.nig.ac.jp/section/iwasato/iwasato-j.html



岩里琢治  
教授 理博  
IWASATO, Takuji  
D. Sc. Professor



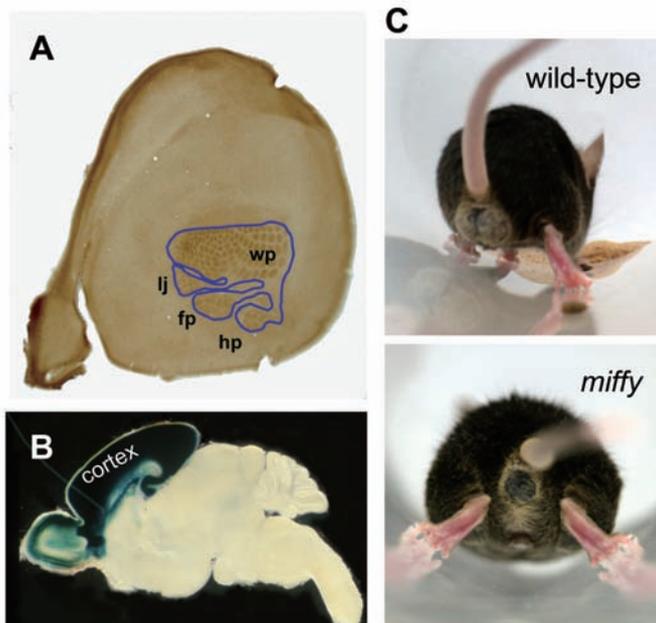
水野秀信  
助教 博(理)  
MIZUNO, Hidenobu  
D. Sc. Assistant Professor



マウスを用いた神経回路発達の分子から個体までの統合的解析

哺乳類の脳が持つ高度な情報処理能力の基盤となるのは、複雑でありながら精緻に構築された神経回路です。その発達を理解するためには、分子から動物個体までの統合的な研究が必要です。本研究室では、マウス遺伝学およびその周辺技術を活用し、二つの相互に関連したアプローチで、神経回路が発達し機能する仕組みの解明を目指しています。

1. 高等動物の神経回路の正常な発達には、子どもの時期に外界から適切な刺激を受けることが重要と考えられています。その仕組みの解明に、げっ歯類の体性感覚系にみられる特徴的な組織学的構造である「バレル」を主要なモデルとして取り組んでいます。
2. 私達は最近、 $\alpha$ キメリンという蛋白質が運動系の神経回路形成の鍵となる働きをすることを発見しました。 $\alpha$ キメリンは、その発現パターンや性質から、神経回路発達のより広範な局面で重要な働きをすることが期待されます。この課題に、様々な種類の変異マウスを用いて取り組んでいます。



図一 (A) 大脳皮質第4層切片のCO染色。体性感覚地図(青線)のヒゲ対応領域 (wp) に見える斑点がバレル。(B) Cre/loxP法による大脳皮質特異的遺伝子操作。(C)  $\alpha$ キメリン遺伝子変異マウス (miffy) の左右対称性歩行(下図)。

Figure 1— (A) Barrels are visible in the whisker pad (wp) representation area of the somatosensory cortex (blue line). A CO-stained tangential section of the cerebral cortex layer 4. Lower jaw (lj), forepaw (fp) and hind paw (hp) representation areas are shown. (B) Cre-mediated cortex-specific gene manipulation. (C) A hopping gait of -chimerin mutant ( miffy ) mouse.

Neuronal Circuit Development in the Mouse Brain

To understand development of complex yet sophisticated neuronal circuits underlying higher brain function of mammals, integrative studies which cover from molecules to whole animals are indispensable. By taking advantage of mouse genetic technologies and resources which have been tremendously improved in the past decades, we will study mechanisms of development and function of mammalian neuronal circuits. Specific Aims:

1. In the somatosensory system of the mouse, formation and refinement of neuronal circuits which connect the peripheral sensory organ and cortex can be detected morphologically as "barrel" patterning. We have been studying molecular mechanisms of barrel patterning as a model of activity-dependent circuit maturation, by developing and using mouse genetic methods.
2. In a wide range of neuronal circuit development, signaling from cell surface receptors to actin cytoskeleton plays important roles. However, these mechanisms are poorly understood. We recently identified  $\alpha$ -chimerin as an unexpected key signaling molecule in axon guidance of motor-circuits. We will study roles of  $\alpha$ -chimerin in various aspects of neuronal circuit development such as axon guidance, synapse formation and activity-dependent circuit refinement.

Iwasato, T., Inan, M., Kanki, H., Erzurumlu, R.S., Itohara, S., and Crair, M.C. (2008). Cortical adenylyl cyclase 1 is required for thalamocortical synapse maturation and aspects of layer IV barrel development. *J. Neurosci.* **28**, 5931-43.

Iwasato, T., Katoh, H., Nishimaru, H., Ishikawa, Y., Inoue, H., Saito, Y.M., Ando, R., Iwama, M., Takahashi, R., Negishi, M., and Itohara, S. (2007). Rac-GAP -chimerin regulates motor-circuit formation as a key mediator of ephrinB3/EphA4 forward signaling. *Cell* **130**, 742-753.

Iwasato, T., Nomura, R., Ando, R., Ikeda, T., Tanaka, M., and Itohara, S. (2004). Dorsal telencephalon-specific expression of Cre recombinase in PAC transgenic mice. *Genesis* **38**, 130-138.

Iwasato, T., Datwani, A., Wolf, A.M., Nishiyama, H., Taguchi, Y., Tonegawa, S., Knöpfel, T., Erzurumlu, R.S., and Itohara, S. (2000). Cortex-restricted disruption of NMDAR1 impairs neuronal patterns in the barrel cortex. *Nature* **406**, 726-731.

Erzurumlu, R.S., and Iwasato, T. (2006). Patterning of the somatosensory maps with NMDA receptors. In *Development and plasticity in sensory thalamus and cortex*. Erzurumlu, R.S., Guido, W. and Molner Z. ed. New York, Springer P.158-182.

岩里琢治 (2009) 中枢神経回路の活動依存的精緻化—マウス体性感覚野に「バレル」が形成される仕組み—. *生物の科学 遺伝* **63**, 79-85.

岩里琢治 (2006) 体性感覚野(バレル野)発達の分子・細胞メカニズム. *実験医学 (増刊号)* **24**, 60-67.

# 川上研究室 Kawakami Group

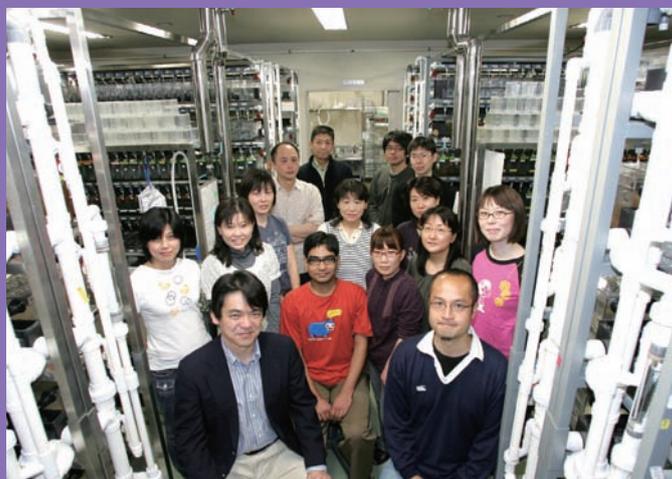
http://kawakami.lab.nig.ac.jp/



川上浩一  
教授 理博  
KAWAKAMI, Koichi  
D. Sc., Professor



浅川和秀  
助教 博(理)  
ASAKAWA, Kazuhide  
D. Sc., Assistant Professor

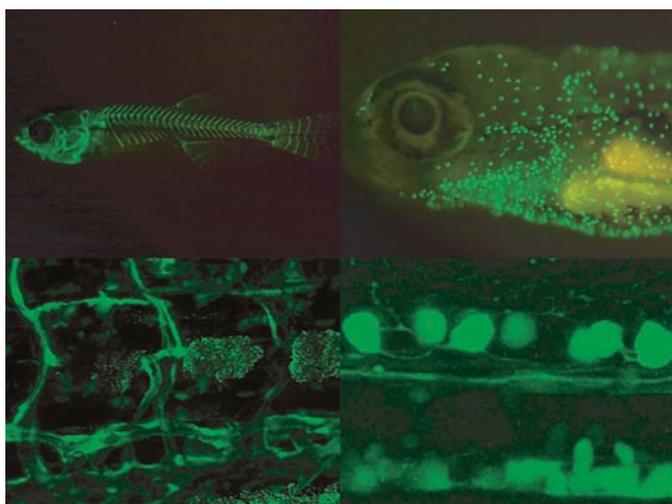


## ゼブラフィッシュ高次生命現象の遺伝学的解析

小型熱帯魚ゼブラフィッシュ (*Danio rerio*) は、多数の個体の繁殖と飼育が容易であること、体外受精し胚が透明であるため初期発生過程の観察・操作が容易であることから、脊椎動物の形態形成・器官形成・行動など高次生命現象を遺伝学的に研究するためのモデル動物として優れています。

我々は、メダカトランスポゾン *Tol2* を用いてゼブラフィッシュにおける効率のよい遺伝子導入法の開発、さらには遺伝子トラップ法・エンハンサートラップ法の開発に世界で初めて成功してきました。この方法を用いてトランスジェニックフィッシュを作製し、さまざまな組織・細胞・器官を可視化することにより、器官形成や形態形成研究を行っています。またその過程において、重要な働きをする新規遺伝子を発見しています。さらに、我々はゼブラフィッシュにおいて Gal4-UAS システムの開発にも成功しました。このシステムを用いて特異的な神経回路の活性を阻害あるいは活性化し、脊椎動物の行動を制御する特定の神経回路を明らかにしようとしています。

我々の研究室では、このような独自に開発した遺伝学方法論を実施することにより作製されたトランスジェニックフィッシュや発見された遺伝子をもとにして、脊椎動物の高次生命現象を支配する遺伝学的基盤、分子的基盤を理解するための研究を行っています。



図一 遺伝子トラップ・エンハンサートラップ法による細胞・組織・器官特異的 GFP 発現。(左上)骨格。(右上)表皮上の細胞。(左下)血管。(右下)感覚神経。

Figure - GFP expression in specific cells, tissues and organs by gene trapping and enhancer trapping. (upper, left) skeleton, (upper, right) cells on the skin, (lower, left) blood vessels, (lower, right) sensory neurons.

## The genetic basis of development and behaviors in zebrafish

Zebrafish is an excellent model vertebrate because of high fecundity, rapid embryonic development, transparency at the embryonic stages and inexpensive and easy breeding procedures. We have developed a highly efficient transgenesis method in zebrafish by using the *Tol2* transposable element. Further, we have developed the gene trap and enhancer trap methods and performed genetic screens for transgenic fish that express the GFP reporter gene or the yeast Gal4 transcription activator in specific cells, tissues and organs. These transgenic fish are valuable resources for developmental biology and neuroscience. Especially, we can manipulate the function of desired cell types by targeted expression via the Gal4-UAS system. We aim to disclose genetic and molecular mechanisms underlying complex developmental processes and behaviors of the vertebrate.

Suster, M. L., Sumiyama, K., and Kawakami, K.  
Transposon-mediated BAC transgenesis in zebrafish and mice.  
*BMC Genomics*. 10, 477 (2009).

Koide, T., Miyasaka, N., Morimoto, K., Asakawa, K., Urasaki, A., Kawakami, K., and Yoshihara, Y.  
Olfactory neural circuitry for attraction to amino acids revealed by transposon-mediated gene trap approach in zebrafish.  
*Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106, 9884-9889 (2009).

Picker, A., Cavodeassi, F., Machate, A., Bernauer, S., Hans, S., Abe, G., Kawakami, K., Wilson, SW., and Brand, M.  
Dynamic coupling of pattern formation and morphogenesis in the developing vertebrate retina.  
*PLoS Biol* 7(10):e1000214 (2009)

Urasaki, A., Asakawa, K., and Kawakami, K.  
Efficient transposition of the *Tol2* transposable element from a single-copy donor in zebrafish  
*Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 105, 19827-19832 (2008).

Asakawa, K., and Kawakami, K.  
Targeted gene expression by the Gal4-UAS system in zebrafish  
*Development Growth & Differentiation* 50, 391-399 (2008).

Kotani, T., and Kawakami, K.  
*misty somites*, a maternal effect gene identified by transposon-mediated insertional mutagenesis in zebrafish that is essential for the somite boundary maintenance.  
*Developmental Biology* 316, 383-396 (2008).

Asakawa, K., Suster, M.L., Mizusawa, K., Nagayoshi, S., Kotani, T., Urasaki, A., Kishimoto, Y., Hibi, M., and Kawakami, K.  
Genetic dissection of neural circuits by *Tol2* transposon-mediated Gal4 gene and enhancer trapping in zebrafish.  
*Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 105, 1255-1260 (2008).

Nagayoshi, S., Hayashi, E., Abe, G., Osato, N., Asakawa, K., Urasaki, A., Horikawa, K., Ikeo, K., Takeda, H., and Kawakami, K.  
Insertional mutagenesis by the *Tol2* transposon-mediated enhancer trap approach generated mutations in two developmental genes: *tcf7* and *synembryn-like*.  
*Development* 135, 159-169 (2008).

Kawakami, K.  
*Tol2*: a versatile gene transfer vector in vertebrates.  
*Genome Biology* 8, Suppl 1:S7 (2007).

# Stern研究室 Stern Group



スターン, デヴィッド  
客員教授(プリンストン大学教授)  
STERN, David L.  
Adjunct Professor (Professor, Princeton University)

# Kimble研究室 Kimble Group



キンブル, ジュディス E.  
客員教授(ウイスコンシン大学教授)  
KIMBLE, Judith E.  
Adjunct Professor (Professor, University of Wisconsin)

## 形態と行動の進化の遺伝的要因

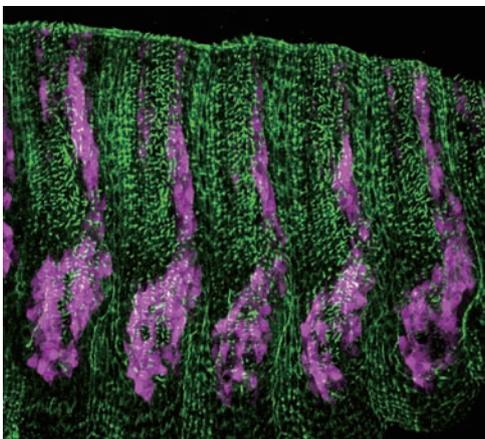
私たちの目標は形態と行動の多様性を作り出した遺伝子とその中の変異座位を見いだすことです。形態、生理、行動や生態に大きな違いがあるキロショウジョウバエグループのいくつかの種を対象にし、形質進化の分子生物学的解析のためのゲノムリソースや遺伝学的ツールを開発しています。

形態の進化の解析では、形態変化を引き起こしたシス調節配列の変化に着目してきました。単独では小さな効果しかもたない変異が複数のエンハンサー領域で起こり、それらの効果が積み重なることによって大きな形態変化をもたらされることを発見しました。現在、これらのシス調節配列に結合する転写因子の同定を行っています。

## Genetic causes of the evolution of morphology and behavior

Our goal is to identify the genes and, ultimately, the individual nucleotides that have generated diversity of form and behavior. Much of our work is focused on a group of closely related species in the *Drosophila melanogaster* species group. These species display enormous morphological, physiological, behavioral, and ecological diversity. We are developing a set of genomics and genetics tools to accelerate molecular analysis of phenotypic evolution in this group of species.

Our work on the evolution of form has focused on the cis-regulatory changes that led to morphological evolution between closely related species of *Drosophila*. We have discovered that these morphological changes arose by the accumulation of multiple cis-regulatory mutations of very small effect that have accumulated in many independent enhancers. We are now working to identify the transcription factors that bind to these evolving cis-regulatory enhancers.



図一 ショウジョウバエの *shavenbaby* 遺伝子のシス調節エンハンサーは、毛状突起(緑)を分化する細胞の一部の細胞(マゼンタ)でのみ転写を誘導する。このパターンと重なったり相補的だったりするパターンを誘導するエンハンサーも存在する。

Figure - One of the cis-regulatory enhancers of the *shavenbaby* gene drives gene expression in the *Drosophila* embryo in a subset of the cells (magenta) that differentiate trichomes (green). Other *shavenbaby* enhancers drive expression in partially overlapping and complementary patterns.

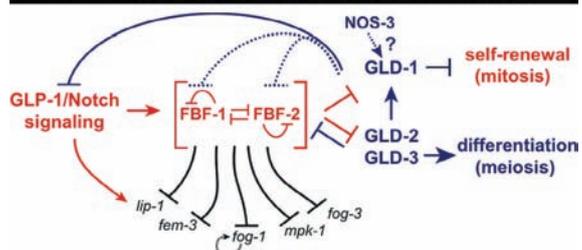
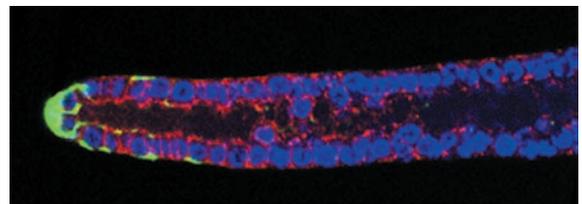
Stern研究室のホームページ: <http://www.princeton.edu/~dstern/>

## 生殖幹細胞とそのニッチの制御

私たちの研究室は線虫 *C. elegans* を用いて動物発生における2つの基本的問題を解析しています。一つは幹細胞がニッチによって維持され、その後分化状態へスイッチする機構です。特に、生殖幹細胞が減数分裂に入って精子や卵に分化する過程に焦点を絞っています。二つめは非対称分裂に関する研究です。生殖幹細胞のニッチを構成する体細胞を産み出す性特異的な非対称分裂を取り上げ、娘細胞間に大きさや運命の違いを作り出す機構を解析しています。これまでに生殖幹細胞が「自己複製」ど「分化」を選ぶ過程を制御する分子ネットワークを明らかにし、非対称分裂とニッチ形成を調節するWnt経路について新しい切り口を開拓しています。

## Controls of germline stem cells and their niche

My lab investigates two basic problems of animal development. First, how are stem cells maintained within their niche and then controlled to switch from a stem cell state to a differentiated state? Our work in this broad area focuses on controls of germline stem cells and their decision to enter meiosis and differentiate as sperm or oocyte. Second, how is an asymmetric cell division controlled to generate daughters that are distinct with respect to both size and fate? Our work in this second area focuses on a sexually dimorphic asymmetric cell division that generates regulatory somatic cells that form the niche for germline stem cells in both sexes. We use the nematode *C. elegans* to investigate these fundamental problems. Our studies began with genetics and cell biology, but now extend into biochemistry and systems biology. We have delineated a molecular network that controls the decision between germline self-renewal and differentiation, and discovered insights into the Wnt pathway and its control of both asymmetric cell divisions and niche specification.



図一 上、生殖幹細胞のニッチ(緑)は自己複製分裂のためのシグナルを産生する。青:核;赤:ニッチシグナルの受容体であるNotch。下、生殖幹細胞の自己複製と分化を制御する分子ネットワーク。赤:自己複製の因子;青:減数分裂の因子;黒:精子形成の因子。

Figure - Top, Distal Tip Cell (green) niche governs germline self-renewal by Notch signaling. Blue, nuclei; red, Notch receptor. Bottom, network controls decision between germline self-renewal or differentiation. Red, regulators of self-renewal; blue, regulators of meiotic entry; black, regulators of sperm fate.

齋藤研究室 Saitou Group

http://sayer.lab.nig.ac.jp



齋藤成也  
教授 Ph. D. 博(理)  
SAITOU, Nanyu  
Ph. D., D. Sc., Professor



隅山健太  
助教 博(理)  
SUMIYAMA, Kenta  
D. Sc., Assistant Professor



遺伝子/ゲノムレベルにおける生物進化

本研究室では生物の進化を遺伝子とゲノムレベルで、コンピュータ解析と実験の両面から研究している。興味の内容は人類にいたる霊長類・哺乳類の進化である。

- ヒトにいたる進化過程でのゲノム変化: 脊椎動物、哺乳類、霊長類などの各進化段階において、タンパク質のコード領域と非コード領域双方における様々な変化を、ゲノムデータの大規模比較により解析している。コード領域については遺伝子変換の解析や同義置換の生じない領域の解析を進めており、非コード領域についてはそれぞれの生物群で進化的に保存されている配列の同定とその機能推定を行なっている。
- 人類集団のDNA解析: 地球上に拡散した現代人の遺伝的近縁関係をアジアの集団を中心に調べている。古代DNA解析も試みている。
- 塩基配列多重整列法の開発: 新しいアルゴリズムに基づいて高速で大規模な多重整列を行なうシステムMISHIMAを開発し、ゲノム規模の配列解析に応用している。
- 発生制御の進化: 哺乳類における転写調節領域の進化を大規模ゲノムクローンの配列解析および遺伝子導入実験により解析している。
- その他の研究テーマ: 血液型遺伝子の進化、重複遺伝子の進化、霊長類近縁種間での遺伝子流入。

Evolution of organisms at genetic/genomic level

We study evolution of organisms at the genetic and genomic levels through computer analyses and wet experiments. We are particularly interested in primate and mammalian evolution toward human. Themes of our study are:

- Analysis of genome evolution toward human: Protein coding regions and non-coding regions are studied at different levels of organism groups, such as vertebrates, mammals, primates, and human. Ape Genome Project Silver is part of this program.
- Gene affinity analysis of human populations: We are studying evolutionary history of modern humans, in particular, Asian populations, using various polymorphic DNA markers and Ancient DNA analysis.
- Development of nucleotide sequence multiple aligning system: We are developing new system MISHIMA based on new algorithm and are applying it for genome-scale sequence analyses.
- Evolution of developmental regulation: We are studying cis- control elements of the developmental genes by sequence analysis and gene transfer experiments of large scale genomic clones.
- Other themes: blood group gene evolution, duplicated gene evolution, and analysis of introgression between closely related species.

Sumiyama, K., Kawakami, K., and Yagita, K. (2010). A simple and highly efficient transgenesis method in mice with the Tol2 transposon system and cytoplasmic microinjection. *Genomics* (in press).

Kryukov, K., and Saitou, N. (2010). MISHIMA - a new method for high speed multiple alignment of nucleotide sequences of bacterial genome scale data. *BMC Bioinformatics* 11, 142.

Suster, M.L., Sumiyama, K., and Kawakami, K. (2009). Transposon-mediated BAC transgenesis in zebrafish and mice. *BMC Genomics* 16, 477.

Kitano, T., Noda, R., Takenaka, O., and Saitou, N. (2009). Relic of ancient recombinations in gibbon ABO blood group genes deciphered through phylogenetic network analysis. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 51, 465-471.

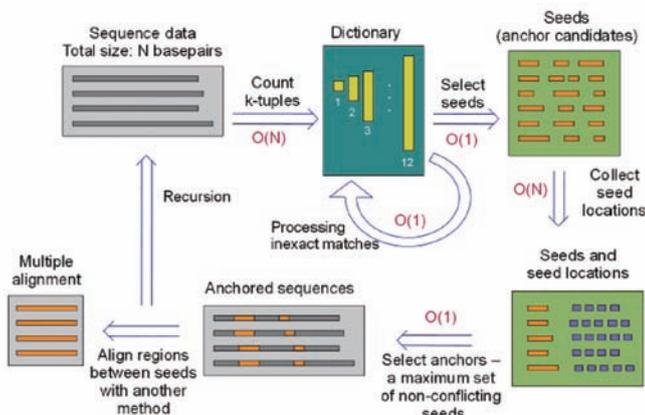
Takahashi, M., Krukov, K., and Saitou, N. (2009). Estimation of bacterial species phylogeny through oligonucleotide frequency distances. *Genomics* 93, 525-533.

Shimada, M. K., Hayakawa, S., Fujita, S., Sugiyama, Y., and Saitou, N. (2008). Skewed matrilineal genetic composition in a small wild chimpanzee community. *Folia Primatologica* 80, 19-32.

Liu, Y.-H., Takahashi, A., Kitano, T., Koide, T., Shiroishi, T., Moriwaki, K., and Saitou, N. (2008). Mosaic genealogy of the *Mus musculus* genome revealed by 21 nuclear genes from its three subspecies. *Genes and Genetic Systems* 83, 77-88.

Sasaki, T., Nishihara, H., ..., Sumiyama, K., Saitou, N., Shimogori, T., and Okada, N. (2008). Possible involvement of SINEs in mammalian-specific brain formation. *Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A* 105, 4220-4225.

Book written in Japanese: 齋藤成也 (2009) 自然淘汰論から中立進化論へ～進化学におけるパラダイム転換～. NTT 出版.



図一 MISHIMAシステムの多重整列手法と各ステップにおける計算上の複雑性。Kryukov and Saitou (2010)より。

Figure - Procedure of MISHIMA multiple alignment system and computational complexity of each step. From Kryukov and Saitou (2010).

# 高野研究室 Takano Group

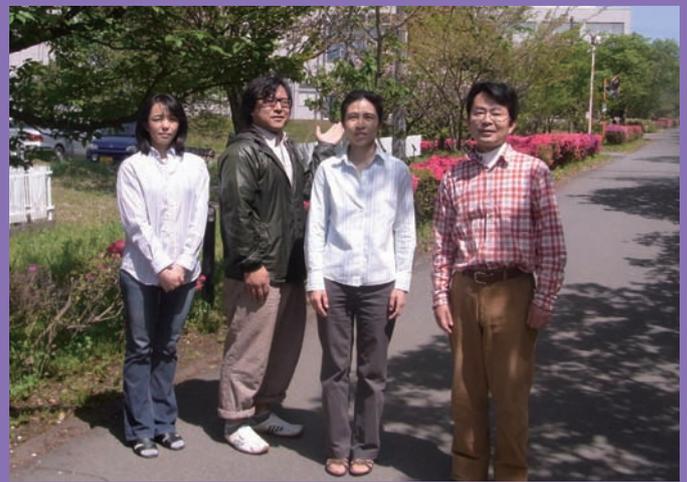
<http://www.nig.ac.jp/labs/PopGen/index.html>



高野敏行  
准教授 理博  
TAKANO, Toshiyuki  
D. Sc., Associate Professor



高橋 文  
助教 博(農)  
TAKAHASHI, Aya  
D. Ag., Assistant Professor

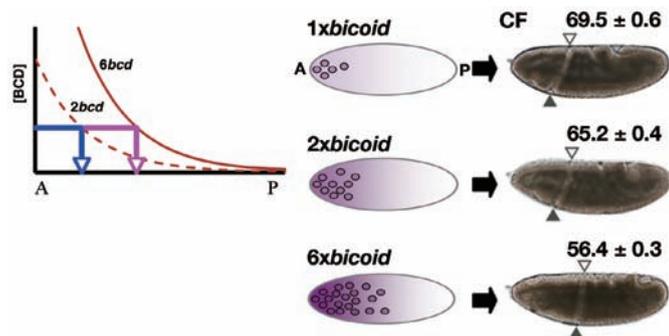


## 生物多様性と進化を支配する基本法則を探る

生命が30億年の長きに亘って連続と続いてきたのは、多様性を生み出す能力を有していたからです。この多様性の遺伝基盤と進化の基本法則の解明が私達のメインテーマです。私達は生物集団の動態を研究していますが、それは過去や現在の集団に留まりません。過去、現在を知り、未来を予測することは集団遺伝学の挑戦です。また、進化は無数の変異を自然淘汰のふるいで試す巨大な実験です。自然集団の解析を通して遺伝子の機能や遺伝子間相互作用の発見に役立てます。

現在、主にショウジョウバエを材料とした実験と理論的解析の両面から次の研究課題に取り組んでいます。

- 淘汰の検出と遺伝子ネットワークの構築法の開発
- 種分化機構
- 発生過程のノイズに対する調節機構
- 遺伝子の発現調節の補償進化
- 重複遺伝子の進化動態の理論的解析
- 標準突然変異スペクトラムの作成
- 形態進化



図一 BICOIDモルフォジェンの人工改変による胚の頭部境界を示す頭褶(CF)位置の移動。この胚の運命マップの変化はその後、調節され成体は野生型とほぼ変わらない。数字は前端(左)を100%EL、後端(右)を0%ELとした頭褶位置を表す。

Figure - Changing the number of bicoid gene causes the shifts of the cephalic furrow (CF). Nevertheless, adults appear to be mostly normal, indicating a repair system for this fate-map shifts. Average CF positions are given in percent egg length (anterior = 100% EL, left; posterior = 0% EL, right).

## Principles of genetic variation and evolution

In the framework of population genetics, understanding origin and maintenance mechanism of genetic diversity is central to our research; specifically, we are interested in development of reproductive isolation, morphological evolution, and detecting action of natural selection and genetic interactions.

While much of evolutionary study focuses on reconstruction of the "past" history, an important goal, in our study termed as Tomorlogy, is to predict future status of genes, gene networks, and populations. For this purpose, we are pursuing empirical, experimental, and theoretical studies, as exemplified by the following ongoing studies:

- Nonrandom-association analysis of natural variants for detection of multi-locus selection and gene-network construction
- Molecular mechanism of pre- and post-mating isolation
- Buffering mechanism against developmental noise
- Compensatory evolution of transcriptional regulation
- Theoretical study of evolutionary dynamics of duplicated genes
- Nature and population dynamics of spontaneous mutations
- Evolutionary mechanism of sexual and adaptive morphological traits

Tanaka, K. M., Takahashi, K. R., and Takano-Shimizu, T. (2009). Enhanced fixation and preservation of a newly arisen duplicate gene by masking deleterious loss-of-function mutations. *Genet. Res.* 91, 267-280.

Takahashi, A. (2009). Effect of exonic splicing regulation on synonymous codon usage in alternatively spliced exons of Dscam. *BMC Evol. Biol.* 9, 214.

Takahashi, K. R. (2009). Coalescent under the evolution of coadaptation. *Mol. Eco.* 18, 5018-5029.

Tatsuta, H., and Takano-Shimizu, T. (2009). High genetic differentiation between an African and a non-African strain of *Drosophila simulans* revealed by segregation distortion and reduced crossover frequency. *Genetica* 137, 165-171.

Watanabe, Y., Takahashi, A., Itoh, M., and Takano-Shimizu, T. (2009). Molecular spectrum of spontaneous de novo mutations in male and female germ line cells of *Drosophila melanogaster*. *Genetics* 181, 1035-1043.

Takahashi, K. H., Tanaka, K., Itoh, M., and Takano-Shimizu, T. (2009). Reduced X-linked rare polymorphism in males in comparison to females of *Drosophila melanogaster*. *J. Hered.* 100, 97-105.

# 明石研究室 Akashi Group

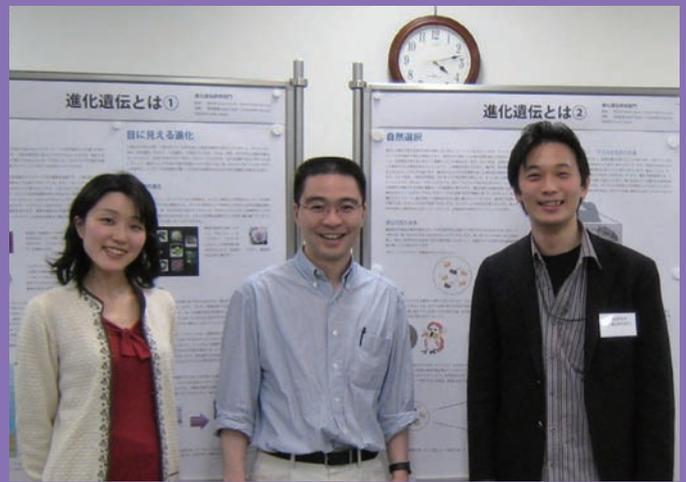
<http://www.nig.ac.jp/labs/EvoGen/index.html>



明石 裕  
教授 Ph. D.  
AKASHI, Hiroshi  
Ph. D. Professor



長田直樹  
助教 Ph. D.  
Oeada, Naoki  
Ph. D. Assistant Professor



## ゲノム進化のメカニズム

本研究室では、グローバルなゲノムの適応に着目してゲノム進化のメカニズムを解明するために、理論と実験を組み合わせた研究を行っています。現在の研究テーマは以下のようなものです。

- タンパク質の進化と生合成過程の研究  
タンパク質の構造は、細胞内での機能や生化学的特性を最適化するような自然選択によって形作られてきたと考えられます。それだけでなく、タンパク質の合成効率に働く自然選択もタンパク質の大きさ、アミノ酸組成、進化速度などを決めていると考えられます。本研究室では、遺伝子発現とタンパク質の進化パターンとの関連を研究することにより、代謝および翻訳効率に関わる適応機構を解明しています。
- 同義座位とタンパク質の進化の系統特異的なパターンの研究  
キロショウジョウバエとその近縁種の解析から、弱い淘汰と非平衡状態は、ショウジョウバエの分子進化の一般的特徴であることが示唆されています。
- 弱い力が変動しながら働く時の進化過程のモデル化  
突然変異間の連鎖と適合度の相互作用を組み入れたコンピューターシミュレーションを用いて、進化上の弱い淘汰を検出するための統計的手法を開発しています。

## Mechanisms of Genome Evolution

We combine theoretical and laboratory studies to identify mechanisms of genome evolution with a focus on global adaptations. Current interests in the lab include:

- Identifying biosynthetic constraints in protein evolution. Natural selection is thought to act upon protein structures to optimize biochemical properties related to their specific cellular functions. Selection for efficient synthesis may also be an important factor in determining the size, amino acid composition, and evolutionary rates of proteins but are less firmly established. We study relationships between gene expression and patterns of protein evolution to identify adaptation for metabolic and translational efficiency.
- Studying lineage-specific patterns of silent and protein evolution. Our studies of *Drosophila melanogaster* and its close relatives suggest that both weak selection and departures from steady-state are prevalent features of molecular evolution.
- Modeling evolutionary processes under a balance among weak forces that fluctuate. We employ computer simulations of weak selection with genetic linkage and fitness interactions among mutations to determine statistical methods to detect subtle forces in evolution.

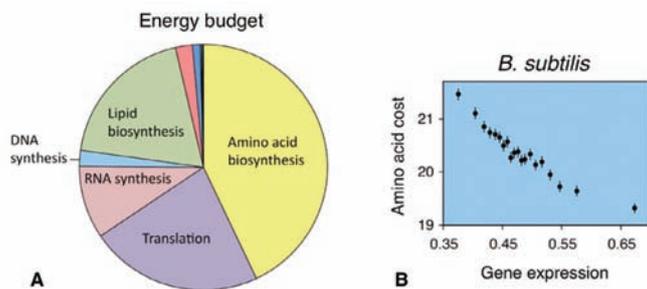


図 1 A) バクテリアでの生合成にかかるエネルギーの割合。バクテリアの細胞では約75%のエネルギーがタンパク質合成に使われています (Neidhardt et al. 1990)。B) エネルギーコストに関わるタンパク質の進化。枯草菌のゲノムを見てみると、量の多いタンパク質はコストの安いアミノ酸を使って合成されていることが分かります。

Figure 1 - Metabolic economics and microbial proteome evolution. A) Chemical energy allocations for biosynthesis of a bacterial cell. About 75% of the budget is used for protein synthesis. Based on data from *E. coli* (Neidhardt et al. 1990). B) Protein adaptation for energetic efficiency. In *Bacillus subtilis*, abundant proteins employ less energetically costly amino acids.

Drosophila sequencing consortium. (2007). Evolution of genes and genomes on the *Drosophila* phylogeny. *Nature* 450, 203-218.

Ko, W. Y., Piao, S., and Akashi, H. (2006). Strong regional heterogeneity in base composition evolution on the *Drosophila* X chromosome. *Genetics* 174, 349-362.

Akashi, H., Ko, W. Y., Piao, S., John, A., Goel, P., Lin, C. F., and Vitins, A. (2006). Molecular evolution in the *Drosophila melanogaster* species subgroup: Frequent parameter fluctuations on the timescale of molecular divergence. *Genetics* 172, 1711-1726.

Akashi, H. (2003). Translational selection and yeast proteome evolution. *Genetics* 164, 1291-1303.

Akashi, H., and Gojobori, T. (2002). Metabolic efficiency and amino acid composition in the proteomes of *Escherichia coli* and *Bacillus subtilis*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 99, 3695-3700.

Akashi, H. (2001). Gene expression and molecular evolution. *Curr. Op. Gen. Dev.* 11, 660-666.

## Hartl研究室 Hartl Group



ハートル, ダニエル  
客員教授(ハーバード大学教授)  
HARTL, Daniel L.  
Adjunct Professor (Professor, Harvard University)

## Clark研究室 Clark Group



クラーク, アンドリュー G.  
客員教授(コーネル大学教授)  
CLARK, Andrew G.  
Adjunct Professor (Professor, Cornell University)

## 生物進化と新種出現に関するプロセス

私の研究グループの研究は進化生物学と分子遺伝学の境界領域に位置し、遺伝子・ゲノム解析により生物進化や新種出現過程を明らかにしています。分子進化と分子生物学の進歩は相互に同調していると考えています。分子進化の研究は、多くの場合生物機能と分子メカニズムの情報を利用することにより、強化されます。私たちの研究室では、モデル生物(ショウジョウバエ、線虫、酵母、バクテリア)の利点を使い、また公衆衛生面でも関心の高い病原体(マラリア原虫 *P. falciparum*)などを用いて行っています。また、最先端の分子生物学的な実験手法や統計学の手法を用いています。最近、ゲノム学や遺伝子発現解析、クローニングとDNA塩基配列決定、タンパク質の三次元構造とアミノ酸配列の相関、さらにはマルコフ連鎖モンテカルロ法を用いた集団標本のベイズ分析などを用いています。

これらの研究アプローチは進化生物学のさまざまな根本的な問題に取り組むときに有用であります。

## Process about organisms evolve and new species come into being

Research in the Hartl laboratory is at the interface of evolutionary biology and molecular genetics. We study genes and genomes in order to learn about the processes by which organisms evolve and new species come into being. Our approach is guided by the philosophy that progress in molecular evolution and progress in molecular biology often go hand in hand.

Studies of molecular evolution are usually enhanced when they take advantage of information about biological function and molecular mechanism. Our research often takes advantage of model organisms (fruit flies, nematodes, yeast, bacteria) or organisms of interest in public health (the malaria parasite, *P. falciparum*). We also make use of state of the art molecular and statistical approaches. In recent years these have included genomics and gene-expression profiling, cloning and DNA sequencing, correlations of sequence data with three-dimensional protein structures, and Bayesian analysis of population samples implemented through Markov chain Monte Carlo methods.

These approaches can be used to address a wide variety of fundamental issues in evolutionary biology.

## 自然集団における適応的な変異の遺伝的基礎

当研究室では、多因子疾患の遺伝的基礎、特に良く知られている遺伝子制御ネットワークがその表現型の背景にある場合について研究をおこなっています。

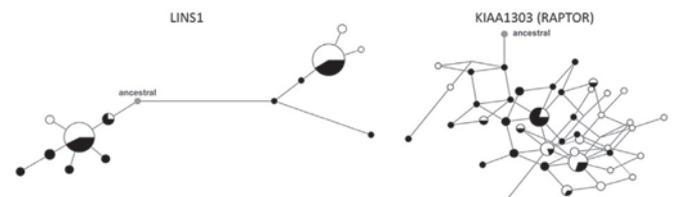
- ヒトの比較ゲノム学  
わたしたちは Celera 社と協力して、40人のヒトとチンパンジーについて遺伝子配列の解析をおこなっています。これらのデータは集団内の多型についての多くの知見をもたらす、適応進化を遂げた遺伝子のゲノムワイドでの検定方法を与えてくれるでしょう。
- 多因子疾患の遺伝的背景について  
一塩基置換多型(SNPs)は多因子疾患の原因となる遺伝子を同定するのに役立ちます。私たちは心疾患のリスクとなる遺伝子について、突然変異、組み換え、ヒトの移住、そして自然選択がヒト集団内の多様性にどうやって影響を与えてきたかについて研究をおこなっています。
- 代謝調節の進化  
わたしたちはショウジョウバエを用いて、脂質とグリコーゲンの貯蔵に関する遺伝的変異の研究をおこなっています。わたしたちの解析によって、中間代謝に関わる酵素は代謝の表現型に関して驚くほど多くの相互作用を示すことがわかりました。他に、昆虫の免疫、ショウジョウバエの性染色体進化、様々な集団遺伝学の理論的研究を行っています。

## Genetic basis of adaptive variation in natural populations

My lab studies the genetic basis for complex traits, especially in cases where there is a well understood gene regulatory network underlying the trait.

- **Human and comparative genomics:** In collaboration with Celera, we are analyzing sequences of the complete set of transcribed genes in 40 humans and chimpanzee. These data will provide a rich view of polymorphism and allow genome-wide tests for adaptively evolving genes.
- **Genetic basis of complex disease:** Single nucleotide polymorphisms (SNPs) may help to identify genes that underlie complex diseases. We employ a candidate gene approach to cardiovascular disease risk and quantify how mutation, recombination, migration, and natural selection impact human variation.
- **Evolution of metabolic regulation:** We study genetic variation in lipid and glycogen storage in *Drosophila*. Our analysis of enzymes in intermediary metabolism showed a surprising amount of epistasis in their effects on metabolic traits.

Other areas include insect immunity, *Drosophila* sex chromosome evolution, and assorted topics in theoretical population genetics.



図一 平衡淘汰にあるヒト遺伝子のハプロタイプネットワーク  
丸は各ハプロタイプを表しています。黒はアフリカ系アメリカ人、白はヨーロッパ系アメリカ人の割合です。枝の長さはSNPの数に比例しています。祖先型のハプロタイプはチンパンジーから推定されました。Andres et al. Mol Evol. Biol 2009より

Figure - Haplotype networks for human genes under balancing selection. Circles are haplotypes (size proportional to frequency), black for African Americans and light grey for European Americans. Branch lengths proportional to SNP numbers. Ancestral haplotypes inferred using chimp data. From Andres et al. Mol Biol Evol 2009.

CLARK研究室のホームページ: <http://mbg.cornell.edu/cals/mbg/research/clark-lab/index.cfm>

## 角谷研究室 Kakutani Group

<http://www.nig.ac.jp/labs/AgrGen/home-j.html>



角谷徹仁  
教授 理博  
KAKUTANI, Tetsuji  
D. Sc., Professor



佐瀬英俊  
助教 Ph. D.  
SAZE, Hidetoshi  
Ph. D., Assistant Professor



樽谷芳明  
助教 博(農)  
TARUTANI, Yoshiaki  
D. Agr., Assistant Professor



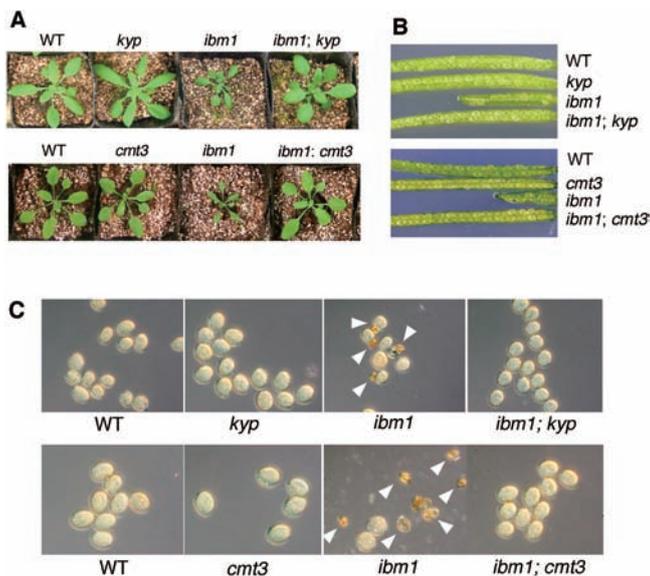
## 植物発生とゲノム構造のエピジェネティックな制御

細胞分裂後に継承される遺伝情報の実体は塩基配列です。一方、塩基配列以外の形で、遺伝子のON/OFF情報が娘細胞に伝わる現象が多く、生物で観察されます。このような「エピジェネティック」な情報の実体はDNAのメチル化や染色体蛋白質の変化であることがわかってきています。

エピジェネティックな現象を理解するために、私達はシロイヌナズナの遺伝学とゲノミクスとを用いています。ゲノムDNAのメチル化を維持するにはクロマチン再構成因子であるDDM1 (decrease in DNA methylation 1)が必要です。また、遺伝子配列がメチル化されないためには jumonji domain 蛋白質である IBM1 (increase in BONSAI methylation 1)が必要です。これらの因子をコードする遺伝子の突然変異体では、ゲノムDNAメチル化の変化に伴いさまざまな発生異常が誘発されます。これらの発生異常の解析から出発した実験系を用い、ゲノム進化や個体発生におけるエピジェネティックな制御の役割とその機構について研究しています。

## Epigenetic controls of plant development and genome structure

To understand control and function of DNA methylation, we are taking genetic approaches using mutants of Arabidopsis. An Arabidopsis protein DDM1 (decrease in DNA methylation) is necessary for methylating transposons and repeats. On the other hand, IBM1 (increase in BONSAI methylation) is necessary for not methylating genes. In mutants of genes encoding these proteins, several types of developmental abnormalities were induced. Characterization of these abnormalities is revealing impact of DNA methylation on genome evolution and appropriate gene expression. In addition, using these and other mutants, we are studying controlling mechanisms of differential DNA methylation between genes and transposons within the genome.



図一 シロイヌナズナの *ibm1* 突然変異による発生異常表現型は、H3K9メチル化酵素遺伝子 *KYP* や非CpGメチル化酵素遺伝子 *CMT3* の突然変異で抑圧される。

Figure 1 - The *ibm1* (increase in BONSAI methylation) mutation induces developmental defects, which are suppressed by mutation in the H3K9 methylase gene *KYP* or non-CG methylase gene *CMT3*. The results suggest that these phenotypes are due to ectopic deposition of heterochromatin marks, such as H3K9 methylation and non-CG methylation.

Tsukahara, S., Kobayashi, A., Kawabe, A., Mathieu, O., Miura, A., and Kakutani, T. (2009). Bursts of retrotransposition reproduced in Arabidopsis. *Nature* 303, 423-426.

Miura, A., Nakamura, M., Inagaki, S., Kobayashi, A., Saze, H., and Kakutani, T. (2009). An Arabidopsis *jmjC* domain protein protects transcribed genes from DNA methylation at CHG sites. *EMBO J* 28, 1078-1086.

Saze, H., Shiraishi, A., Miura, A., and Kakutani, T. (2008). Control of genic DNA methylation by a *jmjC*-domain containing protein in Arabidopsis thaliana. *Science* 319, 462-465.

Saze, H., and Kakutani, T. (2007). Heritable epigenetic mutation of a transposon-flanked Arabidopsis gene due to lack of the chromatin-remodeling factor DDM1. *EMBO J* 26, 3641-3652.

角谷徹仁、河邊昭(2009) シロイヌナズナにおけるDNAメチル化とトランスポゾン制御. *実験医学* 27, 3075-3079.

中村みゆき、佐瀬英俊、角谷徹仁(2008) DNAメチル化とエピジェネティックな発生異常. *植物細胞工学シリーズ24「植物のエピジェネティクス」* 57-63.

## 平田研究室

## Hirata Group

<http://www.nig.ac.jp/labs/Brain/home-j.html>



平田たつみ  
准教授 博(医)  
HIRATA, Tatsumi  
D. Med., Associate Professor



川崎能彦  
助教 博(理)  
KAWASAKI, Takahiko  
D. Sc., Assistant Professor



## 脊椎動物の神経回路形成

神経細胞の間につくられる神経回路が、行動や思考といった脳機能の基盤です。脳の正常な機能発現のためには、神経細胞が適切に生まれ、移動し、軸索を伸長して、標的細胞と正確な回路をつくる必要があります。これらを可能にする脳の設計図を解き明かすべく、当部門では次のようなテーマで研究しています。

## ●嗅覚中枢神経回路の研究

匂いの情報は、脳の嗅球とよばれる領域に伝えられ、情報の仕分けが行われます。ここから、さらに中枢に向かう神経回路の形成機構を、軸索ガイド分子の遺伝子破壊マウス等を用いて解析しています。

## ●神経細胞移動の研究

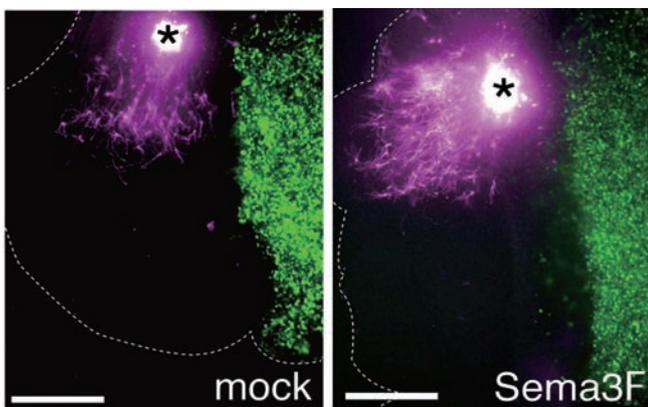
嗅球軸索の道標細胞“lot細胞”は、誕生後、終脳の中を腹側接線方向に長距離移動して、最終目的地へと向かいます。このユニークな細胞移動の機構を解析しています。

## ●軸索伸長と停止反応の研究

軸索先端に局在する蛋白質 M6aは、軸索伸長や停止反応への関与が示唆されています。この蛋白質の生理的機能を調べています。

## ●終脳新皮質の進化的研究

終脳新皮質にみられる層構造は、ほ乳類の特徴です。層構造のない動物の終脳発生過程との比較から、進化のシナリオを探っています。



図一 終脳スライス培養下における腹側接線方向の神経細胞移動。赤紫の色素により細胞の流れを可視化してある。軸索ガイド分子 Semaphorin3Fは、この細胞移動を反発して、動く方向を変化させる(右)。

Figure - Ventral tangential migration of neurons in slice-cultured telencephalons Migrating neurons are labeled in magenta. Axon guidance molecule, semaphorin3F repels this migration stream to the opposite direction (right).

## Vertebrate neural network formation

Precise neuronal connections are the basis for the complex brain function. The fully functional brain is constructed through a series of carefully controlled developmental processes including neuronal differentiation, migration, axon outgrowth, and target recognition. We are exploring genetic mechanisms governing the developmental processes in vertebrate nervous systems.

## ● Central Olfactory Projection

Olfactory information is transferred and processed in the olfactory bulb of the brain. Development of afferent projections from this first-order center has been studied, using knockout mice for axon guidance molecules.

## ● Neuronal Migration

During development, the guidepost neurons, “lot cells”, for olfactory bulb axons show a dynamic ventral migration over the telencephalon. We are investigating mechanisms of this unique neuronal migration.

## ● Axon Outgrowth and Pausing

Axon tip-enriched protein M6a is implicated in axon outgrowth and pausing. We are analyzing physiological functions of this protein.

## ● Evolution of the neocortical layer structure

The layer structure in the neocortex is unique to mammals. The evolutionary scenarios are explored through comparisons of developmental processes in the brain structures of different vertebrate species.

Ito, K., Kawasaki, T., Takashima, S., Matsuda, I., Aiba, A., and Hirata, T. (2008). Semaphorin 3F confines ventral tangential migration of lateral olfactory tract neurons onto the telencephalon surface. *J. Neurosci.* 28, 4414-4422.

Fouquet, C., Di Meglio, T., Ma, L., Kawasaki, T., Long, H., Hirata, T., Tessier-Lavigne, M., Chedotal, A., and Nguyen-Ba-Charvet, K.T. (2007). Robo1 and robo2 control the development of the lateral olfactory tract. *J. Neurosci.* 27, 3037-3045.

Kawasaki, T., Ito, K., and Hirata, T. (2006). Netrin 1 regulates ventral tangential migration of guidepost neurons in the lateral olfactory tract. *Development* 133, 845-853.

Yamatani, H., Sato, Y., Fujisawa, H., and Hirata, T. (2004). Chronotopic organization of olfactory bulb axons in the lateral olfactory tract. *J. Comp. Neurol.* 475, 247-260.

Tozaki, H., Tanaka, S., and Hirata, T. (2004). Theoretical consideration of olfactory axon projection with an activity-dependent neural network model. *Mol. Cell. Neurosci.* 26, 503-517.

Kawasaki, T., Takagi, Y., Yamatani, H., and Hirata, T. (2004). Systematic screening and identification of the antigens recognized by monoclonal antibodies raised against the developing lateral olfactory tract. *J. Neurobiol.* 62, 330-340.

## Colot研究室 Colot Group



コロー、ヴァンサン  
客員教授 (NRA/CNRS/UEVE 教授)  
COLOT, Vincent  
Adjunct Professor (Professor, NRA/CNRS/UEVE)

## 辻研究室 Tsuji Group



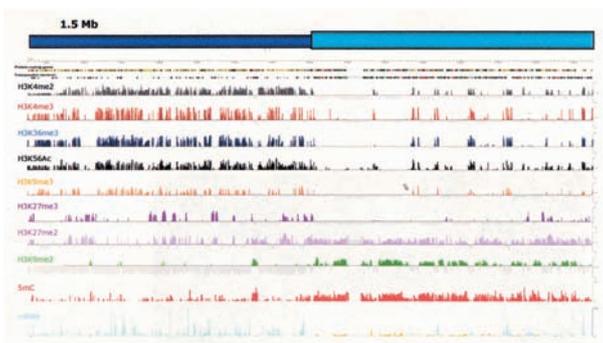
辻 省次  
客員教授 (東京大学医学部付属病院教授)  
TSUJI, Shoji  
Adjunct Professor (Professor, The University of Tokyo Hospital)

### シロイヌナズナのエピジェネティクスとエピゲノミクス

当研究室では、シロイヌナズナを用いて、エピジェネティックな過程やそれに関わるクロマチン動態を研究しています。クロマチン免疫沈降とタイリングアレイによって複数のクロマチン修飾を調べることで、シロイヌナズナの最初のエピゲノム地図をつくりました(図)。また、世代を超えて継承されるメチル化喪失に対する効率的防御機構の存在を示しました。この機構は、RNAi装置の標的となるような配列に特異的に働きます。また、隣接する領域には広がりませんが、数世代にわたって進行することで、標的配列のメチル化を野生型と同様の状態に戻します。長期的なエピジェネティックな欠陥からゲノムを守るのにRNAiが重要と示唆されます。

### Arabidopsis Epigenetics and Epigenomics

My group is interested in the study of chromatin-based epigenetic processes and chromatin dynamics in the flowering plant Arabidopsis. In one project, we have used chromatin immunoprecipitation and hybridization to tiling arrays to define a first reference Arabidopsis epigenome map based on multiple chromatin marks. Combinatorial analysis of these marks indicates that the Arabidopsis epigenomic landscape can be almost entirely described using as little as one heterochromatic and three euchromatic signatures. Moreover, we have found that euchromatin exhibits a short-range organization centered on individual genes. In another project, we have demonstrated the existence of an efficient mechanism that protects against transgenerational loss of DNA methylation in Arabidopsis. This process is specific to the subset of methylated genomic repeats that are targeted by the RNAi machinery, does not spread into flanking regions, is usually progressive over several generations, and faithfully restores wild-type methylation over target sequences. Our findings suggest an important role for RNAi in protecting genomes against long-term epigenetic defects.



図一 シロイヌナズナのゲノムのユークロマチンとヘテロクロマチンとの境界付近のエピゲノミックな景観。

Figure - Genome browse view the Arabidopsis epigenomic landscape around a euchromatin-heterochromatin transition (indicated at the top by thin dark blue and thick light blue lines, respectively).

### ゲノム医学研究の新展開

当研究室では、脳神経疾患の発症機構を、全ゲノム関連解析 (GWAS) や個人全ゲノム解読 (WGS) などの最新の遺伝学に基づいて解明することをめざしています。ヒトゲノムの初期解読が報告されてから10年を経過していますが、それが医学生物学研究に与えたインパクトは極めて大きく、単一遺伝子疾患、多因子疾患を対象にした研究のパラダイムはゲノム情報を大きく利用する方向にシフトしています。当研究室では、そうした状況をふまえて適切な研究パラダイムを設定し、超並列型シーケンサーやパイオインフォマティクスを駆使してゲノム上の多型を網羅的に解析し、疾患発症に関わる遺伝子探索を進める、新しいタイプのゲノム医学研究を進めています。

### Next Generation Genome Medicine

My group aims to elucidate molecular basis of brain diseases based on genetics and genomics such as genome-wide association study and whole personal genome re-sequencing. Ten years have passed since the announcement of the initial decoding of human genome. During the period, we experienced vast paradigm shift in the field of biomedical research. Under such circumstances, we designed new-generation research paradigms to study diseases with Mendelian trait and those with complex trait. We will identify disease-relevant variants through massive whole genome re-sequencing and bioinformatics.

# 城石研究室 Shiroishi Group

<http://www.nig.ac.jp/labs/MamMalg/home-j.html>



城石俊彦  
教授 理博  
SHIROISHI, Toshihiko  
D. Sc., Professor



田村 勝  
助教 理博  
TAMURA, Masaru  
D. Sc., Assistant Professor



高田豊行  
助教 博(農)  
TAKADA, Toyoyuki  
D. Ag., Assistant Professor



## マウス高次形質の統合的遺伝解析

哺乳動物遺伝研究室では、マウス近交系統や突然変異体の表現型に注目した“順遺伝学”と遺伝子改変マウスを用いた“逆遺伝学”の両方法論を駆使した研究を行い、形態形成やエネルギー代謝などの高次生命現象を制御する遺伝メカニズムの統合的理解をめざしています。また、生物遺伝資源事業として、野生マウス由来系統を含めたゲノム多型情報や表現型情報の収集と整備を行うとともに、垂種間コンソミック系統など、マウス機能ゲノム学のためのバイオリソースの開発を進めています。

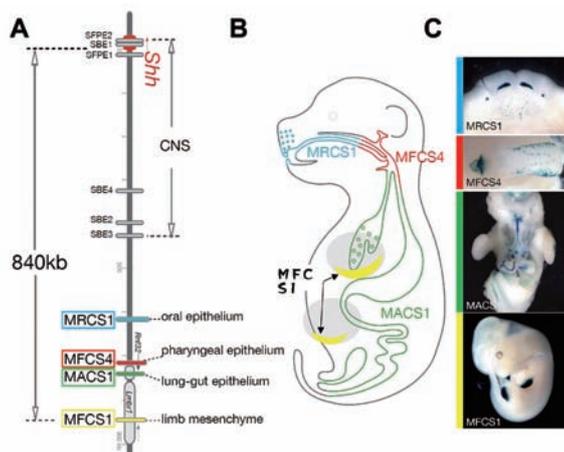
現在進めている個別の研究課題は次の通りです。

### 1. マウス発生遺伝学

- *Shh* 遺伝子発現制御の染色体ダイナミクス
- シス制御因子を中心とした遺伝子発現制御システムの進化発生学
- 上皮の発生・分化と恒常性維持の遺伝制御

### 2. マウスゲノム多型情報に基づいた高次表現型解析系の構築

- ゲノム多型情報と表現型情報の収集とデータベース構築
- コンソミック系統を利用した生殖隔離成立の遺伝メカニズム
- コンソミック系統を利用したエネルギー代謝の遺伝制御
- マウス形態多様性の遺伝基盤の解明



図一 A) *Shh* 発現を領域特異的に制御するエンハンサー群。*Shh* 翻訳領域の840kb 上流に位置する四肢特異的なMFCS1(黄)、上皮特異的なMRCS1(青)、MFCS4(赤)、MACS1(緑)。B) トランスジェニックレポーター遺伝子を用いた領域特異的エンハンサーの解析から、エンハンサーのゲノム上の並びと、口腔から尾部へのレポーター遺伝子の発現制御の間に共直線性があることを示す。C) トランスジェニック胎児でのレポーター遺伝子の発現(濃紺)。MRCS1は歯、味蕾、MFCS4は、喉頭蓋、披裂、舌、MACS1は、披裂から下部の呼吸、消化、生殖器などの上皮に、MFCS1は、肢芽の間葉後端部に発現を誘導する。これらの領域には、内在性 *Shh* が発現する。

Figure - Genomic map of *Shh* enhancers. (A) The 840 kb genome region upstream of the *Shh* transcriptional start site contains numerous regulatory elements such as epithelial linings specific enhancer; MRCS1 (blue), MFCS4 (red) and MACS1 (green), and limb bud-specific enhancer, MFCS1 (yellow). (B) Schematic diagram showing the expression domains of *Shh* in epithelial lining regulated by MRCS1, MFCS4, and MACS1 along the anteroposterior axis. (C) MRCS1 directs the transgenic lacZ reporter signals in the epithelia of the teeth, tongue papilla, MFCS4 in the epiglottis, arytenoid, tongue and MACS1 in the laryngotracheal tube, lung, intestine and genital tubercle. MFCS1 drives the reporter signal in the posterior limb mesenchyme.

## Integrative genetics of mouse complex traits

In order to understand genetic basis underlying complex traits, such as morphology and energy metabolism, we are conducting genetic analyses based upon both of “Forward Genetics” with existing mutants and “Reverse Genetics” with genetically engineered mice. In parallel, we are also compiling comprehensive information of the genome diversity of inbred mouse strains, and developing new inter-subspecific consomic strains, in which every chromosome of a classical inbred strain C57BL/6J is replaced by the counterpart of a wild mouse-derived MSM/Ms strain. These bio-resources are fully used for genetic dissection of the complex traits.

Current ongoing research projects are as follows:

- Genetic studies on developmental regulations
  - Chromosomal dynamics at the Sonic hedgehog (*Shh*) locus
  - Evolution of cis-regulation systems of developmental genes
  - Genetic regulation of development and homeostasis of epithelial architecture
- Establishment of experimental systems for genetic dissection of complex traits, based on the genome diversity of mouse strains.
  - Collection and compilation of information of genome diversity and phenotypes of mouse strains
  - Genetic mechanism of reproductive isolation in mice
  - Genetic regulation of energy metabolism
  - Genetic basis of mouse morphological diversity

Sagai, T., Amano, T., Tamura, M., Mizushima, Y., Sumiyama, K., and Shiroishi, T. (2009). A cluster of three long-range enhancers directs regional *Shh* expression in the epithelial linings. *Development* 136, 1665-1674.

Amano, T., Sagai, T., Tanabe, H., Mizushima, Y., Nakazawa, H., and Shiroishi, T. (2009). Chromosomal dynamics at the *Shh* locus: limb bud-specific differential regulation of competence and active transcription. *Dev. Cell* 16, 47-57.

Takada, T., Mita, A., Maeno, A., Sakai, T., Shitara, H., Kikkawa, Y., Moriwaki, K., Yonekawa, H., and Shiroishi, T. (2008). Mouse intersub-specific consomic strains for genetic dissection of quantitative complex traits. *Genome Res* 18, 500-598.

Tamura, M., Tanaka, S., Fujii, T., Aoki, A., Komiya, H., Ezawa, K., Sumiyama, K., Sagai, T., and Shiroishi, T. (2007). Members of a novel gene family, *Gsdm*, are expressed exclusively in the epithelium of the skin and gastrointestinal tract in a highly tissue-specific manner. *Genomics* 89, 618-629.

Oka, A., Aoto, T., Totsuka, Y., Takahashi, R., Ueda, M., Mita, A., Sakurai-Yamatani, N., Yamamoto, H., Kuriki, S., Takagi, N., Moriwaki, K., and Shiroishi, T. (2007). Disruption of Genetic Interaction Between Two Autosomal Regions and the X Chromosome Causes Reproductive Isolation Between Mouse Strains Derived From Different Subspecies. *Genetics* 175, 185-197.

Tanaka, S., Miura, I., Yoshiki, A., Kato, Y., Yokoyama, H., Shinogi, A., Masuya, H., Wakana, S., Tamura, M., and Shiroishi, T. (2007). Mouse mutations in the helix termination motif of type I IRS keratin genes impair assembly of keratin intermediate filaments. *Genomics* 90, 703-711.

# 相賀研究室 Saga Group

<http://www.nig.ac.jp/labs/MamDev/home-j.html>



相賀裕美子  
教授 理博  
SAGA, Yumiko  
D. Sc., Professor



小久保博樹  
助教 理博  
KOKUBO, Hiroki  
D. Sc., Assistant Professor



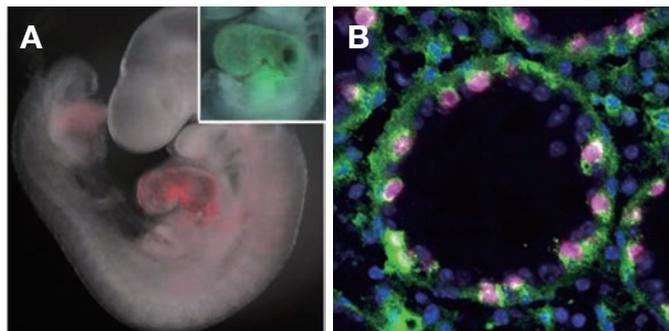
森本 充  
助教 博(生命)  
MORIMOTO, Mitsuru  
D. Sc., Assistant Professor



## マウス初期形態形成の分子機構

本研究室では発生現象の解明を目指してマウスを用いた遺伝学的解析を行っています。研究の戦略として発生工学的手法を用いています。多くの遺伝子ノックアウトマウス、蛍光タンパク質ノックインマウスやトランスジェニックマウスを自ら作成し個体レベルで解析することにより、生体内における本来の遺伝子機能の解明を目指しています。発生過程ではいろいろな遺伝子が時間的・空間的に正確な制御下で発現し、機能を発揮します。そのような遺伝子発現調節機構を解明するためにもマウスを用いた個体レベルの解析は重要です。研究課題は、

- 脊椎動物の分節性確立機構の解析
- 心臓・肺・血管系構築機構の解析
- 生殖細胞の性分化に関わる分子機構
- 精子幹細胞システムの構築と制御
- 生殖細胞のエピジェネティック制御
- Notch シグナルを介した細胞間相互作用の解析
- 脱毛制御機構の解析



図一 A. *Mesp1*及び *Sfrp5* 発現細胞は心臓を作る。*Mesp1* 発現細胞をレポーター (mRFP) で可視化した。右上の写真は *Sfrp5* 遺伝子座に GFP をノックインしたマウスの心臓。左心房・左心室と心外膜前駆組織に発現。胎生9.5日の写真。  
B. *Nanos2* は精子幹細胞に発現する。*Nanos2* を持続発現 (緑) すると、分化した精子細胞は失われ、幹細胞のみ (マゼンタ) が増加する。生後6週の写真。

Figure 1 - A. Cardiovascular specific fluorescence image of *Mesp1-cre* mouse (E9.5) crossed with a mRFP reporter. Inset: Embryonic heart of *Sfrp5* GFP knock-in mouse (E9.5). GFP is detected in the left ventricle, atrium and proepicardial organ.  
B. A section of adult seminiferous tubule, in which *Nanos2* expression is maintained in the spermatogonial stem cell. Only stem cells remained, while sperm differentiation is suppressed. Green: *Nanos2*, Magenta: stem cell marker.

## Molecular mechanism of mouse embryogenesis

During mouse development, mesodermal cells generated via gastrulation play important roles in the morphogenesis of several tissues and organs. We focus on two types of mesodermal cells; one is precursor cells of the cardiovascular system, the other is precursor cells of somites that give rise to the axial structures. We generate several knockout and knockin mice to understand the molecular mechanism of vasculogenesis, cardiogenesis and somitogenesis. In addition, we are interested in the mechanism of germ cell development, especially focusing on the function of *Nanos* proteins. Recent study reveals that *Nanos2* is involved not only in the male germ cell fate specification, but also in the maintenance of spermatogonial stem cells. We also investigate epigenetic regulation involved in the germ cell development. In addition, We work on the hair follicle development using a model mouse that shows periodic alopecia established in our lab.

Sada, A., Suzuki, A., Suzuki, H., and Saga, Y. (2009). The RNA-binding protein *NANOS2* is required to maintain murine spermatogonial stem cells. *Science* 325:1394-8.

Kiso, M., Tanaka, S., Saba, R., Matsuda, S., Shimizu, A., Ohyama, M., Okano, H.J., Shiroishi, T., Okano, H., and Saga, Y. (2009). The disruption of *Sox21*-mediated hair shaft cuticle differentiation causes cyclic alopecia in mice. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 106:9292-7.

Suzuki, A., and Saga, Y. (2008). *Nanos2* suppresses meiosis and promotes male germ cell differentiation. *Genes & Develop.* 22, 430-435.

Oginuma, M., Niwa, Y., Chapman, D.L., and Saga, Y. (2008). *Mesp2* and *Tbx6* cooperatively create periodic patterns coupled with the clock machinery during mouse somitogenesis. *Development*. 135:2555-62.

Kokubo, H., Miyagawa-Tomita, S., and Saga, Y. (2007). *Hesr1/Hey1* and *Hesr2/Hey2* regulate atrial-ventricular boundary formation in the developing heart through the repression of *Tbx2*. *Development* 134, 747-755.

Morimoto, M., Takahashi, Y., Endo, M., and Saga, Y. (2005). The transcription factor *Mesp2* establishes segmental borders by suppressing Notch activity. *Nature* 435:354-359.

# 小出研究室 Koide Group

<http://www.nig.ac.jp/labs/MGRL/index.html>



小出 剛  
准教授 医博  
KOIDE, Tsuyoshi  
Ph. D., Associate Professor



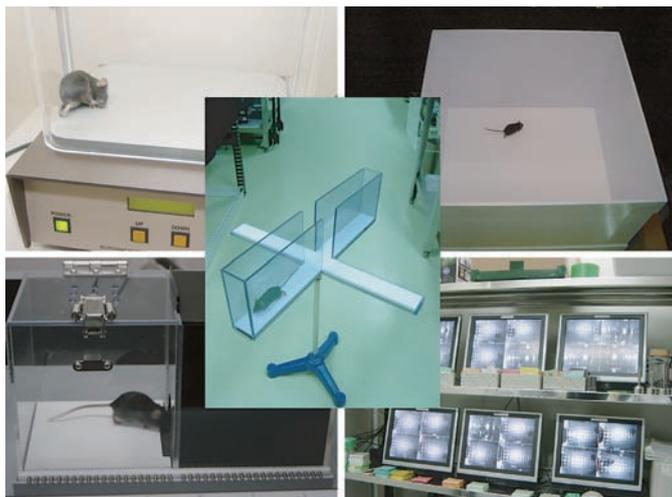
高橋阿貴  
助教 博(理)  
TAKAHASHI, Aki  
D. Sc., Assistant Professor



## 野生由来マウスを用いた行動遺伝学

21世紀の遺伝学では個人差をもたらす遺伝的機構の解明が重要なテーマとなっています。私たちは行動の多様性を生み出すメカニズムを明らかにするために、野生由来マウス系統を主な材料として行動遺伝学の研究を進めています。野生マウスをもとに樹立された近交系統は、系統間で多くの多型を有し表現型としても新しい形質の発見につながると期待されています。野生由来の系統を用いて行動を解析した結果、系統間で大きな行動の多様性があることが明らかになりました。更に、このような行動多様性に関わる遺伝子を探索するために、量的遺伝子座の解析法(QTL解析)やコンソミック系統を用いた解析などを行っています。このような解析により、行動に関する遺伝子を染色体上の狭い領域に絞り込むことが可能になってきました。今後は、実際の責任遺伝子を明らかにし、その機能を分子レベル、細胞レベル、更には神経レベルで明らかにしてゆくことを目指しています。

- 野生由来マウス系統の行動パターン解析
- 自発活動性の遺伝解析
- 不安様行動の遺伝解析
- 社会行動・攻撃行動の遺伝解析



図一 各種行動テスト:様々な行動テストを行うことで、マウスの性格・社会性・行動の特徴などを調べることが可能です。

Figure - Behavioral tests: In order to understand behavioral features of mice, we conduct a variety of behavioral tests.

## Behavioral genetics using wild-derived mouse strains

For understanding the genetic basis of inheritance and evolution of behavior, we studied behavioral phenotype, such as spontaneous activity, anxiety-like behavior, pain sensitivity, and social behavior, by using inbred strains established from wild mice. A variety of mouse inbred strains exhibited diversity in their behavioral phenotype. In order to elucidate a genetic mechanism underlying the behavioral difference, we are currently analyzing consomic strains which are made by replacing one of the chromosomes in C57BL/6 with that of MSM strain. By systematically investigating consomic strains for the behavioral phenotype, we have found multiple genetic loci associated with the complex behavioral phenotype. Further analyses of genetic loci associated with each behavioral phenotype are on the way by making fine subconsomic strains that have short segment of the chromosome.

- Comparative studies of behavioral patterns among wild-derived strains
- Genetic studies of home-cage activity
- Genetic studies of anxiety-related behavior
- Genetic studies of social/aggressive behavior

Takahashi, A., Tomihara, K., Shiroishi, T., and Koide, T. (2010). Genetic mapping of social interaction behavior in B6/MSM consomic mouse strains. Behavior Genet. in press

Umemori, J., Nishi, A., Lionikas, A., Sakaguchi, T., Kuriki, S., Blizard, D.A., and Koide, T. (2009). QTL analyses of temporal and intensity components of home-cage activity in KJR and C57BL/6J strains. BMC Genet. 10:40.

Takahashi, A., Shiroishi, T., and Koide, T. (2008). Multigenic factors associated with a hydrocephalus-like phenotype found in inter-sub-specific consomic mouse strains. Mamm. Genome 29, 333-338.

Takahashi, A., Nishi, A., Ishii, A., Shiroishi, T., and Koide, T. (2008). Systematic analysis of emotionality in consomic mouse strains established from C57BL/6J and wild-derived MSM/Ms. Genes, Brain and Behav. 7, 849-858.

Takahashi, A., Kato, K., Makino, J., Shiroishi, T., and Koide, T. (2006). Multivariate analysis of temporal descriptions of open-field behavior in wild derived mouse strains. Behavior Genet. 36, 763-774.

Esumi, S., Kakazu, N., Taguchi, Y., Hirayama, T., Sasaki, A., Hirabayashi, T., Koide, T., Kitsukawa, T., Hamada, S., and Yagi, T. (2005). Monoallelic yet combinatorial expression of variable exons of the protocadherin-a gene cluster in single neurons. Nature Genet. 37, 171-176.

# 酒井研究室 Sakai Group

<http://www.nig.ac.jp/section/sakai/sakai-j.html>



酒井則良  
准教授 学術博  
SAKAI, Noriyoshi  
Ph. D., Associate Professor



新屋みのり  
助教 博(理)  
SHINYA, Miori  
D. Sc., Assistant Professor



## ゼブラフィッシュの精子を用いた遺伝子改変と近交系樹立

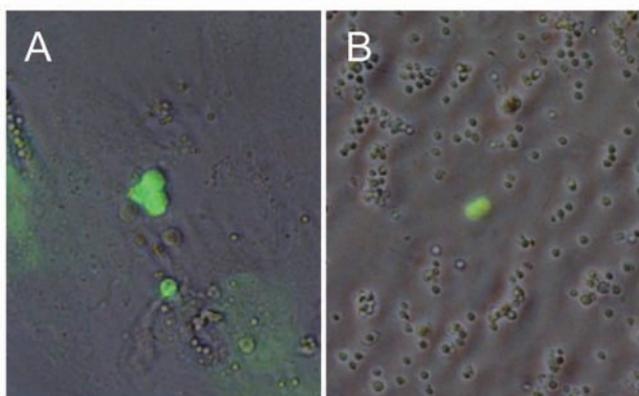
ゼブラフィッシュは、胚が透明で発生過程で働く遺伝子を容易に見いだすことができるため、優れた実験動物として発展してきました。私たちの研究室では *in vitro* で分化した精子を用いて遺伝子改変魚を作出する技術を確認しました。精子を用いた遺伝子改変ではその遺伝情報が受精個体の全ての細胞に伝わるため、迅速に遺伝子改変個体を作成できるという利点があります。現在、この方法による逆遺伝学的手法の確立を進めています。一方で、この培養系は雄生殖細胞の体細胞分裂と減数分裂を制御する機構の解析にも優れています。精子形成異常の突然変異体と *in vitro* 培養系を用いて、脊椎動物に普遍的な精子形成制御因子の研究を同時に進めています。

また、遺伝的背景が均一な近交系の樹立を試みています。遺伝学的解析に非常に有用な近交系なのですが、ゼブラフィッシュでは作られていません。そこで、兄妹交配を繰り返して継代を行い、近交系樹立にまであと数世代のところまでたどり着いています。さらに、樹立中の系統を生かした解析系の検討も含めて研究を行なっています。

## Sperm-based genetic modification and establishment of inbred strains in zebrafish

Zebrafish have become a laboratory favorite because their embryos are transparent: geneticists can easily observe gene effects in the developing fish. We have developed techniques to make genetically modified zebrafish using sperm cells grown "in vitro" - that is, entirely in laboratory conditions. This method has advantages of ease and speed over conventional transgenic methods. We focus on developing reliable reverse genetic protocols for studying gene functions in zebrafish by using genetically modified sperm. In addition, this male germ cell culture system should prove useful not only in producing transfected sperm, but also in analyzing the spermatogenesis. Using spermatogenic mutants recently identified in zebrafish and this *in vitro* culture system to advantage, we are also working on the molecular mechanisms to regulate mitosis and meiosis in the male germ cells of vertebrates.

Inbred strains are individuals which are nearly identical to each other in genotype, so that they are quite useful for the genetic studies. However, in zebrafish, there are no inbred strains. We have been trying to establish zebrafish inbred strains by sib-pair mating, and it will be completed by inbreeding a few more generations.



図一 アデノウイルスベクターによるゼブラフィッシュ雄生殖細胞への遺伝子導入。(A) EGFP 遺伝子を導入した精原細胞。(B) EGFP 遺伝子を導入した二次精母細胞。

Figure - Infection of zebrafish male germ cells with adenovirus vector. (A) EGFP expression in infected spermatogonia. (B) EGFP expression in infected secondary spermatocytes.

Kawasaki, T., Saito, K., Mitsui, K., Ikawa, M., Yamashita, M., Taniguchi, Y., Takeda, S., Mitani, K., and Sakai, N. (2009). Introduction of a foreign gene into zebrafish and medaka cells using adenoviral vectors. *Zebrafish* 6, 253-258.

Hashiguchi, M., Shinya, M., Tokumoto, M., and Sakai, N. (2008). Nodal/Bozozok-independent induction of the dorsal organizer by zebrafish cell lines. *Dev. Biol* 321, 387-396.

Kimura, T., Shimada, A., Sakai, N., Mitani, H., Naruse, K., Takeda, H., Inoko, H., Tamiya, G., and Shinya, S. (2007). Genetic analysis of craniofacial traits in the medaka. *Genetics* 177, 2379-2388.

Sakai, N. (2006). *In vitro* male germ cell cultures of zebrafish. *Methods* 39, 239-245.

酒井則良 (2007) ゼブラフィッシュにおける *in vitro* の精子形成. 蛋白質核酸酵素 52, 2124-2129.

# 倉田研究室

# Kurata Group

http://www.nig.ac.jp/labs/PlantGen/japanese/home-j.html  
 http://www.nig.ac.jp/labs/PlantGen/english/home-e.html



倉田のり  
 教授 農博  
 KURIATA, Nori  
 D. Ag., Professor



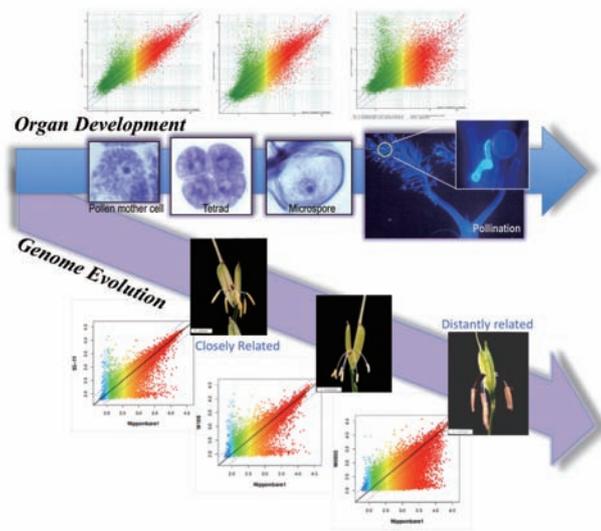
久保貴彦  
 助教 農博  
 KUBO, Takahiko  
 D. Ag., Assistant Professor



## イネ生殖過程と初期発生および種・ゲノムの遺伝的多様性研究

植物遺伝研究室では、イネの発生分化、特に生殖細胞形成から初期胚発生過程における遺伝的プログラムの解明とゲノム分化と多様性の解析をクロスオーバーさせ、複数のアプローチで取り組んでいます。1つ目は、栽培イネの亜種間交雑を用いた生殖的隔離障壁の分子的解明と、野生イネや栽培イネを用いたゲノム多様性研究および比較ゲノム解析です。2つ目は生殖細胞形成、受粉、受精、初期発生過程における遺伝的プログラムの解明をマイクロアレイ解析、ミュータント解析、分子細胞学的解析などを中心に進めています。またイネ遺伝資源事業として、イネ突然変異系統スクリーニング、野生イネ系統などの研究、開発、分譲を行っています。以下の研究課題を相互に組み合わせて、研究を進めています。

- ゲノム障壁としての生殖的隔離機構にかかわる遺伝要因の同定、単離、機能解析
- イネ生殖細胞初期分化、卵および花粉形成、受粉、受精過程の遺伝的プログラムの解明
- イネ胚～シュート分化における遺伝的プログラムの解明
- 野生イネ遺伝的多様性解析



図一 イネ発生時間推移とゲノム進化による発現遺伝子の変異量の解析。グラフはマイクロアレイで検出したイネ4万余の遺伝子の発現量を、2つの発生時間または2つのゲノム種間で比較したもの。

Figure - Comparisons of gene expression values between developmental stages and evolutionary time scales drawn in different species. Graphs show compared values of more than 40,000 rice genes detected by microarray analysis for each two combination between different developmental stages or different species.

## Studies on reproductive and embryonic development, and on genetic diversity of genomes/species in rice.

We are carrying out two major research subjects. One is analysis of genetic programs underlying the processes from gametogenesis to embryogenesis ~ shoot formation in rice. The other is combined comparative genomic analysis of genetic diversity and reproductive barriers using wild and cultivated rice. Several different projects have been proceeding by employing many cross combinations, mutants, relevant genes, and molecular, genetic and cytological methods. We are also responsible for the research, generation and management of rice genetic resources of wild rice species collection.

- Analysis of genetic factors playing roles in the reproductive isolation mechanism
- Dissection of genetic programs underlying in reproductive cell development, ovule and pollen formation, pollination and fertilization.
- Dissection of genetic programs underlying in embryogenesis to shoot formation
- Analysis of genetic diversity of wild species of rice

Tsuda, K., Ito, Y., Yamaki, S., Miyao, A., Hirochika, H., and Kurata, N. (2009). Isolation and mapping of three rice mutants that showed ectopic expression of KNOX genes in leaves. *Plant Science* 177:131-135

Fujisawa, H., Horiuchi, Y., Harushima, Y., Takada, T., Eguchi, S., Mochizuki, T., Sakaguchi, T., Shiroishi, T., and Kurata, N. (2009). SNEP: Simultaneous detection of nucleotide and expression polymorphisms using Affymetrix GeneChip. *BMC Bioinformatics* 131:10.

Thirumurugan, T., Ito, Y., Kubo, T., Serizawa, A., and Kurata, N. (2008). Identification, characterization and interaction of HAP family genes in rice. *Mol. Genet. Genomics* 279:279-289.

Suzuki, T., Eiguchi, M., Kumamaru, T., Satoh, H., Matsusaka, H., Moriguchi, K., and Kurata, N. (2008). MNU-induced mutant pools and high performance TILLING enable finding of any gene mutation in rice. *Mol. Genet. Genomics* 279:213-223.

Kurata, N. (2007). Chromosome and genome evolution in rice. In *Rice Biology in the Genomics Era.* (ed. Hirano, H., Sano, Y., Hirai, A. and Sasaki, T), pp. 235-243, Springer Berlin Heidelberg

Nonomura, K., Morohoshi, A., Nakano, M., Eiguchi, M., Miyao, A., Hirochika, H., and Kurata, N. (2007). A germcell-specific gene of the ARGONAUTE family is essential for the progression of premeiotic mitosis and meiosis during sporogenesis in rice. *Plant Cell* 19:2583-2594.

# 仁木研究室 Niki Group

<http://www.nig.ac.jp/labs/MicroGen>



仁木宏典  
教授 博(医)  
NIKI, Hironori  
D. Med., Professor



古谷寛治  
助教 博(理)  
FURUYA, Kanji  
D. Sc., Assistant Professor

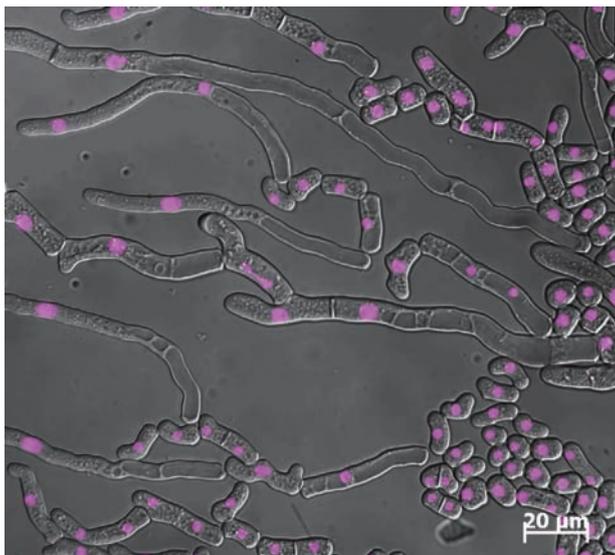


## モデル単細胞を使った細胞分裂の遺伝制御のメカニズム

大腸菌や酵母は、細胞増殖の基本メカニズムを解明する上で極めて有効なモデル生物です。当研究室では、これら原核細胞と真核細胞を適宜に取り扱い、染色体やプラスミドDNAが動く仕組み、細胞の形が決まる仕組み等の研究を進めています。遺伝学的方法に加えて、細胞生物学的手法を用いて、細胞内で生じている現象を観察しています。蛍光タンパク質によるDNAやタンパク質のイメージングにより、細胞増殖の過程で新しい現象の発見をしてきました。特に、細胞観察に適しているジャポニカス分裂酵母は、菌糸増殖と細胞周期のモデル細胞としてこれまでにないものです。

現在の進行中の研究は以下のとおりです。

- 大腸菌の桿菌形態を決定するRodZタンパク質の制御機構
- 大腸菌のプラスミド、染色体の分配機構
- 原核生物の染色体複製開始因子DnaAの機能と細胞内の動態変化
- ジャポニカス分裂酵母の染色体分配変異遺伝子の解析
- DNA損傷による菌糸形成の誘導機構と菌糸の細胞周期
- 細胞周期チェックポイント制御におけるリン酸化の新しい機能



図一 ジャポニカス分裂酵母の菌糸。菌糸はその名の通り糸状に伸長した細胞である。菌糸細胞の一端が、伸長する。その反対側の細胞部分では、液胞が発達する。核は、伸長する先端側の近くにある。

Figure - The hypha and yeast form in *Sz. japonicus*. Hypha is a monopolarly elongated cell. The other end of the cell does not grow and develop vacuoles. The nuclei are found in the vicinity of growing tip.

## Genetic dissection of the cell division mechanism using single-cellular model organisms

Bacteria and yeasts are suitable model organisms to understand the fundamental mechanisms on cell proliferation. Our laboratory studies the mechanisms behind chromosome or plasmid DNA dynamics in the cell or the mechanism underlies cell shape formation. Genetical methods as well as cell-biological methods were used to observe those intracellular events. We have made several noble observation in cell proliferation mechanism using fluorescent-based protein or DNA imaging. Especially *Sz. japonicus* yeast suits for those cell biological analysis, and hyphal growth and hyphal cell cycle add special value on this organisms. Our ongoing project is as follows;

- Analysis of RodZ, the rod-shape determinant in *E.coli* cells.
- Chromosome and plasmid DNA transmission mechanism in *E.coli* cells.
- The function and behavior of DnaA, DNA replication initiation factor in *E.coli* cells.
- Genetic analysis on *Sz. japonicus* chromosome segregation mechanisms.
- Hyphal induction and hyphal cell cycle in *Sz. japonicus* yeast.
- The novel function in phosphorylation on cell cycle checkpoint mechanism.

Nozaki, S., Niki, H., and Ogawa T. (2009). Replication Initiator DnaA of *Escherichia coli* Changes Its Assembly Form on the Replication Origin during the Cell Cycle. *J. Bacteriol.* 191,480 -4814.

Furuya, K, and Niki, H (2009). Isolation of heterothallic haploid and auxotroph mutants in *Schizosaccharomyces japonicus* . *Yeast.* 26, 221-233.

Shiomi, Daisuke, Sakai, Masako and Niki, Hironori (2008). Determination of bacterial rod shape by a novel cytoskeletal membrane protein. *EMBO J.* 27, 3081-3091.

Hatano, T., Yamaichi, Y., and Niki, H. (2007). Oscillating focus of SopA associated with filamentous structure guides partitioning of F plasmid. *Mol Microbiol.* 63, 1008-1025.

Gerding MA, Ogata Y, Pecora ND, Niki H, de Boer PA. (2007). The trans- envelope Tol-Pal complex is part of the cell division machinery and required for proper outer-membrane invagination during cell constriction in *E. coli*. *Mol Microbiol.* 64, 1198-1213.

仁木 宏典 (2009) バクテリアの細胞形態はどのようにして決まるのか? 化学と生物 12, 831-837.

# 上田研究室 Ueda Group

<http://www.nig.ac.jp/section/ueda/ueda-j.html>



上田 龍  
教授 理博  
UEDA, Ryo  
D. Sc., Professor

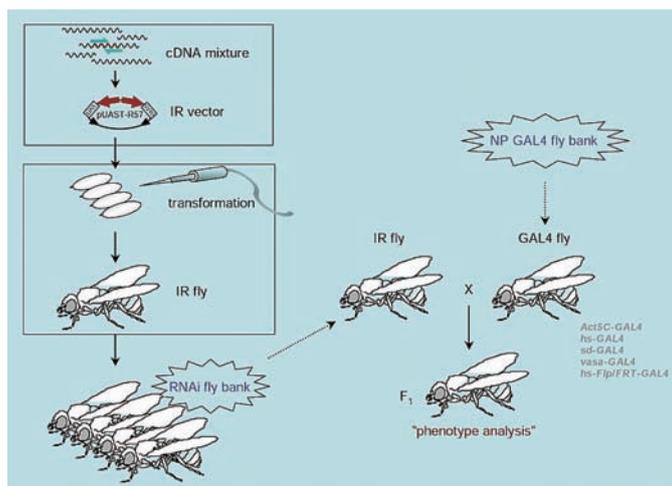


## RNAi 変異体を使ったゲノム機能の体系的解析

ショウジョウバエの遺伝子はおよそ1万5千個と推定され、その70%はヒト遺伝子との相同性を持っています。これらの遺伝子を壊す(変異体をつくる)と生体にどのような影響が現れるのか、お互いがどのように協働して生体の機能を担っているのか、ヒト遺伝子の機能を知るためにもハエを使った包括的な遺伝学的解析が望まれています。

そこで私たちはショウジョウバエの全遺伝子についての変異体を作製し、遺伝子の機能を網羅的に解析する系を作りました。方法はRNAiです。

RNAiとは、二本鎖RNAが細胞内で発現すると配列特異的に遺伝子の機能が阻害される現象です。ターゲットとする遺伝子の断片を逆向き反復配列の形でベクターに組み込み、ハエの染色体に導入して形質転換ハエを作ります。GAL4-UAS 遺伝子強制発現法を利用して、狙った細胞や組織で二本鎖RNAを細胞内で発現させ、配列特異的に遺伝子の機能を阻害します。このようにして構築したRNAi 変異体バンクは、個体レベルでの遺伝子機能の理解や遺伝子間のネットワークを明らかにするための有用なツールであり、多くの共同研究が進められています。



図一 誘導型RNAiを利用したハエ変異体バンクの作成。ゲノムから推定される14,000の全遺伝子についてUAS-逆向き反復配列のベクターを構築し、それぞれを導入したハエのバンクをつくる。

Figure - Schematic representation of the inducible RNAi mutant library.

## Comprehensive analyses of genome function in Drosophila

Although the entire human genome sequence has been determined, real functions of human genes are far from being completely understood. *Drosophila* has a total of 15,000 genes which is about half of the genes found in humans but a large amount of these genes (approx. 70%) were discovered to have similar functions and shows significant homology to humans. We are planning to investigate the function of fly genes comprehensively as a suitable model for studying the functional genomics of multicellular organisms.

The RNAi is one of the post-transcriptional gene silencing phenomena, in which double-stranded RNA produced within host cells can effectively inhibit host gene expression in a sequence-specific manner. By combining with GAL4-UAS gene expression system, we can utilize the RNAi for knocking down gene expression in a target cell or tissue at a specific developmental stage. We are trying to construct inverted repeat transgenes and to establish transgenic fly lines covering almost genes in *Drosophila*. This RNAi mutant fly library is now providing us a fundamental tool for understanding gene functions and genetic networks working in the fly individuals.

Wu, Y., Brock, A. R., Wang, Y., Fujitani, K., Ueda, R. and Galcko, M. J. (2009). A blood-borne PDGF/VEGF-like ligand initiates wound-induced epidermal cell migration in *Drosophila* larvae. *Curr. Biol.* 19, 1473-1477.

Umemori, M., Habara, O., Iwata, T., Maeda, K., Nishinoue, K., Okabe, A., Takemura, M., Takahashi, K., Saigo, K., Ueda, R., and Adachi-Yamada, T. (2009). RNAi-mediated knockdown showing impaired cell survival in *Drosophila* wing imaginal disc. *Gene Regulation and Systems Biology* 3, 11-20.

Yano, T., Mita, S., Ohmori, H., Oshima, Y., Fujimoto, Y., Ueda, R., Takada, H., Goldman, W.E., Fukase, K., Silverman, N., Yoshimori, T., and Kurata, S. (2008). Autophagic control of listeria through intracellular innate immune recognition in *Drosophila*. *Nat. Immunol.* 9, 908-916.

Yoshida, H., Fuwa, T., Arima, M., Hamamoto, H., Sasaki, N., Ichimiya, T., Osawa, K.-I., Ueda, R. and Nishihara, S. (2008). Identification of the *Drosophila* core 1  $\beta$ 1,3-galactosyltransferase gene that synthesizes T antigen in the embryonic central nervous system and hemocytes. *Glycobiology* 18, 1094-1104.

Picot, M., Cusumano, P., Klarsfeld, A., Ueda, R., and Rouyer, F. (2007). Light activates output from evening neurons and inhibits output from morning neurons in the *Drosophila* circadian clock. *PLoS Biol.* 5, e315.

Matsumoto, A., Ukai-Tadenuma, M., Yamada, R. G., Houl, J., Uno, K.D., Kasukawa, T., Dauwalder, B., Itoh, T. Q., Takahashi, K., Ueda, R., Hardin, P. E., Tanimura, T., and Ueda, H.R. (2007). A functional genomics strategy reveals clockwork orange as a transcriptional regulator in the *Drosophila* circadian clock. *Genes Dev.* 21, 1687-1700.

# 山崎研究室 Yamazaki Group

<http://www.shigen.nig.ac.jp>



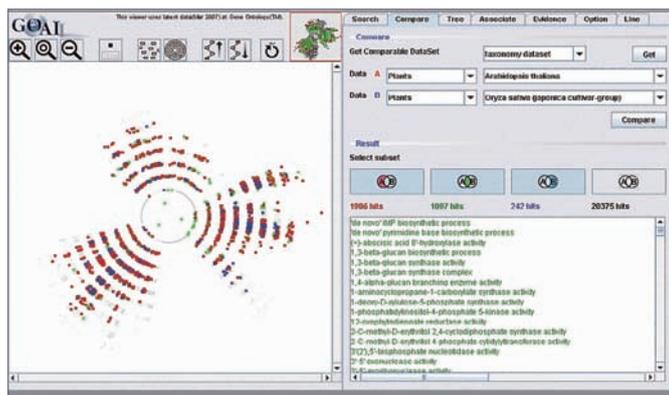
山崎由紀子  
准教授 理博  
YAMAZAKI, Yukiko  
D. Sc., Associate Professor



## 遺伝資源情報データベースの構築

生物学の成果は膨大なテキスト情報として蓄積されているほか、近年ではゲノムプロジェクトなどに代表される大型プロジェクトから大量データがオンライン公開されるようになり、コンピュータを駆使すると一人の研究者が膨大な量の情報を扱えるようになりました。しかし情報量の増加が必ずしも得られる知識の量の増加にはつながりませんし、意味のある情報の抽出には工夫が必要です。最近「概念の構造化(=オントロジー)」という考え方が生物情報科学の分野でも使われるようになりました。実験系や材料、学問の背景などが異なるためそのままでは同じ土俵で比較できない情報を、様々な概念レベルで整理して有効に利用しようという考え方です。

当研究室では遺伝資源情報データベース研究事業(SHIGEN)を1998年より推進していますが、遺伝資源情報の整理にこの方法を応用し、生物種によってバラバラに記載されている情報を統合的かつ様々な視点から生物種横断的に利用できるようなシステムを開発しています。2002年からはナショナルバイオリソースプロジェクト(NBRP)の情報センターとしても活動しています。



図一 遺伝子オントロジーを使った二生物種間の全遺伝子比較。  
各点は遺伝子カテゴリを表し、赤はシロイヌナズナのみ、青はイネのみ、緑は両方に存在する遺伝子のカテゴリに相当します。

Figure - Comparison of entire set of genes between Rice and Arabidopsis.  
Each dot indicates the GO term. GO terms (red) indicate that associated genes are only found in Arabidopsis, GO terms (blue) only found in rice and GO terms (green) found in both species.

## Genetic resources databank project

The Genetic Resources Databank Project started at the National Institute of Genetics in 1998. The project aims to collect and provide genetic resource information which includes information on how to order resources, scientific knowledge about the resource, and other related information such as genomic information to researchers. We have finished the first stage of database construction and started providing online distribution system for a variety of gene pools including wild species, breeding lines, transgenic and knockout organisms, cells and DNA clones. All databases are available on the internet at <http://www.shigen.nig.ac.jp/>. Although these bioresources are full of hidden potential, its true worth can only be recognized with the existence of users. We have been continuously inventing better way to distribute data in order to utilize the resources to its fullest potential. Our future plan will include going beyond just completing these databases to meld these databases into a single yet comprehensive information resource for users. Since the National BioResource Project (NBRP) was launched in 2002, we have been expanding and reinforcing our activities as an information center of the project.

Yukiko, Yamazaki, Ryo, Akashi, Yutaka, Banno., Takashi, Endo., Hiroshi, Ezura., Kaoru, Fukami-Kobayashi., Kazuo, Inaba., Tadashi, Isa., Katsuhiko, Kamei., Fumie, Kasai., Masatomo, Kobayashi., Nori, Kurata., Makoto, Kusaba., Tetsuro, Matuzawa., Shohei, Mitani., Taro, Nakamura., Yukio, Nakamura., Norio, Nakatsuji., Kiyoshi, Naruse., Hironori, Niki., Eiji, Nitasaka., Yuichi, Obata., Hitoshi, Okamoto., Moriya, Okuma., Kazuhiro, Sato., Tadao, Serikawa., Toshihiko, Shiroishi., Hideaki, Sugawara., Hideko, Urushibara., Masatoshi, Yamamoto., Yoshio, Yaita., Atsushi, Yoshiki., and Yuji, Kohara. (2010). NBRP databases: databases of biological resources in Japan. *Nucleic Acid Res.* 38, D26-D32.

Yukiko, Yamazaki., and Sugawara, H. (2009) National BioResource Project Information Center. *Exp. Anim.* 58(2), 75-84.

Sato, K., Shin-i, T., Seki, M., Shinozaki, K., Yoshida, H., Takeda, K., Yamazaki, Y., Conte, M., Kohara, Y. (2009). Development of 5006 Full-Length cDNAs in Barley: A Tool for Accessing Cereal Genomics Resources. *DNA Res.* 16(2), 81-89.

Yamazaki, Y., Niki, H., and Kato, J. (2008). Profiling of Escherichia coli Chromosome Database. *Methods in Molecular Biology*, 385-389.

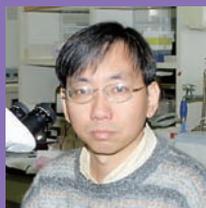
Tsunewaki, K., Matsuoka, Y., Yamazaki, Y., and Ogihara, Y. (2008). Evolutionary dynamics of wheat mitochondrial gene structure with special remarks on the origin and effects of RNA editing in cereals. *Genes & Genetic Systems* 83(4), 301-320.

# 小原研究室 Kohara Group

<http://www.nig.ac.jp/labs/GenBiol/>



小原雄治  
教授 理博  
KOHARA, Yui  
D. Sc., Professor



安達佳樹  
助教 理博  
ANDACHI, Yoshiki  
D. Sc., Assistant Professor



## 線虫発生のゲノム生物学

「ゲノム情報から個体がどうやってできるのか?」そのメカニズム解明のために線虫 *C.elegans* を用いて研究を進めています。基盤的な情報を網羅的に得る作業と個別的な研究がバランスよく有機的に進むよう心がけています。基盤情報としては cDNA プロジェクトを出発点として全遺伝子の半分以上の約 14,000 遺伝子の発現パターンを明らかにしてきました。さらに RNAi、抗体作成などによって機能解析を進め、「どの遺伝子が、いつ、どの細胞で、何をしているか」というゲノムの発現・機能マップデータベース NEXTDB <http://nematode.lab.nig.ac.jp/> に統合化しています。これらの情報を最大限活用した個別研究では、以下のテーマで進めています。

- 細胞運命決定に関わる母性遺伝子の mRNA 局在や翻訳制御メカニズム
- 遺伝子発現クラスタリング解析と遺伝子カスケードの解析
- マイクロRNA の機能解析
- 細胞特異的発現調節領域の同定と発生の遺伝子制御機構
- 近縁種の発生パターンと遺伝子発現パターンの比較解析

また、学術におけるゲノム分野の大規模解析支援体制構築を進めています。

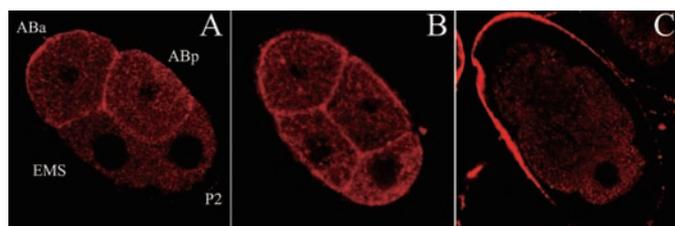


図 1 母性遺伝子 *glp-1* (Notch ホモログ) の *pos-1*, *spn-4* 遺伝子による翻訳調節。A) 野生型胚, B) *pos-1* 変異体, C) *spn-4* 変異体の 4 細胞期胚の GLP-1 抗体による染色。野生型では全割球に mRNA が存在するが、前側割球 *Aba*, *ABp* の細胞膜のみに GLP-1 タンパク質が見られる。変異体での発現パターンから *pos-1* と *spn-4* 遺伝子が逆向きの翻訳制御をおこなっていることがわかる。

Figure 1 - Translational control of *glp-1* gene (a Notch homologue) by *pos-1* and *spn-4* genes. 4-cell stage embryos of A) wild type, B) *pos-1*, C) *spn-4* were immunostained using anti-GLP-1 antibody.

## Genome biology of *C. elegans* development

We are performing a systematic analysis of expression and function of the genome of the nematode *C.elegans*, aiming at understanding of the genetic program for development. We have already identified 14,000 genes through EST project, and have analyzed their expression patterns by using of whole mount in situ hybridization and their function by RNAi. All the information has been integrated in NEXTDB <http://nematode.lab.nig.ac.jp/>. Based on the information, we are conducting the following studies;

- Mechanisms of localization and translational control of maternal mRNAs
- Clustering analysis of gene expression patterns
- Functional analysis of microRNAs
- Systematic identification of regulatory elements of genes
- Comparative genomics using closely related nematodes

We are also organizing the supporting activities for large-scale genome analysis in the academic domain.

Langenhan, T. Prömel, S., Mestek, L., Esmaili, B., Waller-Evans, H., Hennig, C., Kohara, Y., Avery, L., Vakonakis, I., Schnabel, R. and Russ, A.P. (2009). Latrophilin signalling links anterior-posterior tissue polarity and oriented cell divisions in the *C. elegans* embryo. *Developmental Cell* 17, 494 - 504.

Wang, X., Zhao, Y., Wong, K., Ehler, P., Kohara, Y., Jones, S.J., Mara, M.A., Holt, R.A., Moerman, D.G. and Hansen, H. (2009). Identification of genes expressed in the hermaphrodite germ line of *C. elegans* using SAGE. *BMC Genomics* 10:213.

Putnam, H. et al. (and 37 people) (2008). The amphioxus genome and the evolution of chordate karyotype, *Nature* 453, 1064-1071.

Andachi, Y.(2008). A novel biochemical method to identify target genes of individual microRNAs: Identification of a new *Caenorhabditis elegans* *let-7* target, *RNA*, 14, 2440-2451.

Kagoshima, H., Nimmo, R., Saad, N., Tanaka, J., Miwa, Y., Mitani, S., Kohara Y. and Woollard, A.(2007). The *C. elegans* CBFb homologue BRO-1 interacts with the Runx factor, RNT-1, to promote stem cell proliferation and self-renewal. *Development* 134, 3905-3915.

Kasahara, M., Naruse, K., Sasaki, S., Nakatani, Y., (and 31 people), Takeda, H., Morishita, S. and Kohara, Y. (2007). The medaka draft genome and insights into vertebrate genome evolution. *Nature* 446, 714-719.

藤山研究室

Fujiyama Group

http://www.dc-bio.nii.ac.jp/



藤山秋佐夫  
教授 理博  
FUJIYAMA, Asao  
D. Sc., Professor



豊田 敦  
特任准教授 博(理)  
TOYODA, Atsushi  
D. Sc., Project Associate Professor



比較ゲノム研究による生命の多様性と特異性の理解

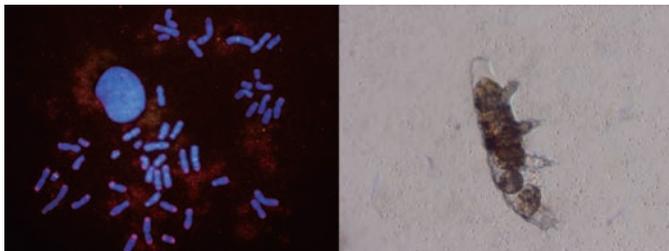
ゲノム研究から得られる多様な遺伝情報は、現代の生命科学研究にとって欠くべからざるものとなっています。ゲノムに書き込まれた情報を、さまざまな生命現象と照らし合わせながら解読することにより、生命原理の探求を進める基礎生物学だけではなく、医療、創薬、育種、環境保全、物質生産などさまざまな応用研究の基盤となる「遺伝情報」を得られることが期待されています。

比較ゲノム解析研究室は、ゲノムに書かれた情報を通じて生命の多様性や原理原則を明らかにし、地球に出現した豊かな生物相が示すさまざまな生命活動をゲノムの切り口から理解することを目標に、日々の研究活動を行っています。そのため当研究室では、ヒトを含む霊長類から、生命研究上の重要生物種、極地などの極限環境に棲息する生物まで、広範囲な生物種を研究の対象としています(図を参照)。

また、当研究室は、従来のゲノム解読手法に加え、超並列新型シーケンサとインフォマティクスをコアとした最新のゲノム解析手法を利用するための技術開発も進めており、国立情報学研究所、理化学研究所などの外部研究機関と連携しながら共同研究を積極的に行っていることも研究活動上の特徴の一つです。

当面の課題として、以下のテーマに取り組めます。

- ヒトと霊長類ゲノムの特性と多様性の解明
- 共生や極限環境生物の多様性解析
- 新型シーケンサに関わる微量解析などの技術開発
- BACライブラリなどの、ゲノム研究リソースの整備



図一 図左:ヒト21番染色体テロメア領域との相同性を示すゴリラ染色体のFISH画像  
図右:地上最強の生物といわれるクマムシと卵

Figure - Left: FISH analysis of gorilla chromosomes using human chr-21 telomeric probe  
Right: Water bear and its eggs

Comparative Genomics Research toward Understanding Diversity and Idiosyncrasy of Life Systems

Genomic information is one of the most basic and reliable data that can be used to conduct basic research to explain various biological phenomena as well as many applied sciences such as medicine, pharmaco-genomics, agriculture, ecology or production of bio-materials.

The genomic information, particularly after the publication of human genome paper in 2001 and 2004, are often referred to as a treasure-trove of genetics and has been providing richest resources to the community.

The Comparative Genomics Laboratory was established in April 2008 with the task to understand basic rules of biological systems based on actively reading and analyzing various genomes of interest using cutting-edge DNA sequencing and analysis technology. Currently, we are analyzing personalized genomes of primates in addition to the organisms those living in the extreme environmental conditions. The figures in the left column show examples of such activities.

Yoko Kuroki, Atsushi Toyoda, Hideki Noguchi,, Todd D. Taylor, Takehiko Itoh, Dae-Soo Kim, Dae-Won Kim,, Sang-Haeng Choi, Il-Chul Kim, Han Ho Choi, Yong Sung Kim, Yoko Satta, Naruya Saitou, Tomoyuki Yamada, Shinichi Morishita, Masahira Hattori,, Yoshiyuki Sakaki, Hong-Seog Park, and Asao Fujiyama. (2006). Comparative analysis of chimpanzee and human Y chromosomes unveils complex evolutionary pathway. *Nature Genetics* 38, 158-167.

Hongoh Y, Sharma VK, Prakash T, Noda S, Toh H, Taylor TD, Kudo T, Sakaki Y, Toyoda A, Hattori M, Ohkuma M. (2008). Genome of an endosymbiont coupling N2 fixation to cellulolysis within protist cells in termite gut. *Science* 322, 1108-1109.

Putnam NH, Butts T, Ferrier DE, Furlong RF, Hellsten U, Kawashima T, Robinson-Rechavi M, Shoguchi E, Terry A, Yu JK, Benito-Gutierrez EL, Dubchak I, Garcia-Fernandez J, Gibson-Brown JJ, Grigoriev IV, Horton AC, de Jong PJ, Jurka J, Kapitonov VV, Kohara Y, Kuroki Y, Lindquist E, Lucas S, Osoegawa K, Pennacchio LA, Salamov AA, Satou Y, Sauka-Spengler T, Schmutz J, Shin-I T, Toyoda A, Bronner-Fraser M, Fujiyama A, Holland LZ, Holland PW, Satoh N, Rokhsar DS. (2008). The amphioxus genome and the evolution of the chordate karyotype. *Nature* 453, 1064-1071.

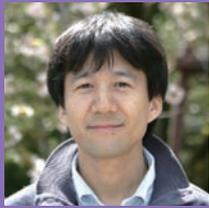
STAR Consortium; Saar K, Beck A, Bihoreau MT, Birney E, Brocklebank D, Chen Y, Cuppen E, Demonchy S, Dopazo J, Flicek P, Foglio M, Fujiyama A, Gut IG, Gauguier D, Guigo R, Guryev V, Heinig M, Hummel O, Jahn N, Klages S, Kren V, Kube M, Kuhl H, Kuramoto T, Kuroki Y, Lechner D, Lee YA, Lopez-Bigas N, Lathrop GM, Mashimo T, Medina I, Mott R, Patone G, Perrier-Cornet JA, Platzer M, Pravenec M, Reinhardt R, Sakaki Y, Schilhabel M, Schulz H, Serikawa T, Shikhagaie M, Tatsumoto S, Taudien S, Toyoda A, Voigt B, Zelenika D, Zimdahl H, Hubner N. (2008). SNP and haplotype mapping for genetic analysis in the rat. *Nat Genet.* 40, 560-566.

Watanabe T, Totoki Y, Toyoda A, Kaneda M, Kuramochi-Miyagawa S, Obata Y, Chiba H, Kohara Y, Kono T, Nakano T, Surani MA, Sakaki Y, Sasaki H. (2008). Endogenous siRNAs from naturally formed dsRNAs regulate transcripts in mouse oocytes. *Nature* 453, 539-543.

Mitsui J, Mizuta I, Toyoda A, Ashida R, Takahashi Y, Goto J, Fukuda Y, Date H, Iwata A, Yamamoto M, Hattori N, Murata M, Toda T, Tsuji S. (2009) Mutations for Gaucher disease confer high susceptibility to Parkinson disease. *Arch Neurol.* 66, 571-576.

## 前島研究室 Maeshima Group

<http://www.nig.ac.jp/section/maeshima/maeshima-j.html>



前島一博  
教授 博士(医学)  
MAESHIMA, Kazuhiro  
D. Med., Professor



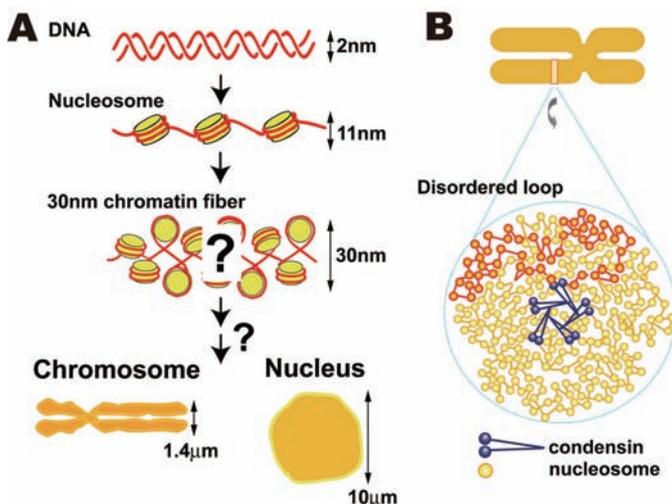
平谷伊智朗  
助教 博(理)  
HRATANI, Ichiro  
D. Sci., Assistant Professor



## ゲノムクロマチンの折り畳み構造とダイナミクス

昨年度発足の本研究室では、「ヒトゲノムDNAが核や染色体のなかに、三次元的にどのように折り畳まれ、そしてどのようにゲノムが機能しているのか？」を研究している。最近、染色体内のクロマチンがとても不規則な形で折り畳まれていることを発見した。今後、この知見を、遺伝子発現、さらには発生分化など、幅広い研究につなげていく予定である。定量的ライブイメージング、クライオ電子顕微鏡解析やX線散乱解析などの物理化学的な手法、さらにはゲノムワイドな解析を組み合わせて、ユニークな研究を目指している。現在進めている主な研究テーマ

- 定量的ライブイメージングを用いたクロマチンダイナミクスの解析
- X線散乱とクライオ電顕を用いたヒト細胞核と分裂期染色体のクロマチンの高次構造解析
- 細胞周期における「ゲノムの入れ物」細胞核の構築メカニズムの解析



図一 私たちの解析結果では、分裂期染色体の中には教科書に載っているような30nmクロマチン繊維が存在せず(A)、11nmのヌクレオソーム繊維が不規則に折り畳まれていることが明らかになった(B)。

Figure - In our structural study by cryo-EM, we did not find any higher-order structures in mitotic chromosomes, or even 30-nm chromatin fibers (A), but just a uniform disordered texture (B). We thus propose that mitotic chromosomes consist of 11-nm nucleosome fibers folded irregularly.

## 3D-organization and dynamics of human genome chromatin

Our research interest lies in determining how a long string of genomic DNA is three-dimensionally organized in mitotic chromosomes and the nucleus, and how the organized genome functions during cellular proliferation, differentiation, and development. We are using a novel combination of molecular cell biology and biophysics to elucidate 3D-organization and dynamics of human genome chromatin. Current on-going projects are as follows:

- Analysis of chromatin dynamics in nuclei and mitotic chromosomes by quantitative live-cell imaging.
- Structural study of nuclei and mitotic chromosomes by X-ray scattering and cryo-electron microscopy
- Understanding of nuclear assembly and growth mechanisms during cell-cycle

Takemoto, A., Maeshima, K., Ikehara, T., Yamaguchi, K., Murayama, A., Imamura, S., Imamoto, N., Yokoyama, S., Hirano, T., Watanabe, Y., Hanaoka, F., Yanagisawa, J., and Kimura, K. (2009). The chromosomal association of condensin II is regulated by a non-catalytic action of PP2A. *Nature Structural & Molecular Biology* 16, 1302-1308.

Nishino, Y., Takahashi, Y., Imamoto, N., Ishikawa, T., and Maeshima, K. (2009).

Three-Dimensional Visualization of a Human Chromosome Using Coherent X-ray Diffraction. *Physical Review Letters* 102, 18101 (4 pages).

Eltsov, M., MacLellan, K.M., Maeshima, K., Frangakis, A.S., and Dubochet, J.

(Three authors equally contributed.) (2008). Analysis of cryo-electron microscopy images does not support the existence of 30-nm chromatin fibers in mitotic chromosomes in situ. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 105, 19732-19737.

Wendt, K.S., Yoshida, K., Itoh, T., Bando, M., Koch, B., Schirghuber, E., Tsutsumi, S., Nagae, G., Ishihara, K., Mishiro, T., Yahata, K., Imamoto, F., Aburatani, H., Nakao, M., Imamoto, N., Maeshima, K., Shirahige, K., and Peters, J.-M. (2008). Cohesin is required for the transcriptional insulator function of CTCF binding sites. *Nature (Article)* 457, 796-801.

Maeshima, K., Yahata, K., Sasaki, Y., Nakatomi, R., Tachibana, T., Hashikawa, T., Imamoto, F., and Imamoto, N. (2006). Cell cycle dependent dynamics of nuclear pores: pore-free island and lamins. *Journal of Cell Science* 119, 4442-4451.

Review Article

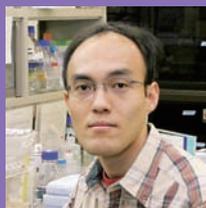
Maeshima, K., and Eltsov, M. (2008). Packaging the genome: the structure of mitotic chromosomes. *Journal of Biochemistry* 143, 145-153.

## 白木原研究室 Shirakihara Group

http://133.39.80.79/



白木原康雄  
准教授 理博  
SHIRAKIHARA, Yasuo  
D. Sc., Associate Professor



伊藤 啓  
助教 博(理)  
ITO, Hiroshi  
D. Sc., Assistant Professor



## X線結晶解析を用いたタンパク質作用機序の解明

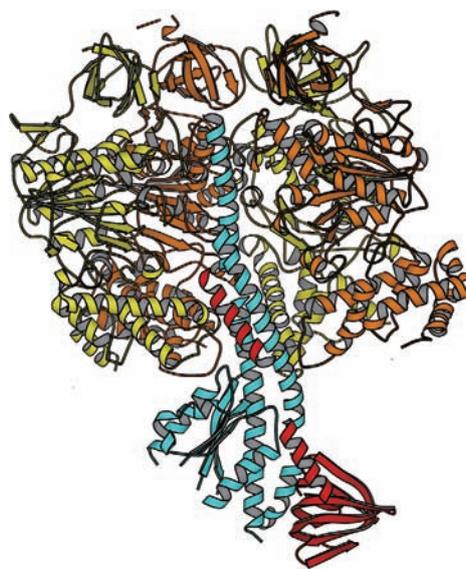
構造生物学の立場から見て重要なタンパク質、その集合体(超分子)の立体構造を決定します。生命を支える様々な機構を分子レベルで理解するためには、そこで働くタンパク質を中心とした分子の立体構造の知識が重要な役割を果たすからです。更に、例えばリガンドが結合してタンパク質の状態が変化した時に起こる構造変化を追跡することによって、作用機序の直接の理解することも目指します。

当研究室ではそのためにX線結晶回折法を用います。実際には、まず標的分子が規則正しく並んだ結晶を作ります。次にその結晶にX線をあてて回折模様を記録します。最後に回折模様をコンピューターで解析して立体構造を決定します。

現在、以下の分子の構造解析を行っています。

- F1-ATPase、ATP合成酵素
- 細菌転写因子群
- ヒト転写因子群
- 耐塩性グルタミナーゼ

これらの標的タンパク質は、それぞれが興味深い固有の作動機構を持っています。またこれらの中には解析が非常に困難であった巨大分子F1-ATPase、膜巨大酵素ATP合成酵素などが含まれています。



図一 F1-ATPase  $\alpha\beta\gamma\epsilon$  複合体の三次元構造。 $\beta$ サブユニットは黄色、 $\alpha$ オレンジ、 $\gamma$ 青、 $\epsilon$ 赤で示す。新規の、ヌクレオチド結合状態と $\epsilon$ サブユニットのコンホメーションが特徴。

Figure - A schematic representation of structure of  $\alpha\beta\gamma\epsilon$  complex of F1-ATPase.  $\beta$ -subunits are shown in yellow,  $\alpha$ -subunits red,  $\gamma$  cyan and  $\epsilon$  magenta. The structure shows a novel nucleotide occupancy and a novel conformation of the  $\epsilon$ -subunit.

## Mechanism-oriented protein structure determination by X-ray diffraction

We are working on protein structure determination using X-ray diffraction techniques, in order to understand the working mechanism of the proteins that are broad in biological function spectrum, but are each with the unique and interesting action mechanism. The proteins under current investigation include: the sub-complexes of F1-ATPase, ATP synthase, bacterial transcription factors, human transcription factors and salt-tolerant glutaminase. Some of those targets have exhibited extreme difficulties.

To understand the unique rotational catalysis mechanism of ATP synthase, we have been extending the structural study from the  $\alpha\beta\beta_3$  sub-assembly to upper subassemblies. The  $\alpha\beta\beta_3\gamma\epsilon$  sub-complex has provided a unique opportunity to look at F1 structure with a unique nucleotide occupancy i.e. nucleotide bound to a single catalytic  $\beta$ - $\delta$  subunit. Also, we have now got ATP synthase crystals. PhzR protein, a *P. aeruginosa* transcriptional factor, and *E. coli* YmcB protein are under investigation using the MAD approach. Recently the structure of the salt-tolerant glutaminase have been solved under a number of different conditions, giving an account of how the unique salt tolerancy is realized in the protein.

Yoshimune, K., Shirakihara, Y., Wakayama, M., and Yumoto, I. (2010). Crystal structure of salt-tolerant glutaminase from *Micrococcus luteus* K-3 in the presence and absence of its product L-glutamate and its activator Tris. *FEBS. J* 277, 738-748.

Murakami, K., Stewart, M., Nozawa, K., Tomii, K., Kudou, N., Igarashi, N., Shirakihara, Y., Wakatsuki, S., Yasunaga, T., and Wakabayashi, T. (2008). Structural basis for tropomyosin overlap in thin (actin) filaments and the generation of a molecular swivel by troponin-T. *Proc. Natl. Acad. Sci* 105, 7200 - 7205.

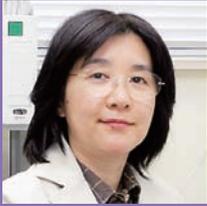
Yoshimune, K., Shirakihara, Y., Shiratori, A., Wakayama, M., Chantawannakul, P., Moriguchi, M. (2006). Crystal structure of a major fragment of the salt-tolerant glutaminase from *Micrococcus luteus* K-3. *BioChem Biophys Res Commun* 346, 1118 - 1124.

Shiroishi, M., Kuroki, K., Tsumoto, K., Yokota, A., Sasaki, T., Amano, K., Shimojima, T., Shirakihara, Y., Rasubala, L., P. Anton van der Merwe, Kumagai, I., Kohda, D., and Maenaka, K. (2006). Entropically-driven MHC class I recognition by human inhibitory receptor Leukocyte Ig-like receptor B1 (LILRB1/ILT2/CD85). *J Mol Biol* 355, 237- 248.

Maenaka, K., Fukushi, K., Aramaki, H., and Shirakihara, Y. (2005). Expression, crystallization and preliminary diffraction studies of the *Pseudomonas putida* cytochrome P-450cam operon repressor CamR. *Acta Crystallogr* F61, 796 - 798.

Itou, H., Okada, U., Suzuki, H., Yao, M., Wachi, M., Watanabe, N., and Tanaka, I. (2005). The CGL2612 protein from *Corynebacterium glutamicum* is a drug resistance-related transcriptional repressor. *J. Biol. Chem* 280, 46 38711 - 38719.

## 鈴木研究室 Suzuki Group

<http://www.nig.ac.jp/labs/GenNetwk/kairo-hp/home/index.html>

鈴木えみ子  
准教授 博(医)  
SUZUKI Emiko  
D. Med., Associate Professor



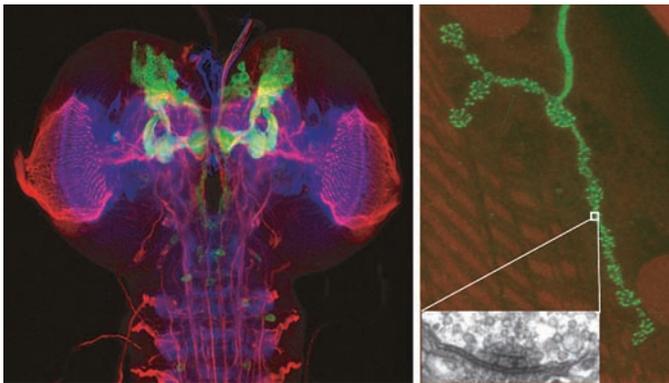
来栖光彦  
助教 博(理)  
KURJUSU Mitsuhiko  
D. Sc., Assistant Professor



## 神経回路形成の分子・細胞メカニズム

私達の行動や思考は脳神経系において神経細胞が精妙な情報伝達回路を形成する事によって成り立っています。当研究室では神経回路の形成機構を、比較的単純な神経系を持ちながら多様な学習・記憶及び行動様式が知られているショウジョウバエを用いて研究しています。分子遺伝学的手法と共焦点顕微鏡や電子顕微鏡による形態解析法を駆使し、以下の課題に取り組んでいます。

- シナプス形成: シナプス結合の標的特異性やシナプス伝達の強度を制御している細胞表面蛋白質を遺伝子の異所発現実験により同定し、詳細な機能解析を行っています。
- 神経層形成: 局所神経回路形成の基盤となる神経層の形成機構を、ショウジョウバエの学習・記憶中枢であるキノコ体を用いて解析しています。
- 神経細胞内シグナル伝達: 複眼視細胞をモデル系として用い、細胞内シグナル伝達分子の細胞内配置や機能発現の遺伝子機構を解析しています。
- 神経細胞内タンパク質輸送と極性形成: 神経細胞の極性形成の基盤となるタンパク質の細胞内輸送機構を、ゴルジ体の機能分化に着目して研究しています。



図一 ショウジョウバエ神経系の特異抗体による染色像。左図: 幼虫の脳。キノコ体(緑)と視覚葉(赤)が発達している。右図: 運動神経終末(緑)。挿入図: シナプスの電子顕微鏡写真。

Figure - *Drosophila* nervous system stained with specific antibodies. Left panel: Larval brain. Mushroom bodies (green) and optic lobes (red) are highlighted. Right panel: Motoneuron terminal (green). Inset: Electron micrograph of a synapse.

## Molecular and cellular mechanisms for neural network formation

Precise connectivity in neural networks is the basis for our behavior and thought. We are studying genetic and cellular mechanisms underlying neural connectivity in *Drosophila melanogaster*, which shows variety of learning/memory or other behaviors with a relatively simple nervous system. By combination of molecular genetics and high-resolution imaging analysis, we are tackling following issues.

- Synapse formation: We have identified cell-surface proteins involved in the establishment of specific synaptic connectivity, by ectopic gene-expression screening. Their molecular functions are currently studied in detail.
- Neural lamina formation: Laminal structures are important for the establishment of local neuronal circuits. We are studying gene regulatory mechanism for lamina formation in mushroom bodies, a learning and memory center.
- Intracellular signal transduction: Using photoreceptor neurons in the compound eye, we are studying genetic mechanisms for the topological and functional regulation of the components of intracellular signaling pathways.
- Neuronal polarization and protein trafficking: We are focusing on the functional arrangement of Golgi apparatuses in protein trafficking, which is crucial for neuronal polarization.

Kurusu, M., Maruyama, Y., Adachi, Y., Okabe, M., Suzuki, E., and Furukubo-Tokunaga, K. (2009). A conserved nuclear receptor, *Tailless*, is required for efficient proliferation and prolonged maintenance of mushroom body progenitors in the *Drosophila* brain. *Dev. Biol.* 326, 224-236.

Kurusu, M., Cording, A., Taniguchi, M., Menon, K., Suzuki, E., and Zinn, K. (2008). A screen of cell-surface molecules identifies leucine-rich repeat proteins as key mediators of synaptic target selection. *Neuron* 59, 972-985.

Kurusu, M., and Zinn, K. (2008). Receptor tyrosine phosphatases regulate birth order-dependent axonal fasciculation and midline repulsion during development of the *Drosophila* mushroom body. *Mol. Cell Neurosci.* 38, 53-65.

Xu, H., Lee, S.-J., Suzuki, E., Dugan, K. D., Stoddars, A., Li, H.-S., Chodosh, L. A., and Montell, C. (2004). A lysosomal tetraspanin associated with retinal degeneration identified via a genome-wide screen. *EMBO J.* 23, 811-822.

鈴木えみ子 (2004) 標的認識分子から見たシナプス形成機構. *細胞* 36, 66-69.

# 五條堀研究室 Gojobori Group

<http://www.cib.nig.ac.jp/dda/home-j.html>



五條堀 孝  
教授 理博  
GOJOBORI, Takashi  
D. Sc., Professor



池尾一穂  
准教授 理博  
IKEO, Kazuho  
D. Sc., Associate Professor



鈴木善幸  
助教 博(理) 博(医)  
SUZUKI, Yoshiyuki  
M. D., Ph. D., Assistant Professor



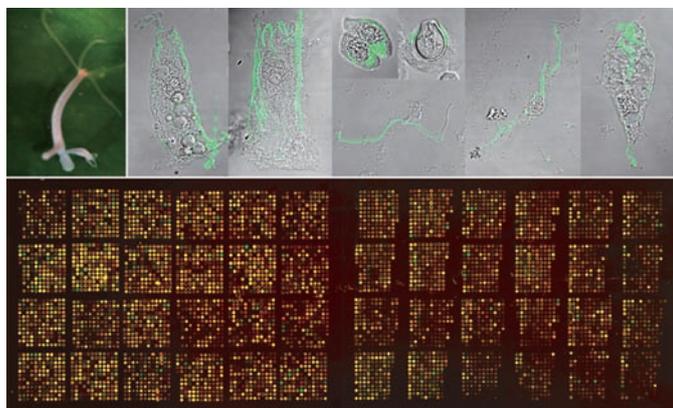
福地佐斗志  
助教 博(理)  
FUKUCHI, Satoshi  
D. Sc., Assistant Professor



## ゲノム配列データと遺伝子発現から見た分子進化学, 生命情報学

本研究室では、生物の進化機構を解明するため、バイオインフォマティクスと分子進化学の両方の立場から、実験的研究および計算機を用いた遺伝情報解析を行っています。現在進めているおもな研究課題は、

- (1) 脳・神経系の進化過程を解明するため、EST 配列決定と DNA チップを用いたヒドラ神経細胞やプラナリア脳での遺伝子発現様式の研究、
- (2) 高等生物におけるゲノム遺伝子構成の進化、
- (3) 水平遺伝子移行の検出、
- (4) ウイルスの分子進化、
- (5) 遺伝子発現からみた眼の構造の進化、
- (6) 正の自然選択の検出法の開発、
- (7) 脳などの生体の3次元可視化統合データベースの構築、
- (8) セルイノベーションとその情報プラットフォーム構築、などがあります。



図一 多細胞生物でも非常に原始的とされる刺胞動物のヒドラの細胞種ごとの遺伝子発現を調べるため、cDNA チップを作成した。神経細胞や感覚細胞などに特異的に発現する100個以上の遺伝子の同定に成功した。このように、神経系や視覚システムの進化的起源を調べるため、他にプラナリア、ホヤ、および洞穴魚などのcDNA チップも作成した。

Figure - Hydra cDNA chip is constructed to analyze the gene expression of various cell types in Hydra. We have collected more than 100 cell type specific genes including those expressed in nerve and sensory cells. In addition, we also developed cDNA chips for planarian, turnicate and cave fish to study the gene expression of nervous system and visual system.

## Study for molecular evolution and information biology using genome sequence and gene expression profile

In order to understand the evolutionary mechanisms of living organisms, we conduct both wet-lab experiments and data analyses by use of genome sequences and gene expression profiles. Currently ongoing research projects are as follows: (1) Gene expression profiling of planarian brains and hydra neural cells to understand the evolution of brain and neural systems, (2) Comparative genomics of higher organisms to trace the evolutionary process of genomes, (3) Identification of horizontal gene transfer by complete genome comparisons of bacteria by grid computing, (4) Molecular evolution of pathogenic viruses, (5) Evolution of eye structures and their gene expression, (6) Development of statistical methods for detecting positive selection, (7) 3D visualized and integrated database of biosystems, and (8) Construction of bio-platform for the cell innovation project.

Horie, M., Honda, T., Suzuki, Y., Kobayashi, Y., Daito, T., Oshida, T., Ikuta, K., Jern, P., Gojobori, T., Coffin, J.M., and Tomonaga, K. (2010). Endogenous non-retroviral RNA virus elements in mammalian genomes. *Nature* 463, 84-87.

HUGO Pan-Asian SNP Consortium. (2009). Mapping human genetic diversity in Asia. *Science* 326, 1541-1545.

FANTOM Consortium. (2009). The transcriptional network that controls growth arrest and differentiation in a human myeloid leukemia cell line. *Nat. Genet* 41, 553-562.

Akihito, Fumihito, A., Ikeda, Y., Aizawa, M., Makino, T., Umehara, Y., Kai, Y., Nishimoto, Y., Hasegawa, M., Nakabo, T., and Gojobori, T. (2008). Evolution of Pacific Ocean and the Sea of Japan populations of the gobiid species, *Pterogobius elapoides* and *Pterogobius zonoleucus*, based on molecular and morphological analyses. *Gene* 427, 7-18.

Howe, D., Costanzo, M., Fey, P., Gojobori, T., Hannick, L., Hide, W., Hill, D.P., Kania, R., Schaeffer, M., St. Pierre, S., Twigger, S., White, O., and Yon Rhee, S. (2008). Big data: the future of biocuration. *Nature* 455, 47-50.

The FANTOM Consortium. (2005). The transcriptional landscape of the mammalian genome. *Science* 309, 1559-1563.

# 高木・中村研究室 Takagi and Nakamura Group

http://www.nig.ac.jp/section/ttyn/ttyn-j.html



高木利久  
教授 工博  
TAKAGI, Toshihisa  
D. Eng., Professor



中村保一  
教授 博士(理)  
NAKAMURA, Yasukazu  
D. Sc., Professor



神沼英里  
助教 博士(工)  
KAMIJIMA, Ei  
D. Eng., Assistant Professor



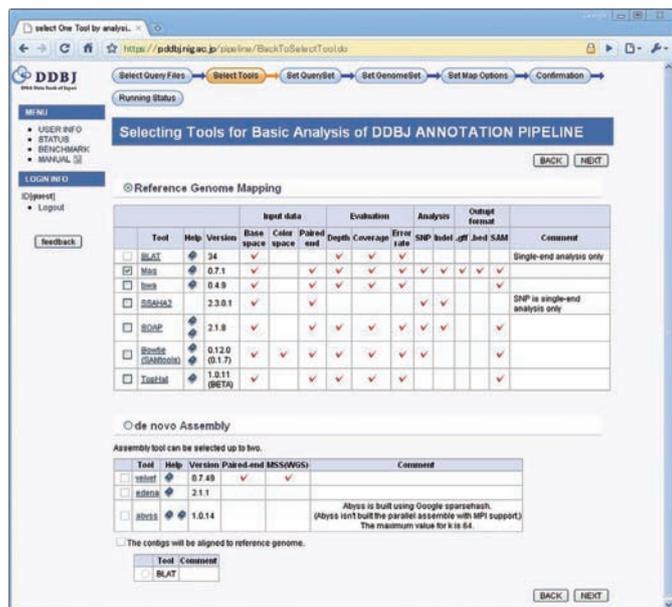
竹内宗孝  
特任准教授  
TAKEUCHI, Munetaka  
D. Eng., Project Associate Professor



## 生物研究の基盤データベースとしてのDDBJ事業の推進

高速かつ大量に決定される塩基配列情報は、生物学のあらゆる分野で活用される情報基盤です。しかし情報の爆発的な大容量化により、データベースからの実験生物学者への情報提供は難しくなり、配列注釈不足や特徴情報の記載誤りも問題となっています。高木研究室と中村研究室は、一体的な運営のもとで日本DNAデータバンク (DDBJ) 業務担当研究室として、データベース運用の高度化と配列注釈の質向上に取り組みます。

- 次世代シーケンサ (NGS) の大量データ配列解析  
大量配列データの効率的処理を目的としたNGS配列解析手法の研究。遺伝研の計算機資源を利用したNGS自動配列解析システム「DDBJ Read Annotation Pipeline」を構築中。
- クラウド型データ解析・登録支援システム  
実験生物学者がデータをDDBJにアップロードすると、配列解析や登録を自動処理するクラウド型解析システムの構築。
- ゲノム配列注釈の評価尺度研究  
ゲノム配列の構造・機能の注釈データの統計的評価手法を確立する事で、アノテーション・キュレーション処理の効率化を目指す。



図一 NGS自動配列解析システム「DDBJ Read Annotation Pipeline」のreference mappingのツール選択画面

Figure - A screenshot of reference mapping tools on a NGS automatic analytical system

## Promotion of DDBJ as an infrastructure database for lifescience

Precise connectivity in neural networks is the basis for our behavior and thought. We are studying genetic and cellular mechanisms underlying neural connectivity in *Drosophila melanogaster*, which shows variety of learning/memory or other behaviors with a relatively simple nervous system. By combination of molecular genetics and high-resolution imaging analysis, we are tackling following issues. Ultra high-throughput sequencing technologies allow biologists to obtain larger amounts of nucleotide sequence data. Reliable database operation and high-quality annotation supply are essential. As the core part of DNA Data Bank of Japan (DDBJ), Takagi and Nakamura laboratories united in an attempt 1) to develop advanced database management systems, and 2) to improve quality of the content of DDBJ.

- Automatic analysis of next-generation sequencing data  
To establish automatic analysis of NGS data is significant for efficient processing of large amount of sequences. We are constructing an automatic analytical system "DDBJ Read Annotation Pipeline" by using NIG super-computers.
- Cloud computing based data analysis and registration support system  
A cloud computing based platform towards automatic data analysis and DDBJ sequence registration has been investigated to support molecular biologists without bioinformatics technique.
- Evaluation measures of genomic annotations  
Manual annotations and curations of genomic sequence is time consuming. Structural and functional annotations by automatic and manual processing are evaluated by using proposed statistical methods.

Nakazato, T., Bono, H., Matsuda, H., and Takagi, T. (2009). Gendoo: functional profiling of gene and disease features using MeSH vocabulary. *Nucleic Acids Res.* Jul 1;37(Web Server issue):W166-9.

Kaneko, T., Minamisawa, K., Isawa, T., Nakatsukasa, H., Mitsui, H., Kawaharada, Y., Nakamura, Y., Watanabe, A., Kawashima, K., Ono, A., Shimizu, Y., Takahashi, C., Minami, C., Fujishiro, T., Kohara, M., Katoh, M., Nakazaki, N., Nakayama, S., Yamada, M., Tabata, S., and Sato, S. (2010). Complete Genomic Structure of the Cultivated Rice Endophyte *Azospirillum sp.* B510. *DNA Res.* 17(1):37-50.

Nakao, M., Okamoto, S., Kohara, M., Fujishiro, T., Fujisawa, T., Sato, S., Tabata, S., Kaneko, T., and Nakamura, Y. (2010). CyanoBase: the cyanobacteria genome database update 2010. *Nucleic Acids Res.* Jan;38(Database issue):D379-81.

Kaminuma, E., Mashima, J., Kodama, Y., Gojbori, T., Ogasawara, O., Okubo, K., Takagi, T., and Nakamura, Y. (2010). DDBJ launches a new archive database with analytical tools for next-generation sequence data. *Nucleic Acids Res.* Jan;38(Database issue):D33-8.

Hakoyama, T., Niimi, K., Watanabe, H., Tabata, R., Matsubara, J., Sato, S., Nakamura, Y., Tabata, S., Jichun, L., Matsumoto, T., Tatsumi, K., Nomura, M., Tajima, S., Ishizaka, M., Yano, K., Imaizumi-Anraku, H., Kawaguchi, M., Kouchi, H., and Suganuma, N. (2009). Host plant genome overcomes the lack of a bacterial gene for symbiotic nitrogen fixation. *Nature.* Nov 26;462(7272):514-7.

Kurihara, Y., Kaminuma, E., Matsui A., Kawashima, M., Tanaka M., Morosawa T., Ishida, J. Mochizuki, Y., Shinozaki, K., Toyoda, T., and Seki, M. (2009). Transcriptome Analyses Revealed Diverse Expression Changes in ago1 and hy1 Arabidopsis Mutants, *Plant Cell Physiology* 50:1715-172.

# 大久保研究室 Okubo Group

<http://www.nig.ac.jp/section/okubo/okubo-j.html>



大久保公策  
教授 博(医)  
OKUBO, Kousaku  
D. Med., Professor



小笠原 理  
助教 博(理)  
OGASAWARA, Osamu  
D. Sc., Assistant Professor



## ゲノムワイドな測定からの知識発見

### 1. データおよび知識の統合に関する研究

今世紀の科学は生命科学に限らず複雑な現象のデジタル観測に始まる発見科学です。デジタル化された膨大な文献も一種のデータです。データの多角的組み合わせによる発見のためにはデータを自在に組み合わせる統合が必要になります。データ統合は研究室を超えて行われるため、統合には意味上、形式上、社会制度上の課題が存在します。DDBJおよび統合データベースセンターの運営に参加しながら、実際の統合に際して生じる問題に側面を限定せずに取り組み、その解決法や再利用可能な資源を作っています。

### 2. 遺伝子発現の進化モデルの構築

遺伝子発現の進化は形態進化と分子進化をつなぐための1つの鍵と考えられています。ゲノムワイドな発現プロファイルの測定法の普及により、その進化的変化の研究が盛んとなりましたが観測結果の解釈についてはまちまちでした。その理由は遺伝子発現進化の明確なモデルが存在せず、配列の分子進化のアナロジーを用いて解釈が行われていたためと考えられます。そこで我々はこれまでの観察を統一的に説明する遺伝子発現進化のモデルの構築を行っています。



図一 DNAデータベース(DDBJ/EMBL/GenBank)総覧と検索。DNAデータベースを研究プロジェクト単位で閲覧・検索することができる。

Figure - DNA database (DDBJ/EMBL/GenBank) overview and search. This enables that the DNA databases are browsed and searched in terms of research projects.

URL  
<http://lifesciencedb.jp/ddbj/>  
<http://lifesciencedb.jp/cc/>  
<http://lifesciencedb.jp/ag/>

## Knowledge discovery through genome-wide measurements

### 1. Sharing and Integration of Data and Knowledge in Life Science

Science of 21 century is a discovery from digital observatory data of complex phenomena. Digital literature is also one of such data. For the fair competition of new knowledge from such data, data integration is inevitable. For data integration, we have to overcome semantic, syntactic, and pragmatic problems in science data. Being Involved in data sharing center for DNA sequence (DDBJ) and for literature and observatory data (DBCLS), we engineer technologies and resources which is necessary for sharing and integration of knowledge and data.

### 2. Theoretical studies of gene expression evolution

Gene expression evolution has long been hypothesized to serve as a bridge from molecular to phenotypic evolution. The advent of genome-wide gene expression profiling techniques have prompted the studies of this field, but some conflicts have arisen in the interpretation of the observations. Those are caused by the lack of definite theoretical models, and instead the use of inadequate analogies of molecular evolution. Therefore, we are constructing a theoretical model of gene expression evolution which provides consistent explanations of the pattern in the observations.

Ogasawara, O., and Okubo, K. (2009). On theoretical models of gene expression evolution with random genetic drift and natural selection. *PLoS One* 4, e7943.

Kaminuma, E., Mashima, J., Kodama, Y., Gojbori, T., Ogasawara, O., Okubo, K., Takagi, T., and Nakamura, Y. (2010). DDBJ launches a new archive database with analytical tools for next-generation sequence data. *Nucleic Acids Res* 38(Database issue), D33-38.

Sugawara, H., Ogasawara, O., Okubo, K., Gojbori, T., and Tateno, Y. (2008). DDBJ with new system and face. *Nucleic Acids Res* 36(Database issue), D22-24.

Hoshino, H., Uchida, T., Otsuki, T., Kawamoto, S., Okubo, K., Takeichi, M., and Chisaka, O. (2007). Cornichon-like Protein Facilitates Secretion of HB-EGF and Regulates Proper Development of Cranial Nerves. *Mol. Biol. Cell* 18, D1143-1152.

Ogasawara, O., Otsuji, M., Watanabe, K., Iizuka, T., Tamura, T., Hishiki, T., Kawamoto, S., and Okubo, K. (2006). BodyMap-Xs: Anatomical breakdown of 17 million animal ESTs for cross-species comparison of gene expression. *Nucleic Acid Res* 34(Database issue), D628-D631.

Okubo, K., Sugawara, H., Gojbori, T., and Tateno, Y. (2006). DDBJ in preparation for overview of research activities behind data submissions. *Nucleic Acids Res* 34(Database issue), D6-D9.

# 木村研究室 Kimura Group

[http://www.nig.ac.jp/labs/CelArchi/cell\\_archi\\_home.html](http://www.nig.ac.jp/labs/CelArchi/cell_archi_home.html)



木村 暁  
准教授 博(理)  
KIMURIA, Akatsuki  
D. Sc., Associate Professor

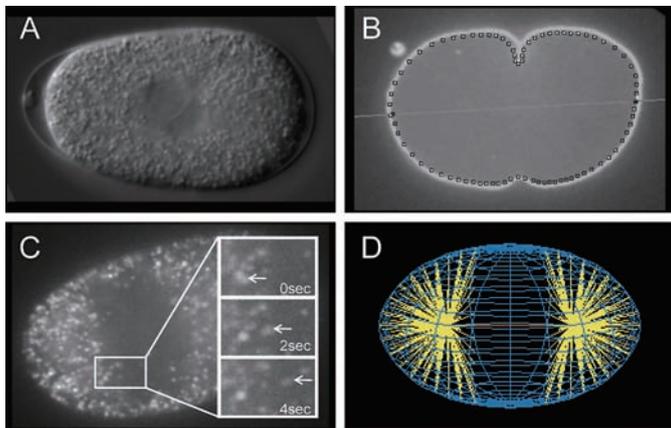


## 細胞建築学:細胞内空間配置のデザイン原理と力学的基盤の理解をめざして

細胞は空間的に組織化された建築物と捉えることができます。細胞はその内部に核などの細胞内小器官や染色体、細胞分裂面などを適切なサイズに調節し、適材適所に配置しています。この空間配置の制御は細胞の機能発揮に重要です。本研究室ではこの適切なサイズ・配置の制御に隠されている細胞空間のデザイン原理とその力学的な基盤の理解をめざして研究をすすめています。線虫 *C. elegans* の初期胚を主な対象に、分子生物学的な手法に加えて、コンピュータを活用したアプローチ(定量計測、シミュレーションなど)を積極的に活用しているのが特色です。

現在、以下の研究課題について進めています。

1. 細胞内の核と紡錘体の配置機構
2. 染色体と紡錘体の形態形成機構
3. 細胞内流動と細胞変形の定量化と数理モデルの構築



図一 (A)研究に用いている線虫初期胚。(B)画像処理の例(細胞膜の形状の抽出)。(C)定量計測の例(細胞内の流れの計測)。(D)シミュレーションの例(細胞分裂に伴う中心体の分配)。

Figure 1 - (A) A *Caenorhabditis elegans* embryo. (B) An example of image processing (morphology of cell membrane). (C) An example of quantitative measurement (cytoplasmic flow). (D) An example of computer simulation (segregation of the centrosomes during cell division).

## Toward understanding design principles and mechanical bases of the architecture of the cell

The cell is a highly organized architecture, in which organelles and the cell division plane are positioned in the right place with the right size at the right time. Our group is searching for design principles in spatial organization of cell architecture, and analyzing mechanical bases underlying the principles. We are using the nematode *Caenorhabditis elegans* embryo as a model system. In addition to molecular biology approaches, we use computational approaches such as image processing, quantitative measurement, and computer simulation.

Our research subjects include,

1. Intracellular positioning of the nucleus and spindle
2. Morphogenesis of the chromosomes and spindle
3. Quantitative measurement and modeling of cytoplasmic flow and cytokinesis

Hara, Y., and Kimura, A. (2009). Cell-size-dependent spindle elongation in the *Caenorhabditis elegans* early embryo. *Curr Biology* 19, 1549-1554

Goshima, G., and Kimura, A. (2010) New look inside the spindle: microtubule-dependent microtubule generation within the spindle. *Curr Opin in Cell Biology* 22, 44-49.

木村暁 (2009) 細胞核の大きさや場所はどのように決まるのか. *実験医学(増刊)*27, 2779-2786.

# 野々村研究室 Nonomura Group

<http://www.nig.ac.jp/labs/ExpFarm/jweb/jtop/jlab.html>



野々村賢一  
准教授 博(農)  
NONOMURA, Ken-ichi  
D. Agr., Associate Professor



宮崎さおり  
助教 博(農)  
MIYAZAKI, Saori  
D. Agr., Assistant Professor



## 植物の生殖細胞発生過程の分子細胞遺伝学

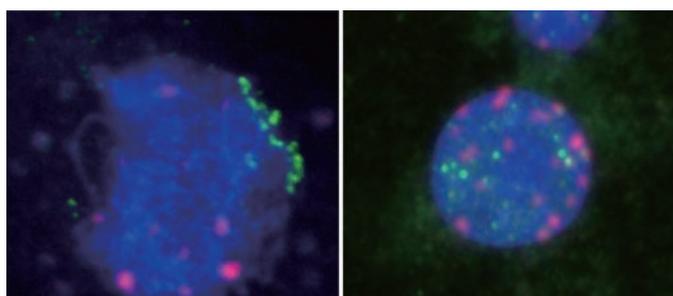
被子植物では、花の各器官の形成に引き続き、雄蕊および雌蕊の原基内部に生殖始原細胞が発生します。生殖始原細胞は数回の体細胞分裂を経て、減数分裂細胞とそれらを包む保育細胞へと分化します。減数分裂は、両親の遺伝子が組換えによりシャッフルされ、新しい遺伝子組み合わせをもつ染色体が創出される、正に遺伝の根幹を為す現象です。

植物がどのようにして生殖細胞を発生し、維持し、そして減数分裂をおこなうのか、については未だによくわかっていません。当研究室では、主に単子葉モデル穀類であるイネの突然変異体を用いて、生殖細胞の発生初期過程あるいは減数分裂に関わる遺伝子・蛋白質の分子機能を解析しています。

また、ナショナルバイオリソースプロジェクト(NBRP)に参加し、植物遺伝研究室と共同で、世界各地の野生イネおよび在来栽培品種の保存・分譲を行っています。

これらの植物材料を基盤として、今後は以下の解析に取り組みます：

- 生殖に関する新たなイネ突然変異体、遺伝子の同定
- イネ生殖細胞分化から減数分裂の遺伝的制御機構
- イネの生殖細胞、特に減数分裂細胞の染色体挙動



図一 イネ減数分裂初期の核。左図は正常な植物体、右図は *mel2* 突然変異体。正常植物では、減数分裂初期にテロメア(緑)が核膜の一部に集合するブーケ構造、および複数の動原体(赤)が集合するクロモセーター形成が観察される。青は染色体。*mel2* 変異体では減数分裂への移行が遅延あるいは阻害され、減数分裂に特徴的な染色体配置が観察されない。

Figure - Rice meiocyte nuclei of wild-type plants (left) and *mel2* mutant (right). In wild types, telomeres (green) are clustered at a restricted portion of inner-nuclear membrane at early meiosis I, so-called bouquet structure, and the chromocenters including several centromeres (red) are also formed. Blue indicates chromosomes. In contrast, in *mel2* mutants, no typical arrangement of meiotic chromosomes is observed, because a transition to meiosis is seriously delayed or disrupted.

## Molecular cytogenetics of plant germ-cell development

Primordial germ cell develops from hypodermis of stamen (male) and pistil (female) primordia in angiosperm species. Primordial germ cells are divided mitotically several times, and mature into meiocytes and nursery cells. Meiosis is one of the essential events of genetics, because it generates a new gene combination different from that of parents.

It has remained to be largely unknown how flowering plants generate and maintain germ cells, and how they undergo meiosis. To answer these questions, we have analyzed molecular functions of genes and proteins relating to early steps of plant germ-cell initiation, development and/or meiosis, mainly by using mutant lines of rice, a monocotyledonous model plant.

We have also organized the germplasm center of wild relatives and local varieties of rice in collaboration with the Plant Genetics Lab., under the funding support of the National Bioresource Project, Japan (NBRP).

On the basis of these plant materials, we will try the following subjects and analyses;

- Identification of new mutants and genes relating to the plant reproduction.
- Genetic regulatory system of germ-cell initiation to meiosis.
- Meiotic chromosome kinetics

Miyazaki, S., Murata, T., Sakurai-Ozato, N., Kubo, M., Demura, T., Fukuda, H., and Hasebe, M. (2009). *ANXUR1* and 2, sister genes to *FERONIA/SIRENE*, are male factors for coordinated fertilization. *Curr. Biol.* 19, 1327-1331.

米田典央, 野々村賢一 (2009) 減数分裂 - 相方を探すための植物染色体のダイナミックな挙動. (特集I 植物染色体の最前線. 河野重行編). 生物の科学 遺伝 63, 48-54.

Nonomura K.I., and Yamaki, S. (2008). Genetic dissection of sexual reproduction in rice (*Oryza sativa* L.). In "Rice Biology in the Genomics Era (Hirano, H.Y et al. eds.)", Biotech. Agr. Forestry 62, 191-204.

Nonomura, K.I., Morohoshi, A., Nakano, M., Eiguchi M., Miyao A., Hirochika, H., and Kurata N. (2007). A germ cell-specific gene of *ARGO-NAUTE* family is essential for the progression of premeiotic mitosis and meiosis during sporogenesis in rice. *Plant Cell* 19, 2583-2594.

Miyabayashi, T., Nonomura, K.I., Morishima, H. and Kurata N. (2007). Genome size of twenty wild *Oryza* Species determined by flow cytometric and chromosome analyses. *Breed. Sci.* 57, 73-78.

Nonomura, K.I., Nakano, M., Eiguchi, M., Suzuki, T., Kurata, N. (2006) *PAIR2* is essential for homologous chromosome synapsis in rice meiosis I. *J. Cell Sci.* 119, 217-225.

## 知的財産室 Intellectual Property Unit

http://www.nig.ac.jp/labs/IntProp/



鈴木睦昭  
室長 薬博  
SUZUKI, Mutsuki  
D. Pharm., Director



## 研究成果を活かす方策を検討、実行

知財立国、科学技術立国の実現に向かい、世界的潮流の下、国家の生き残りを賭けたイノベーション創出の国際競争がさらに激しくなっています。その中で、ライフサイエンスの基盤研究の強化は、科学の発展と絶えざるイノベーションの創出に必要な不可欠であるの言うまでもありません。遺伝研の知的財産の発掘、保護、活用を行うのが、知的財産室のミッションです。知財室のミッションは、いかに研究所から生まれた研究成果を活かす方策を考え、実行するかということになります。科学技術のシーズを、あるときは特許出願し、またあるときは、有体物として資産管理を行い適切に移転する、あるいは寄託を受ける。そして、基礎研究から応用研究、実用研究をすばやく結びつけることと共に、基礎研究自身をいかに進めやすくする体制確立が重要であります。知的財産室では遺伝研の知を大学・社会に伝達する体制を充実することを当面の目標とし、研究所から生まれた研究成果を活かす方策を考え、実行するかを検討しながら、遺伝研の研究成果からのイノベーション創成を目指すことで、基礎科学の進歩に貢献することを使命と考えています。

発明届	国内出願	外国出願	国内特許登録	外国特許登録	著作権処理	国内ライセンス契約	MTA処理
3	4	1	4	2	5	4	1735

2009年度知的財産権取扱い状況

(平成22年1月末現在)

## Communicate research findings at NIG with the outer world

International competition over innovative creation is intensifying in the present worldwide current of countries fighting for their prosperity by trying to become leaders in the fields of intellectual property, science and technology.

Amidst this current, the strengthening of foundational research in the life sciences is, needless to say, an absolute necessity for the development of science and the continued production of innovation.

We take the seeds of science and technology, sometimes apply for intellectual properties, sometimes manage and transfer as appropriate those seeds as material assets, and sometimes are entrusted with them. Furthermore, in addition to making the link between fundamental research and applicable or practical research as quickly as possible, it is also important to establish a structure in which it is easy to proceed with fundamental research itself.

With the immediate goal of establishing a system to effectively communicate knowledge from NIG to universities and society at large, the Intellectual Property Unit is examining ways to come up with and implement strategies to utilize research results produced by the Institute.

The Unit also considers it its mission to contribute to the advancement of fundamental science by aiming to produce innovation with research results from NIG.

Invention documents	Patent application (National filing)	Patent application (International filing)	Patent registration (Japan)	Patent registration	Copyright	Licensing	MTA
3	4	1	4	2	5	4	1735

A list of the 2009 Intellectual Property rights in NIG

## 〈招待講演〉

遺伝資源国際シンポジウム 招待講演(於 九州大学 2010.02)

東京医科歯科大学国際シンポジウム「日米MTA比較と今後の展開」 招待講演(於 東京医科歯科大学 2010.01)

Intellectual Property International Conference 招待講演(於 AIPPI, LES, Seoul, KOREA 2009.11)

AUTM2009 Western Region Meeting 招待講演(Vancouver, CANADA, 2009.09)

第6回UNITT大学技術移転者実務ネットワーク 招待講演(於 慶應義塾大学 2009.09)

Intellectual Property International Conference 招待講演(AIPPI, LES, Seoul, KOREA 2008.10)

AUTM Western region Meeting 招待講演(Honolulu, USA, 2008.07)

第4回UNITT大学技術移転実務者ネットワーク 招待講演(於 早稲田大学 2007.09)

京都大学知的財産経営学コース講演会 招待講演(於 京都大学 2007.11)

平成19年度大学知的財産戦略研修会 招待講演(於 御殿場高原ホテル 2007.12)

## 〈学術発表〉

日本知財学会「リサーチツール流通円滑化のためのMTAの運営最適化に関する研究」学会発表(2009.6)

日本知財学会「MTA管理事務を円滑に行うためには一体何が必要なのか?」学会発表(2009.06)

日本知財学会「リサーチツール流通円滑化のためのマテリアル移転同意書(MTA)の運営に関する研究」(2008.06)

日本知財学会「研究マテリアル移転システムの最適化に関する考察: ナショナルバイオリソースプロジェクトにおける検討」(2008.06)

日本知財学会 ライフサイエンス分科会第1回分科会「生物遺伝資源のMTA」学会発表(於 東京理科大学 2007.01)

日本知財学会「生物遺伝資源のマテリアルトランスファー(MTA)」学会発表(於 東京大学 2007.07)

## 〈著書〉

平成19年度知的財産学術研究助成採択 「リサーチツール流通円滑化のためのマテリアル移転契約書(MTA)の運営最適化に関する研究」(財団法人機械産業記念事業財団 2007.11)

「マテリアル・トランスファー・アグリーメント」(細胞工学別冊「リサーチツールとしてのバイオリソースとバイオデータベース」秀潤社, 2009)



菅原秀明  
特任教授 工博  
SUGAWARA, Hideaki  
D. Eng., Project Professor



岩柳隆夫  
特任教授 工博  
IWAYANAGI, Takao  
D. Eng., Project Professor

データベース運用開発プロジェクト The Research and Development of Biological Databases Project

菅原研究室  
Sugawara Group

http://www.sugawara.nig.ac.jp

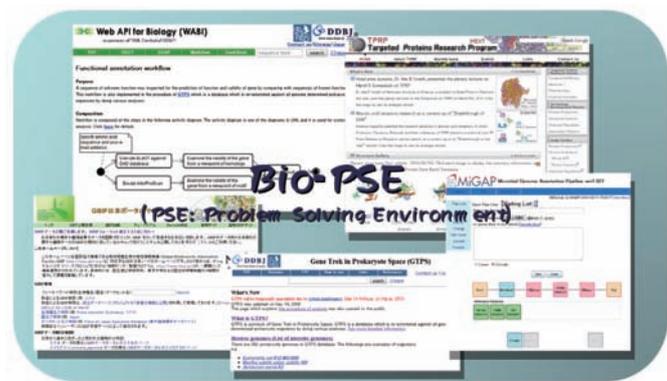


WABIの世界

Nucleic Acids ResearchのDatabase issueとWeb server issueが毎年伝えるように、バイオ分野ではデータベースと解析ツールがインターネット上に溢れています。当研究室はこうしたバイオ情報資源をフルに活用できる環境を整えようとしてきました。例えば、多様な情報資源を容易に組み合わせることができるようWeb API for Biology (WABI)を提唱して、実現してきました。また、生物多様性、微生物学、ゲノム解析、タンパク研究などを対象とする実用システムを構築・提供しています。

The world of WABI

The database issue and Web server issue of Nucleic Acids Research have informed us of the continual explosion of biological databases and analytical tools. We have proposed and implemented Web API for Biology (WABI) to fully utilize these diverse information resources. We have also developed and provided actual information systems in the genre of biodiversity study, microbiology, genomics and protein research. WABI will eventually reach Semantic API for Biology (SABI).



図一 バイオ分野の課題解決を支援する情報環境  
Figure - Problem Solving Environment (PSE) for Biology

Shumway M, Cochrane G, Sugawara H.  
Archiving next generation sequencing data.  
Nucleic Acids Res. 2010 Dec;38(Database issue):D870-1

Kwon Y, Shigemoto Y, Kuwana Y, Sugawara H.  
Web API for biology with a workflow navigation system.  
Nucleic Acids Res. 2009 Jan;37(Web Server issue):W118-1

NBRP ナショナルバイオリソースプロジェクト  
National BioResource Project (NBRP)

http://www.nbrp.jp/

事務局長 佐藤 清 (農学博士) Director SATO, Kiyoshi Dr. Agr.

ナショナルバイオリソースプロジェクト(NBRP)は、動物、植物、微生物、細胞および遺伝子材料等の生物遺伝資源(バイオリソース)を、国として戦略的に整備する国家プロジェクトです。今世紀に入り、国が科学技術創造立国となることを標榜した「新世紀重点研究創生プラン」の一環として、文部科学省のイニシアティブの下、2002年度から開始されました。

NBRPはライフサイエンス研究の知的基盤となるバイオリソースの収集・保存・提供の整備を行うとともに、バイオリソースの付加価値を高めるため、ゲノム配列やcDNA等の遺伝子情報の解析および保存技術等の開発も行っています。さらにバイオリソースに係わる情報を公開する情報センターの整備も行っています。

このような目的を達成するために、(1)中核的拠点整備プログラム、(2)ゲノム情報等整備プログラム、(3)基盤技術整備プログラム、(4)情報センター整備プログラムの4つのプログラムを設け、各プログラムが連携を図りつつ実施しています。

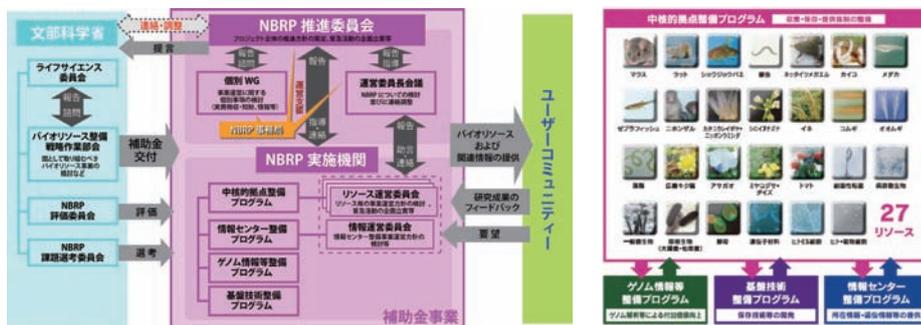
プロジェクトの運営は、推進委員会の指導の下に各実施機関がそれぞれのプログラムに沿って事業を実施しています。また、本事業の推進にあたっては、文部科学省やバイオリソースのユーザーにご指導ご支援をいただいております。

The National BioResource Project (NBRP) is a national project designed and strategically established to secure biological genetic resources (biorepositories) such as animals, plants, microorganisms, cells and genetic materials. NBRP started in 2002 as a project under "The Plan to Promote Priority Researches in The New Century" following the initiative of the Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology (MEXT).

The purpose and general outline of the NBRP is to promote the collection, preservation and provision of biorepositories that support the intellectual basis of life sciences research, and also includes developing analytical methods of genome information and preservation technology in order to add higher value to the resources. An information center to publish information related to biorepositories was also established.

To achieve the aforementioned purpose, NBRP set up four projects including: (1) a core facility upgrading program, (2) a genome information upgrading program, (3) a fundamental technology upgrading program and (4) an information center upgrading program, all of which are promoted through coordination with each other.

While the number of biorepositories was 20 at the beginning of the Project, thereafter new biorepositories were added to reach the current total of 27 biorepositories.



# 「遺伝機能システム学」プロジェクト

## Systems Biology of Genetic Function

参画研究機関：国立遺伝学研究所、統計数理研究所、国立情報学研究所、東京大学、東京工業大学、基礎生物学研究所、理化学研究所、慶応義塾大学、首都大学東京、京都大学、九州大学、大分県立看護科学大学

### 遺伝研で研究しているメンバー

- |               |                 |
|---------------|-----------------|
| ■ 博士研究員 清澤 秀孔 | ■ 博士研究員 岡(木曾)彩子 |
| ■ 博士研究員 辰本 将司 | ■ 博士研究員 梅森 十三   |
| ■ 博士研究員 小林 啓恵 | ■ 特任研究員 堀内 陽子   |
| ■ 博士研究員 商 維昊  | ■ 特任研究員 松崎 肖子   |
| ■ 博士研究員 武藤 彩  | ■ 特任研究員 塚本 ゆみ   |
| ■ 博士研究員 春島 嘉章 | ■ 特任研究員 望月 孝子   |

### Members at NIG

- |                               |  |
|-------------------------------|--|
| ■ Postdoc KIYOSAWA, Hidenori  | ■ Postdoc OKA-KISO, Ayako              |
| ■ Postdoc TATSUMOTO, Shoji    | ■ Postdoc UMEMORI, Jyuzo               |
| ■ Postdoc KOBAYASHI, Akie     | ■ Project Researcher HORIUCHI, Yoko    |
| ■ Postdoc SHAHNG, Wei-Hao     | ■ Project Researcher MATSUZAKI, Ayuko  |
| ■ Postdoc MUTO, Akira         | ■ Project Researcher TSUKAMOTO, Yumi   |
| ■ Postdoc HARUSHIMA, Yoshiaki | ■ Project Researcher MOCHIZUKI, Takako |

遺伝機能システム学は、多元的遺伝情報を遺伝学、情報学、統計学により統合的に解析し、複雑な生命・遺伝現象の原理やメカニズムをシステムとして理解することを目的としています。本プロジェクトでは、国立遺伝学研究所や参画機関が保有する自然および誘発変異を豊富に包含した遺伝資源を軸に、大量ゲノム配列多型情報、遺伝子発現多型情報、表現型多型や経時変化等の多次元・多様な遺伝因子の網羅的データを得ます。国立情報学研究所の情報処理技術、統計数理研究所の統計モデリング技術を駆使して、ゲノム機能と遺伝的ネットワークの抽出を行います。生物が持つ複雑な遺伝子(ゲノム)機能を、生物表現型や行動パターン、進化的変異などの高次連関システムとして読み解くことで、遺伝学、情報学、統計学を統合した生命現象の新たな解析の方法論の確立を目指します。

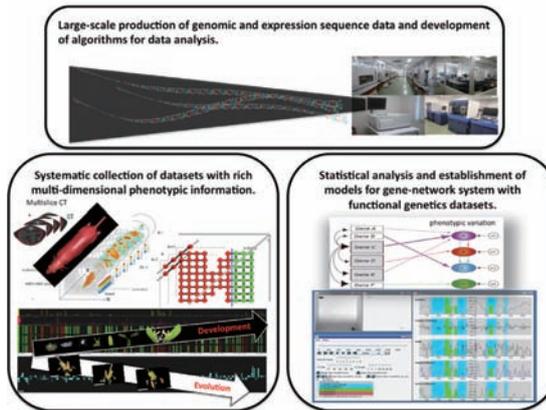


図1 多元的表現型と遺伝因子群のネットワーク解析システムの構築  
Figure 1 - Development of analytical systems for revealing functional genetics network.

Systems biology is a data-centric interdisciplinary study of genetics, informatics, and statistics focusing on complex interactions in biological phenomena. This project aims to describe multi-dimensional gene network systems that create biodiversity of organisms in gene expression, morphogenesis and behavioral pattern. Production of massive sequence, gene expression and phenotypic variation data of unique and rich genetic resources at the National Institute of Genetics (NIG), development of information technology at the National Institute of Informatics (NII), and of statistical modeling at the Institute of Statistical Mathematics (ISM) will be performed and be combined together to understand complex functional genetics network.

# 地球生命システム学プロジェクト

## Study of Environmental and Genetical Approach for Life on Earth (EAGLE)

<http://polaris.nipr.ac.jp/~EAGLE/index.html>

参加研究機関：国立極地研究所、国立遺伝学研究所、統計数理研究所、国立情報学研究所、北海道大学、筑波大学、千葉大学、東京工業大学、玉川大学、長浜バイオ大学、京都大学、京都府立大学、広島大学、海洋研究開発機構



柳原克彦 特任准教授  
YANAGIHARA, Katsuhiko  
Project Associate Professor  
馬場知哉 特任准教授  
TOMOYA, Baba  
Project Associate Professor

### 遺伝研で研究しているメンバー

- |               |               |
|---------------|---------------|
| ■ 特任准教授 柳原 克彦 | ■ 特任研究員 鹿兒島 浩 |
| ■ 特任准教授 馬場 知哉 |               |

### Members at NIG

- |  |   |
|--|---|
| ■ Project Assoc. Prof. YANAGIHARA, Katsuhiko | ■ Project Researcher KAGOSHIMA, Hiroshi |
| ■ Project Assoc. Prof. BABA, Tomoya          |   |

生物は地球環境との相互作用を通じて進化・多様化してきたと考えられます。このことを検証するためには、過去から現在までの地球環境の情報とその時代の生物の遺伝子情報を融合し、情報学的な解析を行うことが必要になります。本プロジェクトでは、国立極地研究所が採取した南極氷床コアや南極湖沼のコケポウスなど極域の様々な試料から、国立遺伝学研究所が中心となって過去及び現在の生物(微生物や線虫など)のゲノム情報を解析します。得られたゲノム情報を統計数理研究所の統計解析技術と国立情報学研究所のデータベース技術により解析し、さらにプロジェクト参加大学の専門知識と融合することにより、生物の変遷と寒冷地環境への適応機構の解明を目指します。

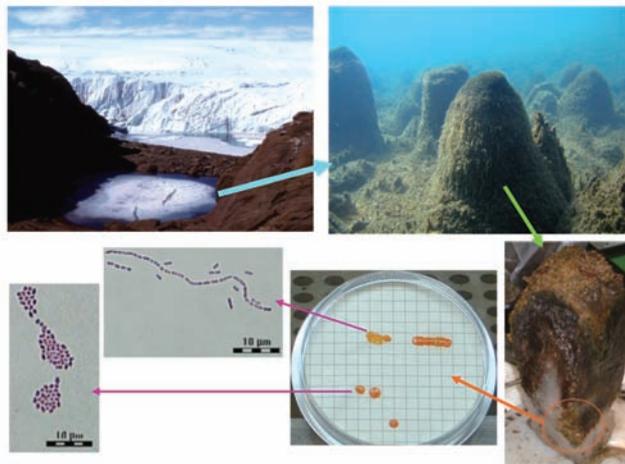


図1 南極の湖底で発見された「コケポウス」生態系から分離された細菌  
Figure 1 - Bacteria isolated from "Moss Pillar", ecosystem on bottom of an Antarctic pond

The interaction between life and the surrounding environments should have great impact on evolution and diversity of life. We are the members of the research project named "Environmental and Genetical Approach for Life on Earth (EAGLE)", in which the researches on geoscience, bioscience, and informatics are integrated for understanding the life system on earth. The EAGLE project is the collaboration with the NIG, NIPR, NII, ISM, and several universities. We are currently analyzing the organisms that were isolated from Antarctica in order to elucidate the mechanisms of adaptation to the cold environment

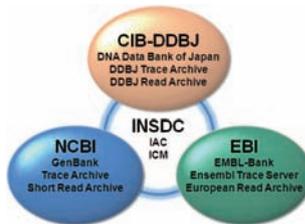
## 日本DNAデータバンクの活動

## Activity of the DNA Data Bank of Japan

DDBJは、欧州のEBI/EMBLおよび米国のNCBI/GenBankとの密接な連携のもと、「DDBJ/EMBL/GenBank国際塩基配列データベース」を構築している三大国際DNAデータバンクのひとつで、生命情報・DDBJ研究センターで運営されています。

生命科学のめざましい発展の基盤として、DNA塩基配列から得られる知識は欠かすことのできないものとなっています。我が国においてもDNA塩基配列データを収集・評価・提供するデータバンク活動で国際的に貢献すべく、1983年に試験的なデータ入力が始まりました。翌年国立遺伝学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、その中でDDBJの活動準備が進められました。データ公開などの本格的な活動は1986年から開始され現在にいたっています。現在は、主に以下のような活動を行っています。

1. 「国際塩基配列データベース」の共同構築と運営
2. 関連生命情報データベースの運営
3. DNAデータベースのオンライン利用の管理・運営
4. ソフトウェアの開発
5. 広報・教育
6. 国立遺伝学研究所のコンピュータシステム・ネットワークの管理・運用
7. 「ライフサイエンス統合データベース」プロジェクトへの参画



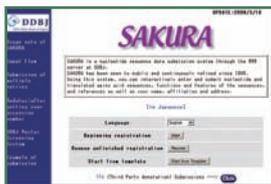
また、新たな取り組みとして、米国NCBIのSequence Read Archive (SRA)、欧州EBIのEuropean Read Archive (ERA)との国際協調体制のもと、我が国もDDBJ Read Archive (DRA; <http://trace.ddbj.nig.ac.jp/dra/>)を立ち上げ、新型シーケンサ由来の生データの保存と共有のためのシステム作りを行いました。また、新型シーケンサ由来データの定型的な処理に必要な計算資源や特殊なノウハウを提供し研究者を支援するために、既知配列へのリードのマッピングや de novo アセンブリ環境をDDBJ側で提供し、生データや解析結果の登録をサポート・推進するサービスを展開しています (<http://www.ddbj.nig.ac.jp/>)

DNA Data Bank of Japan (DDBJ) began DNA data bank activities in earnest in 1986 at the National Institute of Genetics (NIG) with the endorsement of the Ministry of Education, Science, Sport and Culture. From the beginning, DDBJ has been functioning as one of the International Nucleotide Sequence databases, which are composed of the EMBL-Bank in Europe and GenBank in the USA as the two other partners. DDBJ now located at the Center for Information Biology and DNA Data Bank of Japan (CIB-DDBJ) at NIG is the sole DNA data Bank in Japan, which is officially certified to collect DNA sequences from researchers and to issue the internationally recognized accession number to data submitters. Since we exchange the collected data with the EMBL Bank and GenBank on a daily basis, the three data banks share virtually the same data at any given time. As the massively parallel new sequencing platforms are increasingly in use huge amounts of the raw data have been produced. To archive these raw data, DDBJ began operating a new repository, the DDBJ Read Archive (DRA). To efficiently accommodate the processed data as well, we have developed a new pipeline, the DDBJ Read Annotation Pipeline that deals both with data submission and analysis. The public biological databases at CIB-DDBJ, EBI and NCBI will together construct world-wide archives for biological data by data sharing to accelerate research in life sciences in the era of next generation sequencing technologies.

### データ登録・更新・公開業務

受け付けたデータはデータバンク構築チーム(15名・うち博士7名)による査定を経たのちに、データベースに登録され、ユーザの設定した公開日に公開されます。

■ SAKURA  
- Nucleotide sequence submission  
<http://sakura.ddbj.nig.ac.jp/top-e.html>



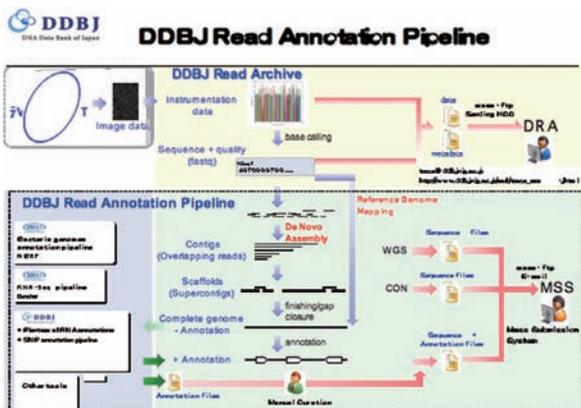
■ MSS (Mass Submission System)  
- Data for EST, WGS, MGA and genome sequences  
[http://www.ddbj.nig.ac.jp/sub/mss\\_flow-e.html](http://www.ddbj.nig.ac.jp/sub/mss_flow-e.html)

### Raw Read Data

■ Short Read Archive  
[http://trace.ddbj.nig.ac.jp/dra/index\\_e.shtml](http://trace.ddbj.nig.ac.jp/dra/index_e.shtml)  
■ Trace Archive  
<http://trace.ddbj.nig.ac.jp/dra/>

### 新しいとりくみ

#### 新型シーケンサ用データアーカイブと解析支援パイプラインの構築



### 国際塩基配列DBの共同構築と運営

DDBJは英国EMBLおよび米国GenBankと登録データを毎日交換しそれぞれで世界の塩基配列をひとつにまとめた国際塩基配列データベース(International Nucleotide Sequence Database; INSD)を構築しています。常に最新のエントリがDDBJから検索取得可能ですが、まとめて利用する利用者のために3ヶ月に1回のペースで全エントリを一度にダウンロード可能な形にしたリリースファイルを更新しています (<http://www.ddbj.nig.ac.jp/anofpt/relnote-j.html>)



DDBJに登録されている生物種 Top100のワードクラウド  
Images created by the Wordle.net web application are licensed under a Creative Commons Attribution 3.0 United States License.

### 国際協力

国際実務者会議・諮問委員会を毎年開催し、バンク間での仕様策定・新規サービスの共同運用の合意等の調整を行っています。

#### 2009/5/11-13 INSDC 22nd International Collaborators Meeting

●データ受け入れ基準の調整、Feature Tableの記載方法の追加修正など

#### 2009/5/14-15 INSDC Trace/Short Read Archive Meeting

●INSDCの枠組みによりデータバンク間で fastq, metadataのデータ交換を行う  
●DDBJの Short Read Archive用に DRA 番号を発行する

### 広報・渉外活動

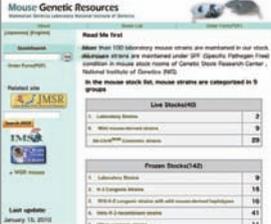
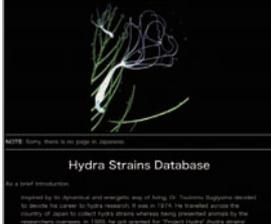
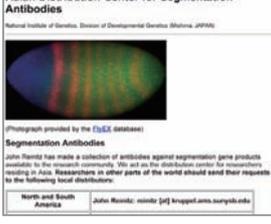
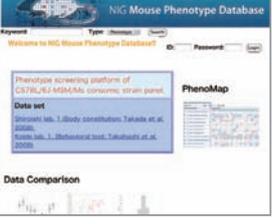
登録・データ利用ユーザのサポートを行うことを目的に、利用者向け講習会の開催、メールマガジンの発行、学会等でのポスターやブース設置による広報活動を継続的に行っています。

# 遺伝資源データベースとリソースの提供サービス

## Materials and Information Services of Genetic Resources

- 生物遺伝資源情報総合センターではライフサイエンスの実験研究に必要な不可欠な遺伝資源材料の情報を収集し利用者に提供しています。生物種毎に設置されている国内の生物資源バンクと連携し、これまでに多数の資源データベースを構築して公開しています。またナショナルバイオリソースプロジェクト(NBRP 第1期:2002-2006, 第2期:2007-2011)の情報センターとしても活動しています。
- 系統生物研究センターでは大腸菌、イネ、マウス、ショウジョウバエなどの生物種について様々な有用実験系統を開発し、維持・分譲サービスを行っています。国立遺伝学研究所ではこのほか、線虫、ヒドラ、ゼブラフィッシュの実験用リソースの開発と分譲サービスも行っています。ナショナルバイオリソースプロジェクトでは、大腸菌、イネ、ショウジョウバエ、ゼブラフィッシュが中核またはサブ機関として活動しています。

- The Center for Genetic Resource Information was established in 1998 aimed for collecting and providing BioResource information indispensable for life science study. We have constructed a variety of resource databases and opened them to the public in collaboration with resource centers in Japan. This center also has been playing an important role as a center of the National BioResource Project started in 2002.
- The Genetic Strains Research Center has taken responsibility for developing forefront bioresources, preservation, and distribution of established bioresources of various organisms including E. coli, Rice, Mouse, and Drosophila. Under the NIG, laboratories outside the GSRC are also engaging in bioresource programs such as C. elegans, Hydra and Zebrafish.

<p><b>1</b> 遺伝研のマウス系統</p> <p>NIG Mouse Genetic Resources <a href="http://www.shigen.nig.ac.jp/mouse/strain/">www.shigen.nig.ac.jp/mouse/strain/</a></p> 	<p><b>5</b> 遺伝研のヒドラ系統</p> <p>Hydra Genetic Resources <a href="http://www.nig.ac.jp/labs/OntoGen/overall.html">www.nig.ac.jp/labs/OntoGen/overall.html</a></p> 	<p><b>9</b> 遺伝研のゼブラフィッシュ遺伝子・エンハンサートラップ系統</p> <p>Zebrafish Gene trap &amp; enhancer trap DB <a href="http://kawakami.lab.nig.ac.jp/">kawakami.lab.nig.ac.jp/</a></p> 
<p><b>2</b> マウスマイクロサテライトデータベース</p> <p>Mouse Microsatellite DB <a href="http://www.shigen.nig.ac.jp/mouse/mmdbj/">http://www.shigen.nig.ac.jp/mouse/mmdbj/</a></p> 	<p><b>6</b> ナショナルバイオリソースプロジェクト情報公開サイト</p> <p>National BioResource Project HP <a href="http://www.nbrp.jp">www.nbrp.jp</a></p> 	<p><b>10</b> イネ総合データベース</p> <p>Integrated Rice Science Database <a href="http://www.shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabase">www.shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabase</a></p> 
<p><b>3</b> 日本のマウス系統</p> <p>Japan Mouse/Rat Strain Resources Database <a href="http://www.shigen.nig.ac.jp/mouse/jmsr/">www.shigen.nig.ac.jp/mouse/jmsr/</a></p> 	<p><b>7</b> 遺伝研のショウジョウバエ系統</p> <p>NIG Fly Stocks <a href="http://www.shigen.nig.ac.jp/fly/nigfly/">www.shigen.nig.ac.jp/fly/nigfly/</a></p> 	<p><b>11</b> 遺伝研の大腸菌リソース</p> <p>NBRP E.coli Strain <a href="http://www.shigen.nig.ac.jp/ecoli/strain/">www.shigen.nig.ac.jp/ecoli/strain/</a></p> 
<p><b>4</b> マウス系統間SNP情報</p> <p>NIG Mouse Genome Database <a href="http://molossinus.lab.nig.ac.jp/msmdb/">molossinus.lab.nig.ac.jp/msmdb/</a></p> 	<p><b>8</b> ショウジョウバエ・体節形成蛋白質抗体</p> <p>Asian Distribution Center for Segmentation Antibodies <a href="http://www.nig.ac.jp/labs/DevGen/segmentation/">www.nig.ac.jp/labs/DevGen/segmentation/</a></p> 	<p><b>12</b> 遺伝研のマウス形質データベース</p> <p>NIG Mouse Phenotype Database <a href="http://molossinus.lab.nig.ac.jp/phenotype/">molossinus.lab.nig.ac.jp/phenotype/</a></p> 



この博物館は、1999年に国立遺伝学研究所の創立50周年を記念して、遺伝学の研究の中身を、わかりやすく、楽しく知っていただけるようにと企画して作ったものです。今年、創立60周年を迎えるにあたって構成を一新するとともに、時代の流れに則した内容を新たに付け加えました。

新聞やニュースなどで、「遺伝子」、「DNA」、「ゲノム」といった言葉が毎日のように流れています。いまや、遺伝学の研究は専門家だけに任せておいてはいけない時代、沢山の方が理解して判断を迫られる時代となっているのです。この「遺伝学博物館」では、学生・学校の先生・ジャーナリストだけでなく、科学の研究に興味のある多くの方々に向けて、遺伝学についての正確な情報を提供しています。では、少しでも中身を紹介しましょう。



## メンデルから現代まで 遺伝学の歴史

昔から「子は親に似る」ということわざがあるように、親子、兄弟は何となく顔や姿が似ていることは疑う余地がありません。遺伝現象の研究が近代科学として成立したのは、オーストリアの修道院の牧師であったMendelが重要な遺伝の法則を発見したことから始まります。

## 生きものはどこから来たか 進化と遺伝

科学としての進化論は、C. ダーウィンが1859年に種の起源を発表したことから始まりました。ダーウィンは遺伝の原理を知りませんでしたので、自然淘汰の機構について充分説明できず大変悩んだようです。1968年、木村資生が提唱した中立説に始まり、分子レベルで進化を考えることが始まりました。

## DNAの視点から生命を考える 分子遺伝学

1953年、X線を使ってDNAの二重らせん構造が発見されました。そこには遺伝情報を正確に子孫に伝え、体のかたちを作り、生命活動を行う精巧な仕組みが秘められていました。近年活発なゲノムプロジェクトについてもご紹介します。

## いろんな生物のゲノム研究 生物種の遺伝学

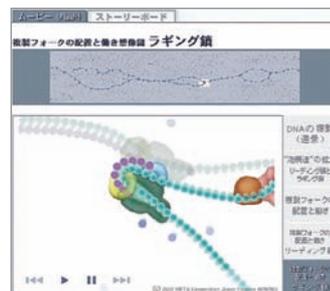
ゲノムプロジェクトにより、生命現象の基本プログラムの詳細な姿を明らかにするための基礎となる「情報」が日々蓄積されています。それらは、ゲノムの構造と密接に関連した生物情報知識ベースとしてコンピュータ化され、バイオサイエンス研究の基盤情報として広く使われているのです。

## ムービーで見る分子の世界 マルチメディア資料館 生物・ザ・ムービー

DNAが複製・転写・翻訳される様子が3Dのムービーになりました。RNAポリメラーゼの専門家と蛋白質の立体構造の専門家が製作に参加し、分子生物学の正確な知見を踏まえて作られています。

## 楽しく遺伝学を知ろう！ クイズ遺伝学 ゲノムアニメ劇場 電脳紙芝居

ゲノムって何？ オーダーメイド医療って？ 研究者はどんな考え方をしているの？ 素朴な疑問にクイズやアニメで楽しみながら学べます。狙った遺伝子を破壊できるノックアウト技術を使ったマウスの研究の紹介アニメが新たに追加されました。



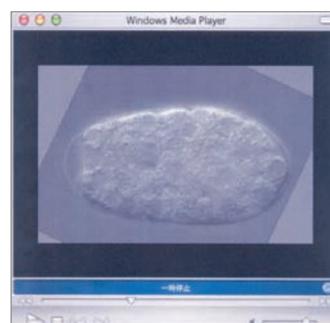
マルチメディア資料館:DNAの複製



生物種の遺伝学



ゲノムアニメ劇場



生物・ザ・ムービー

### インド IISER 研究所との国際提携開始

国立遺伝学研究所では、国際交流活動の一環として国際共同研究の支援や国際シンポジウムを実施しています。

今回、遺伝研とインドのIISER(Indian Institute of Science Education and Research)との共同プロジェクトとして、IISER Pune研究所の大学院生 Ranveer S. Jayani さんが、2009年3月から6月まで滞在し、「Role of post-translational modifications in function of the global regulator SATB1 (広範囲調節因子SATB1の転写後の機能修正の役割)」について研究を行いました。

以下のリンクから、本プロジェクトに参加された Ranveer さんの感想(英文)を読むことができます。

<http://www.nig.ac.jp/newstoppers/0806IISER.html>



### International Collaboration : Launching "NIG-IISER Collaboration"

To promote scientific interactions and exchanges world wide, NIG has been sponsoring collaboration projects and international symposia. This year, select institutions in India were invited to send their graduate students to NIG for a 3 month collaboration project. PhD student Ranveer S. Jayani from Dr. Sanjeev Galande's lab (IISER Pune worked in the Division of Human Genetics) from March to May, under the project title "Role of post-translational modifications in function of the global regulator SATB1".

<http://www.nig.ac.jp/newstoppers/0806IISER.html>

### 国際シンポジウム

2010年1月30日(土)に国際シンポジウムが開催されました。

#### ■シンポジウムタイトル

「夢見る遺伝学」そして生命(いのち)が好きになる

#### ■会場/学術総合センター、一橋記念講堂

#### ■主催/国立遺伝学研究所

#### ■講演者

○和田 昭允

理化学研究所ゲノム科学総合研究センター 初代センター所長

○バーバラ・ジャスニー

科学雑誌「Science」(米国科学振興会 AAAS 発行)編集者

○五條堀 孝

国立遺伝学研究所 副所長



### NIG International meeting was held on 30th January 2010 in Hitotsubashi, Tokyo.

#### ■ Meeting Title

National Institute of Genetics International Symposium

#### ■ Organizer

National Institute of Genetics

#### ■ Speakers

● WADA, Akiyoshi; The First Director of RIKEN GSC

● Barbara R. Jasny; Deputy Editor for the Commentary section of Science-AAAS

● GOJOBORI, Takashi; Vice-Director, NIG



### 外国人研究者の受け入れ Hosting foreign scientists

氏名/プロジェクト名・研究課題/所属 Name / Project, Subject title / Affiliation

博士研究員 <b>Marinela Perpelescu</b>	セントロメアに特異的なクロマチン構造の形成や維持におけるRSFの役割 Role of RSF complex in the establishment, maintenance and dynamics of centromeric chromatin	
<b>Kirill Kryukov</b>	大量ゲノムデータの高速整列システムの開発 Development of a rapid multiple sequence alignment system for large genomic data sets	
研究開発施設共用等促進費補助金 (ナショナルバイオソースプロジェクト) 陳 薇	原核生物遺伝資源（大腸菌・枯草菌）の整備と活用 Development and utilization of prokaryotic genetic resources(E.coli)	原核生物遺伝研究室 Microbial Genetics Laboratory
受託研究 <b>Jung Shan Hwang</b>	高機能簡易型有害性評価手法の開発 / 28日間反復投与試験結果と相関する遺伝子発現データセットの開発 Gene expression profiling to acquire data sets correlated with repeated dose 28-day oral toxicity studies in rodents	遺伝情報分析研究室 Laboratory for DNA Data Analysis
受託研究 <b>Hua Ngoc Phuc</b>	データ解析拠点の構築と情報研究開発 Establishment of the Data Analysis Center and Information Research & Development	遺伝情報分析研究室 Laboratory for DNA Data Analysis
受託研究 劉 慶信	データ解析拠点の構築と情報研究開発 Establishment of the Data Analysis Center and Information Research & Development	遺伝情報分析研究室 Laboratory for DNA Data Analysis
受託研究 <b>Jose Clemente</b>	データ解析拠点の構築と情報研究開発 Establishment of the Data Analysis Center and Information Research & Development	遺伝情報分析研究室 Laboratory for DNA Data Analysis
受託研究 權 娟大	バイオ基幹情報資源の高準化と共用化 Enhancement of quality and interoperability of biological information resources	データベース運用開発研究室 Laboratory for the Research and Development of Biological Databases

国立大学法人 総合研究大学院大学・生命科学研究科  
遺伝学専攻

*Department of Genetics,  
School of Life Science,*  
SOKENDAI

国立遺伝学研究所(遺伝研)は、総合研究大学院大学(SOKENDAI)・遺伝学専攻として、大学院生の教育を行っています。遺伝学を中核に多様な分野の研究が集積する優れた環境の中で、幅広い視野をもつ研究者を育成し、次世代の生命科学研究に貢献したいと考えています。

5年間で博士号取得を目指す5年一貫制博士課程と3年間の博士後期課程の2種類の課程があります。修士号取得者や大学卒業後2年間の研究歴のある人は博士後期課程に入学できます。

<http://www.nig.ac.jp/jimu/soken/index-j.html>

The National Institute of Genetecs (NIG) functions as the Department of Genetics of SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies) and offers graduate programs in Genetics. Those who have a bachelor's degree or equivalent are eligible to apply to our 5-year PhD program. Those with a Master's degree or two years of research experience after obtaining bachelor's degree can enroll in our 3-year PhD program. Highly qualified students are eligible to receive a stipend from the Japanese government.

Our graduate programs provide interdisciplinary education with frequent seminars, journal clubs, and workshops on scientific writing and presentation. NIG has about 35 research groups, each headed by a professor or an associate professor who leads innovative research programs in a highly interactive atmosphere. The quality of the research done at NIG is evident from the frequent citation of papers published from the Institute and the high funding rates for grant proposals from NIG. NIG houses enormous resources for basic research in life sciences, such as the well-established DNA database (DDBJ), an extensive collection of mutant strains of various model organisms, and state of the art research equipment.

United under the term "Genetics", the graduate students at NIG continue to expand the frontiers of life sciences, in molecular and cell biology, development, neurosciences, evolution, structural biology, and bioinformatics.

For more information please visit the web site of our graduate program:

<http://www.nig.ac.jp/jimu/soken/index-e.html>

## 遺伝研で学びませんか？

### SOKENDAI・遺伝学専攻の特色

#### 質の高い研究

遺伝研は国内外の研究者の共同利用を目的とした研究機関です。整備されたDNAデータベース、数多くの実験生物系統などの遺伝資源、最先端の共通機器等、生命科学の基礎研究を遂行するための環境が全て揃っています。ここでは、約35の研究グループがそれぞれのテーマに向かって自由に研究活動を展開し、得られた研究成果を世界へと発信しています。論文引用度や科学研究費の採択率がここ数年間にトップクラスであることも、当研究所で行われている研究が国際的にみても高水準であることを裏付けています。質の高い研究に支えられた研究主導型の教育は、SOKENDAI・遺伝学専攻で学ぶ大きな利点です。

#### 充実した教育

遺伝研では、教授も准教授もそれぞれ独立の研究室を組織して研究を行っています。各研究室の構成員は10人前後と小規模ですので、教員と頻繁な密度の濃い議論が可能です。博士課程の大学院生1人あたりの教員数は1.4人であり、大学院大学ならではの非常に恵まれた研究教育環境であるといえます。教員1人あたりの学生数、学生1人の教育にかける経費などを総合した「教育の偏差値」は、全国の国立大学のなかでトップに位置しています。

#### 総研大は教育の偏差値が国立大学で一番

大学院名	教育の偏差値*	順位
総合研究大学院大学	87.1	1
北海道大学	44.2	82
東北大学	44.6	77
東京大学	46.9	60
名古屋大学	45.8	66
京都大学	44.1	84
大阪大学	44.8	73
九州大学	44.7	74

\*教育の偏差値は教員1人あたりの学生数、学生1人あたりの教育経費、教育にかけられている経費が資金に占める割合から算出されています。  
文部科学省 科学技術政策研究所「国立大学法人の財務分析」(2008年1月)のデータを元に作成。

#### 多彩な授業と豊富なセミナー

遺伝学専攻は生命科学の様々な分野を基礎から最先端まで学べるよう、多彩な授業を提供しています。たとえば、次世代志向境界領域という科目では、複数年度にわたって生物学の融合領域の短講義・短演習を2つ受講することによって単位を得ることができます。分子発発生生物学や発生生物学では、e-learningによる基礎的知識の教授と議論が中心の授業を併設し、原著論文を批判的に読み、ディスカッションすることを通して「考える力」や「討論する力」を育てることを重視しています。また、英語による口頭発表や論文作成など成果発表のための実践的技術を身につけるための授業も行っています。

遺伝学専攻の基盤機関である遺伝研は、多岐分野にわたるセミナーを頻繁に開催しています。週1度の所内演者による内部交流セミナーに加えて、国内外の著名研究者を招いたBiological Symposiumが年間約50回以上

#### High quality research

##### SOKENDAI: No. 1 in Education

SOKENDAI is based on research institutions such as NIG that conducts top level research in various disciplines. For this reason it can devote its huge resources and personnel to research-based education. Indeed, in 2008 SOKENDAI was ranked "No. 1 in Education" among all national universities in Japan.

#### Small lab size

Unlike most other Japanese Universities that retain the "pyramid" lab structure, professors and associate professors organize independent research groups at NIG. Each group is small; a typical lab consists of fewer than ten people: a principal investigator (professor or associate professor), an assistant professor, postdocs (if any), one or two graduate students and technicians. Thus, the ratio of faculty to students is extremely high, an average of 1.4 faculty/student. This enables the graduate students to have frequent and in-depth discussions with faculty—something not possible at institutions with an undergraduate program, which must accept several students per faculty every year, not counting undergraduate students!

#### SOKENDAI is ranked "NO1 in Education" among all national universities in Japan.

name of graduate university	educational deviation score*	ranking
SOKENDAI	87.1	1
Hokkaido University	44.2	82
Tohoku University	44.6	77
Tokyo University	46.9	60
Nagoya University	45.8	66
Kyoto University	44.1	84
Osaka University	44.8	73
Kyushu University	44.7	74

#### Diverse courses and frequent seminars

The Department of Genetics offers diverse courses aimed at providing in depth as well as basic knowledge on various fields of life sciences. For example, in the course "Perspectives of Frontiers", students can obtain credit by taking two short lecture series that deal with fundamental principles at the boundary of biology and another field. Molecular and Cellular Biology and Developmental Biology are offered in two forms: e-learning in which you can learn basic concepts over the internet, and courses that center on critical reading and discussion of the primary literature. Courses on scientific presentation and scientific writing are also offered. A large number of seminars covering various fields of life sciences are held by NIG. About 70 "Biological Symposia" featuring eminent scientists from all over the world are held annually. In addition, members of NIG present their progress during the past year at weekly "NIG Colloquia." These seminars also include an active question

も開かれ、活発な論議が行われています。大学院生としてこれらのセミナーに参加すれば、遺伝学専攻の共通専門科目の単位になります。また、セミナー演者と大学院生との昼食会に参加すれば、あこがれの研究者と実際に会って個人的に話をすることができます。

### 複数教員による教育制度

遺伝学専攻は、「一人一人の大学院生を全教員で指導する」という理念のもとに大学院教育を行っています。もちろん各大学院生はそれぞれ一人の指導教員のもとでその研究グループに所属して研究を行います。それを補う形で、複数教員の指導によるユニークな「プログレスレポート制度」を実施しています。この制度は、「各々の学生が選んだ教員が小委員会を組織し、学生の相談にのったり助言をおこなう」というものです。5年一貫制博士課程1、3年次では、指導教員以外の教員1名との個人面談で研究計画の討論を行い、研究テーマの設定について助言を得ることができます(生命科学プログレスI、Ⅲ)。2、4年次には、それまでの研究内容のレポートを提出し、指導教員以外の4人の教員からなる小委員会に対して口頭で発表を行います(生命科学プログレスII、IV)。さらに5年次には、研究所全体での公開のセミナーを行い、聴衆や小委員会のメンバーと討論します(生命科学プログレスV)。研究成果がまとまって学位論文を提出すると、多くの場合、プログレスレポート小委員会のメンバーに所外の委員を加えて審査委員会が組織されます。指導教員は審査委員会メンバーにはなりません。

これらの制度が、研究が行き詰まったときの助けになるのはもちろんですが、様々な分野の研究者の意見を聞く機会をもつことで、研究者としての視野を広げるのに役立っています。また、英語論文を書くための準備やプレゼンテーションの訓練という意味でも経験を積むことができます。

### 研究者間の活発な交流

遺伝研・遺伝学専攻は、研究者間の交流や議論が活発な事で有名です。各研究室が小規模なこともあり、研究室間の合同セミナーや、共同研究が活発に行われています。大学院生も、他の研究室に出入りして自分に必要な知識や実験手技を学んだりするなど、自由で積極的な交流を行っており、大講座制にはない魅力となっています。研究所には、教員や大学院生以外にも、博士研究員、共同利用研究員、外国人招へい研究者等、様々な立場の研究者がいるので、いろいろなレベルでの交流が行われています。このような研究室間の垣根のない交流は、幅広い学際的視野をもつ研究者の育成のために、非常に良い環境であるといえるでしょう。

and answer session with animated discussions in which students can learn how to discuss and debate various scientific issues. Course credit can be obtained by attending these seminars. Graduate students are invited to lunch with seminar speakers, where students have a chance to personally talk with internationally renowned scientists. Most of the seminars, including those given by Japanese scientists, are given in English, and the graduate course lectures are also given in English. So, the knowledge of Japanese is not required for completing the graduate program and obtaining PhD degree.

### Team teaching

NIG has a policy that "all" faculty members should be involved in the education of each student. As in other institutions, most research activities of a student are done in a particular research group, headed by a thesis advisor. However, each student in the NIG graduate program elects four faculty members outside their own research group as members of their "Progress Report Committee." This committee meets with the student once per year (or more often if requested by the student) and gives advice on the student's thesis project. Every year students will have opportunities to present their work in poster sessions or at the NIG Colloquium, and have discussions with the committee, as well as the audience. By providing a friendly and stimulating environment to have in-depth discussions with researchers in other fields, this program helps students to broaden their views and to find breakthroughs when research is not going smoothly. It also gives opportunity to prepare for presenting seminars at conferences.



### Close network of research groups

NIG is famous for active interactions and discussions among the in-house researchers. Because each research group is small, many groups have joint lab meetings with other labs, and collaborations between groups are very common. Graduate students also actively and freely visit other research groups to acquire new techniques and knowledge, which is another merit of small groups. In addition to graduate students and faculty members, NIG supports various types of researchers, such as postdoctoral fellows, collaborative researchers and visiting scientists from abroad. Interacting and networking with researchers with diverse levels and backgrounds is an ideal way for students to develop broad and balanced views as mature scientists.

In addition to formal seminars and colloquia, NIG offers many opportunities for the researchers to get together and discuss various issues in a relaxed atmosphere, such as tea times, happy hours, and an end-of-the-year party.

## 遺伝研で学びませんか？

### 生命科学研究科合同セミナー

総研大の生命科学研究科は、遺伝研を基盤機関とする遺伝学専攻、岡崎の生理研、基生研を基盤機関とする生理学専攻、基礎生物学専攻から成り立っています。これら3専攻に葉山の生命共生体進化学専攻を加えた4専攻の合同セミナーが年1回開催されています。2009年度合同セミナーは、つま恋リゾートにおいて1泊2日の日程で4専攻間の学生および教員の活発な交流が行われました。



### Life science joint retreat

SOKENDAI houses the largest number of life science faculty in Japan. In addition to the Department of Genetics in Mishima, the Okazaki area has two departments --- the Department of Physiological Sciences and the Department of Basic Biology --- and a fourth department, the Department of Evolutionary Studies and Biosystems, is located in Hayama. These four departments hold a joint retreat every year for scientific interactions.

### 学生に対する様々な支援活動

大学院生としての生活は人生の中で決して「楽な」時期ではありません。一人前の研究者と同様に高いレベルの研究成果をあげることが期待されているにもかかわらず、「指導を受けている」学生という身分であるため、仕事をするために授業料を支払わなければなりません。アメリカでは、大学院生の授業料は学部や指導教官が申請するグラントによって負担され、また学生には給与(stipend)が支給されるのが普通ですが、現在の日本の制度では大学院が学生に経済的な援助を与えるシステムは極めて限られています。このような制約の下でも、遺伝学専攻は、学生が「一人前の研究者に育つ」と言う目標を達成するために出来る限りの支援をしようとしています。

### Various aids to students

NIG and the Department of Genetics conduct various activities to support graduate students and enrich its graduate program.



### 経済的支援

遺伝学専攻では、大学院生をリサーチアシスタントに採用し、給与を支給しています。額は5年一貫制1、2年次が年額55万円、3年次以上が年額60万円です。また、日本学生支援機構の奨学金の貸与を希望する者は、入学後選考のうえ、日本学生支援機構に推薦します。最近の実績は、博士後期課程入学の学生の場合、希望者全員が奨学金給付を認められています。入学金、授業料については、経済的理由により納付が困難で、かつ学業優秀な者等に対し、入学後選考のうえ、全額免除又は徴収猶予が認められる制度があります。

### Financial aid

Students accepted to the International Graduate Program at NIG will be nominated as candidates to receive the Scholarship from the Japanese government (MEXT fellowship). Third year students can also apply to a "Research Fellowship for Young Scientists" grant sponsored by JSPS. Other financial aids are also available.

NIG has laptop computers and bicycles that students can borrow for their own use.

### 科学発表の授業

研究者にとっては、単に研究能力だけでなくその成果を外に発表する能力も大切です。特に英語で表現・議論する能力は国際的に活躍するためには是非身につけたい能力です。博士号取得までに「英語で理解・表現・議論する力」を獲得できるよう、遺伝学専攻は外部講師による英語論文書き方講習会や独自カリキュラムによる科学プレゼンテーション授業など、様々な取り組みを行っています。詳細は以下のURLをご覧ください。

Scientific writing : <http://www.nig.ac.jp/jimu/soken/courses/sciwri/>  
Scientific presentation : <http://www.nig.ac.jp/jimu/soken/courses/EFS/>

### Courses on scientific writing and presentation

Scientists must not only make new discoveries, but also communicate new findings effectively to others. The ability to present and discuss science in English is thus an essential skill that must be learned within your graduate career. The Department of Genetics offers many courses and workshops on scientific writing and presentation, including a newly developed curriculum: English for Scientists. For details please take a look at the following URLs:

### 就職支援活動

遺伝学専攻では在学学生や修了生を対象に、「求人情報のメールマガジン」を作成しています。個々の教員に寄せられるポスドクなどの求人情報が素早く入手できる便利な制度です。

### Aid in finding a job

To help our graduates find jobs after obtaining their degrees, NIG collects recruitment information for positions such as postdocs and assistant professors and informs the graduate students and alumni using a web page and a mailing list.

### 海外での学会参加の助成

研究成果をあげ、英会話能力を身につけたら次は国際学会での発表です。遺伝学普及会が若手研究者に対する海外渡航費の助成を行っており、申請が認められれば旅費の援助が受けられます。

### Travel funds

Once you have obtained interesting results and polished your presentation skills, it's time to show them off at international meetings. Indeed, many NIG graduate students have been selected to present their work as oral presentations at prestigious international conferences. NIG students are eligible to apply to several travel funds to cover the costs of attending international conferences.

## 大学院進学を考えている方へ！ Prospective Students!

### 学部学生のための遺伝研体験プログラム

遺伝研では学部学生のための「体験入学プログラム」を実施しています。1-2週間、遺伝研の宿泊施設に泊まり込み、実験、セミナー参加、総研大生との交流会、最後には研究発表会など、たくさんのプログラムで遺伝研の研究生生活を体験することができます。旅費・宿泊費は遺伝研から支給されます。



### Undergraduate research internships at NIG

NIG offers a 10-week undergraduate research internship program for international students who wish to gain experience in scientific lab work. Each intern will join ongoing research projects in a world class research group, and will be provided with latitude as well as responsibility to conduct “real” research, i.e. something that no one in the world has done before. Interns also participate in various Departmental activities, such as lectures for our graduate students, journal clubs, and seminars by outstanding researchers in and out of NIG. Japanese lessons are also available. Stipend will be provided to cover traveling and living expenses. If you want to find out what it is like to do research, this is the best way to spend a summer.

## Department of Genetics, School of Life Science, SOKENDAI / Hosting scientists from other institutions

### 大学院進学を考えている人へ

遺伝学専攻の大学院教育は、「自立した研究者」の育成を目指しています。しかし、この目標は優れた研究環境や充実した指導体制だけで達成できるわけではありません。大学院生が各自、何を研究したいのか目的意識をきちんと持ち、自ら積極的に行動することが必要です。遺伝学専攻に興味を持たれた方は、まずは興味をもつ研究室の教員に直接連絡を取ってみてください。下の図は遺伝学専攻生とその発表論文の一例です。

### Graduate education at NIG

Educating future generations of scientists is central to the mission of NIG. Our undergraduate and graduate programs provide many opportunities for students to gain scientific knowledge and experimental techniques as well as professional skills. However, though less tangible, we also believe that developing the “spirit and attitude of research” is critical for young scientists. The accomplishments of our students are perhaps the most important testament to the success of our research and education programs. The figure left shows some examples of NIG graduate students and their first-authored work recently published in top scientific journals.

accomplishments of our students are perhaps the most important testament to the success of our research and education programs. The figure left shows some examples of NIG graduate students and their first-authored work recently published in top scientific journals.

**Publications by NIG Graduate Students**

**Bursts of retrotransposition reproduced in *Arabidopsis***  
 Sayuri Tsukahara, Akie Kobayashi, Akira Kawabe, Olivier Mathieu, Asuka Miura & Tetsuji Kakutani  
 NATURE Vol 461, 17 September 2009

**The RNA-binding protein NANOS2 is required to maintain murine spermatogonial stem cells**  
 Aiko Sada, Atsushi Suzuki, Hitomi Suzuki, Yumiko Saga  
 SCIENCE Vol 325, 11 September 2009

**Endogenous siRNAs from naturally formed dsRNAs regulate transcripts in mouse oocytes**  
 Toshiaki Watanabe, Yasushi Totoki, Atsushi Toyoda, Masahiro Kaneda, Satomi Kuramochi-Miyagawa, Yayoi Obata, Hatsune Chiba, Yuji Kohara, Tomohiro Kono, Toru Nakano, M. Azim Surani, Yoshiyuki Sakaki & Hiroyuki Sasaki  
 NATURE Vol 453, 22 May 2008



### SOKENDAI・遺伝学専攻DVD

遺伝学専攻では遺伝研の研究教育環境を広く知っていただくため、所内の様子、大学院生の活動、遺伝学専攻の教育方針や教員の研究内容について紹介したDVDを制作しました。配布(無料)を希望される方は、国立遺伝学研究所大学院担当(info-soken@lab.nig.ac.jp)までご連絡ください。

### Promotional Video of the NIG Graduate Program

We have produced a DVD video to introduce the activities at the Department of Genetics, SOKENDAI. The video includes an overview of the graduate program and research activities at the National Institute of Genetics. The DVD (in Japanese) can be obtained free of charge by contacting the general affairs section (info-soken@lab.nig.ac.jp).



## 他研究機関からの受け入れ Hosting scientists from other institutions

遺伝研は、他大学の大学院生の教育にも貢献しています。遺伝学またはこれに関連する学問分野を専攻している大学院生(修士・博士課程)であれば、「特別共同利用研究員」として遺伝研で研究することが可能です。授業料などの費用はかかりません。そのほか、企業に所属しながら遺伝研で研究する「受託研究員」制度や、大学卒業の資格で遺伝研で研究する「遺伝研研究生」の制度もあります。

詳細は<http://www.nig.ac.jp/welcome/howtowork-j.html>をご覧ください。

NIG accepts students who belong to other graduate programs (master's course or doctor's course) and provides research environment at the Institute. NIG also offers ample opportunity for post-graduate education and international exchanges. Institutionally-funded postdoc positions (NIG postdoctoral fellow) take applications in December. One can also work at NIG through externally-funded postdoc grants (MEXT and JSPS Programs) or grants to individual laboratory. In addition, NIG welcomes sabbatical stays of foreign faculty. Please contact your proposed mentor/host/hostess for details on the programs.

■ AILANI, Deepak	CHIBA, Hatsune	Cell-autonomous regulation of axon guidance receptors in space and time as a novel mechanism of organogenesis
■ 千葉初音	CHIBA, Hatsune	Mechanisms of DNA methylation in mouse germ cells
■ 遠藤 契	ENDO, Kei	Genetic studies of mouse organogenesis
■ 付 焔	FU, Yu	Control and evolution of transposons in Arabidopsis
■ 福田 溪	FUKUDA, Kei	Regulation of mammalian epigenetic mechanisms
■ 林 華子	HAYASHI, Hanako	The regulatory mechanism of nuclear size in <i>C. elegans</i> early embryo
■ 日原さえら	HIHARA, Saera	Structural analysis of chromosomes in living cells
■ 平野真美	HIRANO, Mami	Functional analysis of rice genes regulating reproductive process
■ 保坂 碧	HOSAKA, Aoi	Epigenetic control in Arabidopsis
■ 石井亜矢子	ISHII, Ayako	Analyses of genetic factors related to spontaneous activity in mice
■ 伊藤 佑	ITO, Tasuku	Plant epigenetics
■ 岩田亮平	IWATA, Ryohei	Roles of $\alpha$ -chimerin in development and function of the central nervous system
■ JINAM, Timothy Adrian	Anak Joseph	Population differentiation and genetic diversity in Southeast Asian populations
■ JOSHI, Rajshri		Localization patterns of guidance receptors in <i>Drosophila</i> axons: why and how
■ 香川尚子	KAGAWA, Naoko	Functional role of CENP-R in mice.
■ 神澤秀明	KANZAWA, Hideaki	Evolutionary Analysis of Ancient DNA
■ 片岡太郎	KATAOKA, Taro	Genetic dissection of energy metabolism based on the mouse genome diversity
■ 小濱千裕	KOHAMA, Chihiro	Functional analysis of mouse endogenous antisense-RNA
■ 米田典央	KOMEDA, Norio	Chromosome dynamics during meiotic prophase I in rice
■ 近藤賢一郎	KONDO, Ken-ichiro	Role of the replication protein, Sld7 in the cell cycle control
■ 金野宏之	KONNO, Hiroyuki	Studies on the mechanisms for maternal mRNA localization in <i>C. elegans</i> embryos
■ LAL, Pradeep		The genetic dissection of neural circuits regulating zebrafish behaviors
■ 牧野仁志穂	MAKINO, Nishiho	Molecular mechanism of the initiation in chromosomal DNA replication.
■ 松波雅俊	MATSUNAMI, Masatoshi	The phylogenetic analysis of vertebrate genomic region deriving from two round whole genome duplications
■ 松岡信弥	MATSUOKA, Shinya	How is establishment of germline-stem-cell regulated in <i>Drosophila</i> development?
■ 魏 銘言	NGAI, Ming Yin	Analysis of human evolution at DNA nucleotide sequence level
■ 三田さくら	MITA, Sakura	Physiological function of M6a protein in the nervous system
■ 新田洋久	NITTA, Hirohisa	Mechanisms of DNA methylation controlling developmental genes
■ 庭山律哉	NIWAYAMA, Ritsuya	Mechanical analysis of intra-cellular material transport using <i>C. elegans</i> embryo
■ 小野聖二郎	ONO, Seijirou	Analysis of genes required for the transition to meiosis in plants
■ 佐田亜衣子	SADA, Aiko	Function of Nanos2 in the maintenance of spermatogonial stem cells
■ 坂口あかね	SAKAGUCHI, Akane	Analyses of early heart morphogenesis
■ 酒田祐佳	SAKATA, Yuka	Regulation of mammalian epigenetic mechanisms
■ 芝野孝子	SHIBANO, Takako	Regulatory mechanisms of sexual differentiation of mouse germ cells
■ 鈴木亜友美	SUZUKI, Ayumi	Genetic studies of neuronal circuit development in the mouse
■ 鈴木留美子	SUZUKI, Rumiko	Analysis of restriction factors on synonymous sites
■ 田口温子	TAGUCHI, Atsuko	A study of roles of the replication terminus region for proper chromosomal segregation in <i>E. coli</i>
■ 高木恵次	TAKAGI, Keiji	Functional analyses of histone variant H2A.Z during early mammalian development
■ 高橋真保子	TAKAHASHI, Mahoko	Identification of non-coding regions conserved specifically in primates
■ 竹内康造	TAKEUCHI, Kozo	Biochemical studies on constitutive kinetochore components
■ 田邊 彰	TANABE, Akira	Molecular and genetic basis of behavior diversity in mice
■ 田中健太郎	TANAKA, Kentarou	Developmental robustness in embryonic anterior-posterior patterning in <i>Drosophila</i> and its genetic variability
■ 津田勝利	TSUDA, Katsutoshi	A study of KNOX gene function in rice shoot development
■ 塚原小百合	TSUKAHARA, Sayuri	Control of retrotransposons in Arabidopsis
■ 吴 泉	WU, Quan	The mechanism of sexual differentiation of germ cells
■ 山田ちひろ	YAMADA, Chihiro	Studies on centromere specific chromatin
■ 横溝康治	YOKOMIZO, Koji	Structural analysis of chromosomes
■ 吉野彬子	YOSHINO, Akiko	Development and function of neuronal circuits in the mouse

# 研究を促進するための活動と行事

## Activities for the Promotion of Research and Events

### 研究を促進するための活動 Activities for the Promotion of Research

#### 内部交流セミナー

研究所内における研究成果を発表し、討論する会で、毎週金曜日に開かれます。教員による発表の他、D5プログレスレポートとして博士課程5年生の研究紹介の場としても利用されています。

#### NIG Colloquia

Seminars are held every Friday by researchers at the Institute to discuss their progress during the past year. Presentations are made not only by the faculty, but also by fifth year graduate students as a part of their D5 Progress Report.

#### バイオリジカルシンポジウム

先端の研究を行っている国内外の研究者を研究所に招き、講演討論を行います。幅広い分野の優れた講演が年間約80回行われています。

#### Biological Symposia

The Biological Symposium is held throughout the year, featuring distinguished speakers in many areas of biological sciences, from universities and institutions worldwide.

### 行事 Events

#### 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、毎年4月上旬に各研究部門の展示や学術講演を行い、学術映画を上映するなど、研究所の一部を一般に公開しています。

#### Open House

As one of the events of the Science and Technology Week, the National Institute of Genetics (NIG) opens its grounds and facilities to the public. Visitors attend exhibits, special lectures and scientific movies, as well as enjoying cherry blossoms in the institute campus.

#### 公開講演会

年1回、東京地区を中心に本研究所教員を講師として、一般を対象に遺伝学公開講演会を開催しています。

#### Public Lecture

Once every autumn, NIG holds a public lecture in Tokyo, presented by its faculty.

#### 国立遺伝学研究所 60周年記念 2009年度の公開講演会

- 開催日/2009年10月17日(土)
- 会場/秋葉原コンベンションホール(東京都千代田区外神田)
- 講演タイトル  
「脳の設計図～神秘の器官ができるまで～」 平田たつみ  
「植物の生殖細胞～その誕生と成り立ち～」 野々村賢一  
「野生マウスから学ぶゲノム機能  
～染色体置換によるマウス多因子表現型の遺伝解剖～」 城石俊彦



嶋本 伸雄 教授の講演



2010年2月1日 Dr. Barbara R. Jasny 博士の講演  
February 1, 2010 Dr. Barbara R. Jasny



2009年4月4日 一般公開  
April 4, 2009 Open House



城石 俊彦 教授の講演

### 運営会議 Advisory Committee

研究所の運営に関する重要事項その他共同研究計画に関する事項で、所長が必要と認めるものについて、所長の諮問に応じる  
The Advisory Committee gives advice to the Director-General on administrative affairs including joint research programs.

大隅典子 OSUMI, Noriko	東北大学大学院医学系研究科教授 Professor, Graduate School of Medicine, Tohoku University	菅野純夫 SUGANO, Sumio	東京大学大学院新領域創成科学研究科教授 Professor, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo
岡田典弘 OKADA, Norihiro	東京工業大学大学院生命理工学研究科教授 Professor, Tokyo Institute of Technology school and Graduate school of Bioscience and Biotechnology	関口睦夫 SEKIGUCHI, Mutsuo	福岡歯科大学客員教授 Adjunct Professor, Fukuoka Dental College
小川智子 OGAWA, Tomoko	岩手看護短期大学副学長 Vice-Director, Iwate College of Nursing	館田英典 TACHIDA, Hidenori	九州大学大学院理学研究院教授 Professor, Faculty of Sciences, Kyusyu University
近藤 滋 KONDO, Shigeru	大阪大学大学院生命機能研究科教授 Professor, Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University	中村春木 NAKAMURA, Haruki	大阪大学蛋白質研究所教授 Professor, Institute for Protein Research, Osaka University
篠崎一雄 SHINOZAKI, Kazuo	独立行政法人理化学研究所植物科学研究センター長 Director, Plant Science Center, RIKEN	西田栄介 NISHIDA, Eisuke	京都大学大学院生命科学研究所教授 Professor, Graduate School of Biostudies, Kyoto University

(所外委員 五十音順)

山尾文明 YAMAO, Fumiaki	分子遺伝研究系教授 Professor, NIG	齋藤成也 SAITOU, Naruya	集団遺伝研究系教授 Professor, NIG	仁木宏典 NIKI, Hironori	系統生物研究センター教授 Professor, NIG
荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	細胞遺伝研究系教授 Professor, NIG	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji	総合遺伝研究系教授 Professor, NIG	五條堀 孝 GOJOBORI, Takashi	生命情報・DDBJ研究センター教授 Professor, NIG
広海 健 HIROMI, Yasushi	個体遺伝研究系教授 Professor, NIG	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	系統生物研究センター教授 Professor, NIG	大久保公策 OKUBO, Kousaku	生命情報・DDBJ研究センター教授 Professor, NIG
川上浩一 KAWAKAMI, Koichi	個体遺伝研究系教授 Professor, NIG	倉田のり KURATA, Nori	系統生物研究センター教授 Professor, NIG		(所内委員 編成順)

### アドバイザーボード Advisory Board

The board members give advice to the Director-General and/or the Advisory Committee regarding the principles and policies of the institute.

岩槻邦男 IWATSUKI, Kunio	兵庫県立人と自然の博物館長 Director-General, Museum of Nature and Human Activities, Hyogo	竹市雅俊 TAKEICHI, Masatoshi	独立行政法人理化学研究所発生・再生科学総合研究センター長 Director, Center for Developmental Biology, RIKEN
榊 佳之 SAKAKI, Yoshiyuki	豊橋技術科学大学長 President, Toyohashi University of Technology	Walter J. Gehring	Professor, Biozentrum, University of Basel
杉村 隆 SUGIMURA, Takashi	国立がんセンター名誉総長 President Emeritus, National Cancer Center	Tim Hunt	Principal Scientist, Cancer Research UK London Research Institute
		John Sulston	Chair, Institute for Science, Ethics and Innovation, The University of Manchester,
		Eric Wieschaus	Professor, Princeton University

### 総合企画室

### Office of Strategy Planning and Coordination

所長の指揮の下、研究企画、評価、産学連携・広報の企画・調整を行うとともに、機構本部総合企画室に対応する。

研究企画担当	五條堀 孝	新領域融合研究センター担当	仁木宏典
	倉田のり	評価担当	上田 龍
	城石俊彦	広報・知財担当	鈴木睦昭
	荒木弘之		

### 各種個別委員会

委員会名	委員長	委員会名	委員長
将来計画委員会	五條堀 孝	生物遺伝資源委員会	城石俊彦
予算委員会	倉田のり	マウス小委員会	城石俊彦
施設整備委員会	小林武彦	イネ小委員会	倉田のり
共通機器委員会	川上浩一	大腸菌小委員会	仁木宏典
電子計算機委員会	中村保一	ハラメント防止・対策委員会	倉田のり
図書委員会	深川竜郎	ヒゲム遺伝子解析研究所倫理審査委員会	大久保公策
セミナー委員会	小出 剛	安全衛生委員会	荒木弘之
DNAデータ研究利用委員会	藤山秋佐夫	利益相反委員会	所長
事業委員会	角谷徹仁	遺伝学博物館委員会	齋藤成也
広報委員会	仁木宏典	国際化推進委員会	明石 裕
知的財産委員会	前島一博	博士研究員選考委員会	深川竜郎
放射線安全委員会	荒木弘之		
遺伝子組換え実験安全委員会	山尾文明		
動物実験委員会	城石俊彦		
防火・防災管理委員会	管理部長		

### 運営会議共同利用委員会

委員長	五條堀 孝	生命情報・DDBJ研究センター教授
(所外委員)	岡田典弘	東京工業大学大学院生命理工学研究科教授
	館田英典	九州大学大学院理学研究院教授
(所内委員)	荒木弘之	細胞遺伝研究系教授
	倉田のり	系統生物研究センター教授
	小林武彦	細胞遺伝研究系教授

### DNAデータ研究利用委員会 所外委員

小笠原直毅 OGASAWARA, Naotake	奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科教授 Professor, Graduate School of Information Science, Nara Institute of Science and Technology	服部正平 HATTORI, Masahira	東京大学大学院新領域創成科学研究科教授 Professor, Graduate School of Frontier Sciences, University of Tokyo
金久 實 KANEHISA, Minoru	京都大学化学研究所教授 Professor, Institute for Chemical Research, Kyoto University	藤田信之 FUJITA, Nobuyuki	独立行政法人製品評価技術基盤機構バイオテクノロジー本部次長 Deputy General Manager, Department of Biotechnology, National Institute of Technology and Evaluation

菊地俊一  
KIKUCHI, Shunichi  
中村春木  
NAKAMURA, Haruki  
長村吉晃  
NAGAMURA, Yoshiaki

独立行政法人科学技術振興機構研究基盤情報部次長  
Deputy General Manager, Japan Science and Technology Agency  
大阪大学蛋白質研究所教授  
Professor, Institute for Protein Research, Osaka University  
独立行政法人農業生物資源研究基盤研究領域ゲノムリソースセンター長  
Director, National Institute of Agrobiological Sciences

水島 洋  
MIZUSHIMA, Hiroshi  
宮野 悟  
MIYANO, Satoru

東京医科歯科大学疾患生命科学研究所教授  
Professor, School of Biomedical Science, Tokyo Medical and Dental University  
東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター教授  
Professor, Human Genome Center, Institute of Medical Science, University of Tokyo

## 遺伝子組換え実験安全委員会 所外委員

青木久尚  
AOKI, Hisanao

日本大学名誉教授  
Emeritus Professor, Nihon University

大泉 光一  
OIZUMI, Koichi

青森中央学院大学経営法学部教授  
Professor, Department of Management and Law, Aomori Chuo Gakuin University

## 動物実験委員会 所外委員

塩尻信義  
SHIOJIRI, Nobuyoshi

静岡大学理学部教授  
Professor, Faculty of Science, Shizuoka University

## 生物遺伝資源委員会 所外委員

明石 良  
AKASHI, Ryo  
伊佐 正  
ISA, Tadashi  
稲葉一男  
INABA, Kazuo  
岩槻邦男  
IWATSUKI, Kunio  
漆原秀子  
URUSHIHARA, Hideko

宮崎大学フロンティア科学実験総合センター教授  
Professor, Frontier Science Research Center, Miyazaki University  
自然科学研究機構生理学研究所教授  
Professor, National Institute for Physiological Sciences  
筑波大学下田臨海実験センター長  
Director, Shimoda Marine Research Center, Tsukuba University  
兵庫県立人と自然の博物館館長  
Curator, Museum of Nature and Human Activities, Hyogo  
筑波大学大学院生命環境科学研究科教授  
Professor, Graduate School of Life and Environmental Sciences, Tsukuba University

芹川忠夫  
SERIKAWA, Tadao  
中辻憲夫  
NAKATSUJI, Norio  
中村太郎  
NAKAMURA, Taro  
中村幸夫  
NAKAMURA, Yukio  
成瀬 清  
NARUSE, Kiyoshi

京都大学大学院医学研究科附属動物実験施設長  
Director, Institute of Laboratory Animals, Graduate School of Medicine, Kyoto University  
京都大学物質・細胞統合システム拠点長  
Director General, Institute for Integrated Cell-Material Science, Kyoto University  
大阪市立大学大学院理学研究科准教授  
Associate Professor, Graduate School of Science, Osaka City University  
独立行政法人理化学研究所筑波研究所バイオリソースセンター室長  
General Manager, RIKEN BioResource Center  
自然科学研究機構基礎生物学研究所准教授  
Associate Professor, National Institute for Basic Biology, National Institutes of Natural Sciences

江面 浩  
EZURA, Hiroshi  
遠藤 隆  
ENDO, Takashi  
大熊盛也  
OKUMA, Moriya  
小笠原直毅  
OGASAWARA, Naotake

筑波大学大学院生命環境科学研究科教授  
Professor, Graduate School of Life and Environmental Sciences, Tsukuba University  
京都大学大学院農学研究科教授  
Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University  
独立行政法人理化学研究所筑波研究所バイオリソースセンター室長  
General Manager, RIKEN BioResource Center  
奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科教授  
Associate Professor, Graduate School of Information Science, Nara Institute of Science and Technology  
自然科学研究機構基礎生物学研究所長  
Director-General, National Institute for Basic Biology

西尾 剛  
NISHIO, Takeshi  
仁田坂英二  
NITASAKA, Eiji  
仁藤信昌  
NITO, Nobumasa  
伴野 豊  
BANNNO, Yutaka  
深海 薫  
FUKAMI, Kaoru

東北大学大学院農学研究科教授  
Professor, Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University  
九州大学大学院理学研究科助教  
Assistant Professor, Graduate School of Science, Kyushu University  
近畿大学生物理工学部教授  
Professor, Faculty of Biology-Oriented Science and Technology, Kinki University  
九州大学大学院農学研究科准教授  
Associate Professor, Graduate School of Agriculture, Kyushu University  
独立行政法人理化学研究所筑波研究所バイオリソースセンター室長  
General Manager, RIKEN BioResource Center

岡田清孝  
OKADA, Kiyotaka  
岡本 仁  
OKAMOTO, Hitoshi  
小幡裕一  
OBATA, Yuichi  
帯刀益夫  
OBINATA, Masuo  
笠井文絵  
KASAI, Fumie

独立行政法人理化学研究所脳科学総合研究センターグループディレクター  
Deputy Director & Senior Team Leader, RIKEN Brain Science Institute  
独立行政法人理化学研究所筑波研究所バイオリソースセンター長  
Director, RIKEN BioResource Center  
東北大学名誉教授  
Emeritus Professor, Tohoku University  
独立行政法人国立環境研究所生物環境研究領域室長  
General Manager, National Institute for Environmental Studies  
大阪大学大学院工学研究科准教授  
Associate Professor, Graduate School of Engineering, Osaka University

前川二太郎  
MAEKAWA, Nitaro  
増井 徹  
MASUI, Toru  
松居靖久  
MATSUI, Yasuhisa  
松本耕三  
MATSUMOTO, Kozo  
三谷昌平  
MITANI, Shohei

鳥取大学農学部附属菌類きのこ遺伝資源研究センター長  
Director, Fungus and Mushroom Resource and Research Center, Faculty of Agriculture, Tottori University  
独立行政法人医薬基盤研究所生物資源研究部室長  
General Manager, Division of Bioresearch, National Institute of Biomedical Innovation  
東北大学加齢医学研究所附属医用細胞資源センター教授  
Professor, Cell Resource Center for Biomedical Research, Institute of Development, Aging and Cancer, Tohoku University  
京都産業大学総合生命科学部教授  
Professor, Faculty of Life Sciences, Kyoto Sangyo University  
東京女子医科大学医学部主任教授  
Head Professor, School of Medicine, Tokyo Women's Medical University

金子嘉信  
KANEKO, Yoshinobu  
亀井克彦  
KAMEI, Katsuhiko  
河瀬眞琴  
KAWASE, Makoto  
草場 信  
KUSABA, Makoto  
小林正智  
KOBAYASHI, Masatomo

千葉大学真菌学医学研究センター教授  
Professor, Medical Mycology Research Center, Chiba University  
独立行政法人農業生物資源研究所基盤研究領域ジーンバンク長  
Head, National Institute of Agrobiological Sciences  
広島大学大学院理学研究科附属植物遺伝子保管実験施設長  
Director, Laboratory of Plant Chromosome and Gene Stock, Graduate School of Science, Hiroshima University  
独立行政法人理化学研究所筑波研究所バイオリソースセンター室長  
General Manager, RIKEN BioResource Center  
新潟大学理学部教授  
Professor, Faculty of Science, Niigata University  
岡山大学資源生物科学研究所附属大麦・野生植物資源研究センター教授  
Professor, Barley and Wild Plant Resource Center, Research Institute for Bioresearch, Okayama University

森 浩禎  
MORI, Hirotada  
森脇和郎  
MORIWAKI, Kazuo  
矢尾板芳郎  
YAOWITA, Yoshio  
山村研一  
YAMAMURA, Kenichi  
山本雅敏  
YAMAMOTO, Masatoshi

奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科教授  
Professor, Graduate School of Biological Science, Nara Institute of Science and Technology  
独立行政法人理化学研究所筑波研究所特別顧問  
Special Adviser, RIKEN Tsukuba Institute  
広島大学大学院理学研究科附属両生類研究施設長  
Professor, Laboratory for Amphibian Biology, Graduate School of Science, Hiroshima University  
熊本大学生命資源研究・支援センター教授  
Professor, Institute of Resource Development and Analysis Center for Animal Resources and Development, Kumamoto University  
京都工芸繊維大学ショウジョウバエ遺伝資源センター長  
Director, Drosophila Genetic Resource Center, Kyoto Institute of Technology  
独立行政法人理化学研究所筑波研究所バイオリソースセンター室長  
General Manager, RIKEN BioResource Center

酒泉 満  
SAKAIZUMI, Mitsuru  
佐藤和広  
SATO, Kazuhiro  
島本義也  
SHIMAMOTO, Yoshiya  
鈴木健一郎  
SUZUKI, Kenichiro

北海道大学名誉教授  
Emeritus Professor, Hokkaido University  
独立行政法人製品評価技術基盤機構バイオテクノロジー本部参事官  
Counsellor, Department of Biotechnology, National Institute of Technology and Evaluation

吉木 淳  
YOSHIKI, Atsushi  
松浦善治  
MATSUURA, Yoshiharu  
松沢哲郎  
MATSUZAWA, Tetsuro

大阪大学微生物病研究所教授  
Professor, Research Institute Microbial Diseases, Osaka University  
京都大学霊長類研究所長  
Director, Primate Research Institute, Kyoto University

吉村 崇  
YOSHIMURA, Takashi  
名古屋大学大学院生命農学研究科附属鳥類バイオサイエンス研究センター長  
Director, Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University

## マウス小委員会 所外委員

相澤慎一  
AIZAWA, Shinichi  
伊藤豊志雄  
ITO, Toshio  
小幡裕一  
OBATA, Yuichi  
甲斐知恵子  
KAI, Chieko  
木南 凌  
KOMINAMI, Ryo  
重本隆一  
SHIGEMOTO, Ryuichi  
芹川忠夫  
SERIKAWA, Tadao

独立行政法人理化学研究所発生・再生科学総合研究センター副センター長  
Associate Director, RIKEN Center for Developmental Biology  
財団法人実験動物中央研究所部長  
General Manager, Central Institute for Experimental Animals  
独立行政法人理化学研究所筑波研究所バイオリソースセンター長  
Director, RIKEN BioResource Center  
東京大学医科学研究所実験動物研究施設長  
Director, Laboratory Animal Research Center, Institute of Medical Science, University of Tokyo  
新潟大学大学院医歯学総合研究科教授  
Professor, Graduate School of Medical and Dental Sciences, Niigata University  
自然科学研究機構生理学研究所教授  
Professor, National Institute for Physiological Sciences  
京都大学大学院医学研究科附属動物実験施設長  
Director, Institute of Laboratory Animals, Graduate School of Medicine, Kyoto University

松田潤一郎  
MATSUDA, Junichiro  
松本耕三  
MATSUMOTO, Kozo  
森脇和郎  
MORIWAKI, Kazuo  
八神健一  
YAGAMI, Kenichi  
山村研一  
YAMAMURA, Kenichi  
吉木 淳  
YOSHIKI, Atsushi  
米川博通  
YONEKAWA, Hiromichi

独立行政法人医薬基盤研究所生物資源研究部研究リーダー  
Head, Bioresources Research, National Institute of Biomedical Innovation  
京都産業大学総合生命科学研究科教授  
Professor, Faculty of Life Sciences, Kyoto Sangyo University  
独立行政法人理化学研究所筑波研究所特別顧問  
Special Adviser, RIKEN Tsukuba Institute  
筑波大学大学院人間総合科学研究科教授  
Professor, Graduate School of Comprehensive Human Sciences, Tsukuba University  
熊本大学生命資源研究・支援センター教授  
Professor, Institute of Resource Development and Analysis Center for Animal Resources and Development, Kumamoto University  
独立行政法人理化学研究所筑波研究所バイオリソースセンター室長  
General Manager, RIKEN BioResource Center  
財団法人東京都医学研究機構東京都臨床医学総合研究所副所長  
Associate Director, Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science, Tokyo Metropolitan Organization for Medical Research

## イネ小委員会 所外委員

芦荊基行  
ASHIKARI, Motoyuki  
石川隆二  
ISHIKAWA, Ryuji  
奥野眞敏  
OKUNO, Kazutoshi  
奥本 裕  
OKUMOTO, Yutaka  
川崎 努  
KAWASAKI, Tsutomu  
北野英己  
KITANO, Hidemi  
佐藤 光  
SATO, Hikaru

名古屋大学生物機能開発利用研究センター教授  
Professor, Bioscience and Biotechnology Center, Nagoya University  
弘前大学農学生命科学研究科教授  
Professor, Faculty of Agriculture and Life Science, Hirosaki University  
筑波大学大学院生命環境科学研究科教授  
Professor, Graduate School of Life and Environmental Sciences, Tsukuba University  
京都大学大学院農学研究科准教授  
Associate Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University  
近畿大学農学部バイオサイエンス学科教授  
Professor, Faculty of Agriculture, Kinki University  
名古屋大学生物機能開発利用研究センター教授  
Professor, Bioscience and Biotechnology Center, Nagoya University  
九州大学大学院農学研究科附属遺伝子資源開発研究センター長  
Director, Institute of Genetic Resource, Faculty of Agriculture, Kyusyu University

島本 功  
SHIMAMOTO, Ko  
長戸康郎  
NAGATO, Yasuo  
長村吉晃  
NAGAMURA, Yoshiaki  
廣近洋彦  
HIROCHIKA, Hirohiko  
松岡 信  
MATSUOKA, Makoto  
吉村 淳  
YOSHIMURA, Atsushi  
横井修司  
YOKOI, Shuji

奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科教授  
Professor, Graduate School of Biological Science, Nara Institute of Science and Technology  
東京大学大学院農学生命科学研究科教授  
Professor, Graduate School of Agricultural and Life Sciences, Tokyo University  
独立行政法人農業生物資源研究所基盤研究領域ゲノムリソースセンター長  
Director, Genome Resource Center, Basic Research area, National Institute of Agrobiological Sciences  
独立行政法人農業生物資源研究所基盤研究領域長  
Director, Basic Research area, National Institute of Agrobiological Sciences  
名古屋大学生物機能開発利用研究センター教授  
Professor, Bioscience and Biotechnology Center, Nagoya University  
九州大学大学院農学研究科教授  
Professor, Graduate School of Agriculture, Kyushu University  
岩手大学農学部准教授  
Associate Professor, Faculty of Agriculture, Iwate University

## 大腸菌小委員会 所外委員

饗場弘二  
AIBA, Hiroji  
秋山芳展  
AKIYAMA, Yshinori  
磯野克己  
ISONO, Katsumi  
伊藤維昭  
ITO, Koreaki  
小笠原直毅  
OGASAWARA, Naotake  
片山 勉  
KATAYAMA, Tsutomu  
亀井克彦  
KAMEI, Katsuhiko  
川岸郁朗  
KAWAGISHI, Ikuro

鈴鹿医療科学大学薬学部教授  
Professor, Pharmaceutical Sciences, Suzuka University of Medical Science  
京都大学ウイルス研究所教授  
Professor, Institute for Virus Research, Kyoto University  
財団法人かずさDNA研究所常務理事  
Board of Director, Kazusa DNA Research Institute  
京都産業大学工学部教授  
Professor, Faculty of Engineering, Kyoto Sangyo University  
奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科教授  
Professor, Graduate School of Information Science, Nara Institute of Science and Technology  
九州大学大学院薬学研究院教授  
Professor, Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Kyushu University  
千葉大学真菌医学研究センター教授  
Professor, Medical Mycology Research Center, Chiba University  
法政大学生命科学研究科教授  
Professor, College of Bioscience and Applied Chemistry, Hosei University

河村富士夫  
KAWAMURA, Fujio  
関口順一  
SEKIGUCHI, Junichi  
戸邊 亨  
TOBE, Toru  
林 哲也  
HAYASHI, Tetsuya  
藤田泰太郎  
FUJITA, Yasutaro  
堀内 嵩  
HORIUCHI, Takashi  
三木健良  
MIKI, Takeyoshi  
吉田健一  
YOSHIDA, Kenichi

立教大学理学部教授  
Professor, Faculty of Science, Rikkyo University  
信州大学大学院総合工学系研究科教授  
Professor, Interdisciplinary Graduate School of Science and Technology, Shinshu University  
大阪大学大学院医学系研究科准教授  
Associate Professor, Graduate School of Medicine, Osaka University  
宮崎大学フロンティア科学実験総合センター長  
Director, Frontier Science Research Center, Miyazaki University  
福山大学生命工学部教授  
Professor, Faculty of Life Science and Biotechnology, Fukuyama University  
自然科学研究機構基礎生物学研究所教授  
Professor, National Institute for Basic Biology  
九州大学名誉教授  
Emeritus Professor, Kyushu University  
神戸大学大学院農学研究科准教授  
Associate Professor, Graduate School of Agricultural Science, Kobe University

## ヒトゲノム・遺伝子解析研究倫理審査委員会 所外委員

青木久尚  
AOKI, Hisanao  
小田 司  
ODA, Tsukasa  
黒澤健司  
KUROSAWA, Kenji

日本大学名誉教授  
Emeritus Professor, Nihon University  
日本大学法学部教授  
Professor, School of Law, Nihon University  
神奈川県立こども医療センター医長  
Medical Director, KANAGAWA Children's Medical Center

小林設郎  
KOBAYASHI, Setsuro  
野口基子  
NOGUCHI, Motoko  
渡邊妙子  
WATANABE, Taeko

静岡県立三島北高等学校教諭  
Teacher, Mishima Kita High School  
静岡大学特任教授  
Special Professor, Shizuoka University  
財団法人佐野美術館館長  
Curator, Sano Art Museum

所長	小原雄治	Director-General	KOHARA, Yuji
副所長	五條堀 孝	Vice-Director	GOJOBORI, Takashi
副所長	倉田のり	Vice-Director	KURATA, Nori

## 分子遺伝研究系 Department of Molecular Genetics

研究主幹	山尾文明	Head	YAMAO, Fumiaki
------	------	------	----------------

### 分子遺伝研究部門 Division of Molecular Genetics

教授	深川竜郎	Prof.	FUKAGAWA, Tatsuo
助教	堀 哲也	Assis. Prof.	HORI, Tetsuya
助教	西野達哉	Assis. Prof.	NISHINO, Tatsuya
特任研究員	鈴木應志	Project Researcher	SUZUKI, Aussie
博士研究員	ペルペレスク, マリネラ	Postdoc	PERPELESCU, Marinela
日本学術振興会特別研究員	尼川裕子	JSPS Research Fellow	AMAKAWA, Yuko
総研大 D5	香川尚子	D5 Student SOKENDAI	KAGAWA, Naoko
総研大 D4	竹内康造	D4 Student SOKENDAI	TAKEUCHI, Kozo
総研大 D3	山田ちひろ	D3 Student SOKENDAI	YAMADA, Chihiro

### 変異遺伝研究部門 Division of Mutagenesis

教授	山尾文明	Prof.	YAMAO, Fumiaki
特任研究員	黒川裕美子	Project Researcher	KUROKAWA, Yumiko

### 分子機構研究室 Molecular Mechanism Laboratory

助教	清野浩明	Assis. Prof.	SEINO, Hiroaki
----	------	--------------	----------------

### 核酸化学客員研究部門 Division of Nucleic Acid Chemistry

客員教授	夏目 徹	Adj. Prof.	NATSUME, Tohru
客員教授	岩井一宏	Adj. Prof.	IWAI, Kazuhiro

## 細胞遺伝研究系 Department of Cell Genetics

研究主幹	荒木弘之	Head	ARAKI, Hiroyuki
------	------	------	-----------------

### 細胞遺伝研究部門 Division of Cytogenetics

教授	小林武彦	Prof.	KOBAYASHI, Takehiko
助教	飯田哲史	Assis. Prof.	IIDA, Tetsushi
研究員	菊池尚美	Researcher	KIKUCHI, Naomi
研究員	宮崎隆明	Researcher	MIYAZAKI, Takaaki

### 微生物遺伝研究部門 Division of Microbial Genetics

教授	荒木弘之	Prof.	ARAKI, Hiroyuki
助教	田中誠司	Assis. Prof.	TANAKA, Seiji
助教	日詰光治	Assis. Prof.	HIZUME, Kohji
特任研究員	田中尚美	Project Researcher	TANAKA, Yoshimi
特任研究員	里 叡	Project Researcher	SATO, Erin
特任研究員	平井和之	Project Researcher	HIRAI, Kazuyuki
特任研究員	矢倉 勝	Project Researcher	YAGURA, Masaru
総研大 D5	近藤賢一郎	D5 Student SOKENDAI	KONDO, Ken-ichiro
総研大 D3	牧野仁志穂	D3 Student SOKENDAI	MAKINO, Nishiho

### 細胞質遺伝客員研究部門 Division of Cytoplasmic Genetics

客員教授	ブッカ, フレデリック	Adj. Prof.	BOCCARD, Frédéric
客員教授	上田泰己	Adj. Prof.	UEDA, Hiroki

## 個体遺伝研究系 Department of Developmental Genetics

研究主幹	川上浩一	Head	KAWAKAMI, Koichi
------	------	------	------------------

### 発生遺伝研究部門 Division of Developmental Genetics

教授	広海 健	Prof.	HIROMI, Yasushi
助教	清水 裕	Assis. Prof.	SHIMIZU, Hiroshi
助教	浅岡美穂	Assis. Prof.	ASAOKA, Miho
助教	林 貴史	Assis. Prof.	HAYASHI, Takashi
特任研究員	北爪-山本 美和子	Project Researcher	KITAZUME (YAMAMOTO), Miwako
総研大 D5	松岡信弥	D5 Student SOKENDAI	MATSUOKA, Shinya
総研大 D3	ジョシ, ラジュシュリ	D3 Student SOKENDAI	JOSHI, Rajshri
総研大 D2	アイラーニ, ディープック	D2 Student SOKENDAI	AILANI, Deepak

### 形質遺伝研究部門 Division of Neurogenetics

教授	岩里琢治	Prof.	IWASATO, Takuji
助教	水野秀信	Assis. Prof.	MIZUNO, Hidenobu
総研大 D3	岩田亮平	D3 Student SOKENDAI	IWATA, Ryohei
総研大 D2	鈴木亜友美	D2 Student SOKENDAI	SUZUKI, Ayumi
総研大 D1	吉野彬子	D1 Student SOKENDAI	YOSHINO, Akiko

### 初期発生研究部門 Division of Molecular and Developmental Biology

教授	川上浩一	Prof.	KAWAKAMI, Koichi
助教	浅川和秀	Assis. Prof.	ASAKAWA, Kazuhide
科学技術振興機構特別研究員	和田浩則	JST PRESTO Researcher	WADA, Hironori
特任研究員	阿部玄武	Project Researcher	ABE, Gembu
日本学術振興会特別研究員	福田隆一	JSPS Research Fellow	FUKUDA, Ryuichi
総研大 D2	ラル, プラディーブ	D2 Student SOKENDAI	LAL, Pradeep

### 生理遺伝客員研究部門 Division of Physiological Genetics

客員教授	スターン, デイヴィッド L.	Adj. Prof.	STERN, David L.
客員教授	キンブル, ジュディス E.	Adj. Prof.	KIMBLE, Judith E.

## 集団遺伝研究系 Department of Population Genetics

研究主幹	斎藤成也	Head	SAITO, Naruya
------	------	------	---------------

### 集団遺伝研究部門 Division of Population Genetics

教授	斎藤成也	Prof.	SAITO, Naruya
准教授	高野敏行	Assoc. Prof.	TAKANO, Toshiyuki
助教	隅山健太	Assis. Prof.	SUMIYAMA, Kenta
助教	高橋 文	Assis. Prof.	TAKAHASHI, Aya
特任研究員	クリュコフ, キリル	Project Researcher	KRYUKOV Kirill
博士研究員	佐藤行人	Postdoc	SATO, Yukuto
総研大 D5	鈴木留美子	D5 Student SOKENDAI	SUZUKI, Rumiko
総研大 D5	高橋真保子	D5 Student SOKENDAI	TAKAHASHI, Mahoko

総研大 D4	ジナン, ティモシ	D4 Student SOKENDAI	JINAM, Timothy
総研大 D4	松波雅俊	D4 Student SOKENDAI	MATSUNAMI, Masatoshi
総研大 D4	田中健太郎	D4 Student SOKENDAI	TANAKA, Kentarou
総研大 D2	神澤秀明	D2 Student SOKENDAI	KANZAWA, Hideaki

■進化遺伝研究部門 Division of Evolutionary Genetics

教授	明石 裕	Prof.	AKASHI, Hiroshi
助教	長田直樹	Assis. Prof.	OSADA, Naoki

■理論遺伝客員研究部門 Division of Theoretical Genetics

客員教授	ハートル, ダニエル	Adj. Prof.	HARTL, Daniel L.
客員教授	クラーク, アンドリュー G.	Adj. Prof.	CLARK, Andrew G.

総合遺伝研究系 Department of Integrated Genetics

研究主幹	角谷徹仁	Head	KAKUTANI, Tetsuji
------	------	------	-------------------

■育種遺伝研究部門 Division of Agricultural Genetics

教授	角谷徹仁	Prof.	KAKUTANI, Tetsuji
助教	佐瀬英俊	Assis. Prof.	SAZE, Hidetoshi
助教	樽谷芳明	Assis. Prof.	TARUTANI, Yoshiaki
日本学術振興会特別研究員	島田 篤	JSPS Research Fellow	SHIMADA, Atsushi
総研大 D3	塚原小百合	D3 Student SOKENDAI	TSUKAHARA, Sayuri
総研大 D3	付 煜	D3 Student SOKENDAI	FU, Yu
総研大 D1	保坂 碧	D1 Student SOKENDAI	HOSAKA, Aoi

■脳機能研究部門 Division of Brain Function

准教授	平田たつみ	Assoc. Prof.	HIRATA, Tatsumi
助教	川崎能彦	Assis. Prof.	KAWASAKI, Takahiko
博士研究員	毛利亮子	Postdoc	MOHRI, Akiko
博士研究員	鈴木郁夫	Postdoc	SUZUKI, Ikuo
総研大 D4	三田さくら	D4 Student SOKENDAI	MITA, Sakura

■応用遺伝客員研究部門 Division of Applied Genetics

客員教授	コロ-, ヴァンサン	Adj. Prof.	COLOT, Vincent
客員教授	辻 省次	Adj. Prof.	TSUJI, Shoji

系統生物研究センター Genetic Strains Research Center

センター長	城石俊彦	Head	SHIROISHI, Toshihiko
-------	------	------	----------------------

■哺乳動物遺伝研究室 Mammalian Genetics Laboratory

教授	城石俊彦	Prof.	SHIROISHI, Toshihiko
助教	田村 勝	Assis. Prof.	TAMURA, Masaru
助教	高田豊行	Assis. Prof.	TAKADA, Toyoyuki
特任研究員	嵯峨井知子	Project Researcher	SAGAI, Tomoko
特任研究員	天野孝紀	Project Researcher	AMANO, Takanori
博士研究員	築地長治	Postdoc	TSUKIJI, Nagaharu
研究員	田中成和	Researcher	TANAKA, Shigekazu
総研大 D5	片岡太郎	D5 Student SOKENDAI	KATAOKA, Taro

■発生工学研究室 Mammalian Development Laboratory

教授	相賀裕美子	Prof.	SAGA, Yumiko
助教	小久保博樹	Assis. Prof.	KOKUBO, Hiroki
助教	森本 充	Assis. Prof.	MORIMOTO, Mitsuru
特任研究員	佐波理恵	Project Researcher	SABA, Rie
特任研究員	加藤 譲	Project Researcher	KATO, Yuzuru
特任研究員	村岡正文	Project Researcher	MURAOKA, Masafumi
日本学術振興会特別研究員	長谷川和輝	JSPS Research Fellow	HASEGAWA, Kazuteru
総研大 D5	佐田亜衣子	D5 Student SOKENDAI	SADA, Aiko
総研大 D4	芝野孝子	D4 Student SOKENDAI	SHIBANO, Takako
総研大 D3	高木恵次	D3 Student SOKENDAI	TAKAGI, Keiji
総研大 D3	吴 泉	D3 Student SOKENDAI	WU, Quan
総研大 D1	坂口あかね	D1 Student SOKENDAI	SAKAGUCHI, Akane

■マウス開発研究室 Mouse Genomics Resource Laboratory

准教授	小出 剛	Assoc. Prof.	KOIDE, Tsuyoshi
助教	高橋阿貴	Assis. Prof.	TAKAHASHI, Aki
博士研究員	杉本大樹	Postdoc	SUGIMOTO, Hiroki
総研大 D4	石井亜矢子	D4 Student SOKENDAI	ISHII, Ayako
総研大 D2	田邊 彰	D2 Student SOKENDAI	TANABE, Akira

■小型魚類開発研究室 Model Fish Genomics Resource Laboratory

准教授	酒井則良	Assoc. Prof.	SAKAI, Noriyoshi
助教	新屋みのり	Assis. Prof.	SHINYA, Minori
博士研究員	酒井千春	Postdoc	SAKAI, Chiharu
研究員	河崎敏広	Researcher	KAWASAKI, Toshihiro
研究員	齊藤憲二	Researcher	SAITO, Kenji

■植物遺伝研究室 Plant Genetics Laboratory

教授	倉田のり	Prof.	KURATA, Nori
助教	久保貴彦	Assis. Prof.	KUBO, Takahiko
特任研究員	藤田雅丈	Project Researcher	FUJITA, Masahiro
特任研究員	新濱 充	Project Researcher	NIIHAMA, Mitsuru
特任研究員	永田俊文	Project Researcher	NAGATA, Toshifumi
特任研究員	シェントン, マシュー	Project Researcher	SHENTON, Matthew
特任研究員	水多陽子	Project Researcher	MIZUTA, Yoko
特任研究員	牧野智美	Project Researcher	MAKINO, Tomomi
博士研究員	太田垣駿吾	Postdoc	OTAGAKI, Shungo
総研大 D5	津田勝利	D5 Student SOKENDAI	TSUDA, Katsutoshi
総研大 D2	平野真美	D2 Student SOKENDAI	HIRANO, Mami

■原核生物遺伝研究室 Microbial Genetics Laboratory

教授	仁木宏典	Prof.	NIKI, Hironori
助教	古谷寛治	Assis. Prof.	FURUYA, Kanji
特任研究員	塩見大輔	Project Researcher	SHIOMI, Daisuke
特任研究員	青木敬太	Project Researcher	AOKI, Keita
特任研究員	野崎晋五	Project Researcher	NOZAKI, Shingo
特任研究員	陳 薇	Project Researcher	CHEN, Wei
総研大 D5	田口温子	D5 Student SOKENDAI	TAGUCHI, Atsuko

## ■無脊椎動物遺伝研究室 Invertebrate Genetics Laboratory

教授 上田 龍 Prof. UEDA, Ryu

## ■生物遺伝資源情報総合センター Center for Genetic Resource Information

研究主幹 城石俊彦 (兼) Head SHIROISHI, Toshihiko

## ■系統情報研究室 Genetics Informatics Laboratory

准教授 山崎由紀子 Assoc. Prof. YAMAZAKI, Yukiko

## ■生物遺伝資源情報研究室 Genome Biology Laboratory

教授 小原雄治 Prof. KOHARA, Yuji  
 助教 安達佳樹 Assis. Prof. ANDACHI, Yoshiki  
 特任研究員 住吉英輔 Project Researcher SUMIYOSHI, Eisuke  
 特任研究員 野口浩毅 Project Researcher NOGUCHI, Kouki  
 特任研究員 平木秀明 Project Researcher HIRAKI, Hideaki  
 特任研究員 植田ゆみ子 Project Researcher UETA, Yumiko  
 総研大 D4 金野宏之 D4 Student SOKENDAI KONNO, Hiroyuki

## ■比較ゲノム解析研究室 Comparative Genomics Laboratory

教授 藤山秋佐夫 Prof. FUJIYAMA, Asao  
 特任准教授 豊田 敦 Project Assoc. Prof. TOYODA, Atsushi  
 特任研究員 会津智幸 Project Researcher AIZU, Tomoyuki  
 特任研究員 石崎比奈子 Project Researcher ISHIZAKI, Hinako  
 特任研究員 江島史緒 Project Researcher EJIMA, Fumio  
 特任研究員 清岡美穂 Project Researcher KIYOOKA, Miho  
 特任研究員 吉田 悟 Project Researcher YOSHIDA, Satoru

## ■構造遺伝学センター Structural Biology Center

センター長 (兼) 小原雄治 Head KOHARA, Yuji

## ■生体高分子研究室 Laboratory for Biological Macromolecules

教授 前島一博 Prof. MAESHIMA, Kazuhiro  
 助教 平谷伊智朗 Assis. Prof. HIRATANI, Ichiro  
 博士研究員 花房 朋 Postdoc HANAFUSA, Tomo  
 日本学術振興会特別研究員 高田英昭 JSPS Research Fellow TAKATA, Hideaki  
 総研大 D3 日原さえら D3 Student SOKENDAI HIHARA, Saera  
 総研大 D1 横溝康治 D1 Student SOKENDAI YOKOMIZO, Kouji

## ■超分子構造研究室 Biomolecular Structure Laboratory

准教授 白木原康雄 Assoc. Prof. SHIRAKIHARA, Yasuo  
 助教 伊藤 啓 Assis. Prof. ITO, Hiroshi

## ■遺伝子回路研究室 Gene Network Laboratory

准教授 鈴木えみ子 Assoc. Prof. SUZUKI, Emiko  
 助教 来栖光彦 Assis. Prof. KURUSU, Mitsuhiro  
 博士研究員 矢野弘之 Postdoc YANO, Hiroyuki  
 研究員 小林百合 Researcher KOBAYASHI, Yuri

## ■生命情報・DDBJ研究センター Center for Information Biology and DNA Data Bank of Japan

センター長 大久保公策 Head OKUBO, Kousaku

## ■遺伝情報分析研究室 Laboratory for DNA Data Analysis

教授 五條堀 孝 Prof. GOJOBORI, Takashi  
 准教授 池尾一穂 Assoc. Prof. IKEO, Kazuho  
 助教 鈴木善幸 Assis. Prof. SUZUKI, Yoshiyuki  
 助教 福地佐斗志 Assis. Prof. FUKUCHI, Satoshi  
 特任研究員 ファ、ヌゴ フク Project Researcher HUA, Ngoc-Phuc  
 特任研究員 金城その子 Project Researcher KINJO, Sonoko  
 特任研究員 高久康春 Project Researcher TAKAKU, Yasuharu  
 特任研究員 中川 草 Project Researcher NAKAGAWA, So  
 特任研究員 早川志帆 Project Researcher HAYAKAWA, Shiho  
 特任研究員 クレメンテ、ホセ C. Project Researcher CLEMENTE, Jose C.  
 特任研究員 劉 慶信 Project Researcher LIU, Qing-Xin  
 博士研究員 上原重之 Postdoc UEHARA, Shigeyuki  
 日本学術振興会特別研究員 小林由紀 JSPS Research Fellow KOBAYASHI, Yuki

## ■データベース運用開発研究室 Laboratory for Research and Development of Biological Databases

教授 高木利久 Prof. TAKAGI, Toshihisa  
 特任准教授 竹内宗孝 Project Assoc. Prof. TAKEUCHI, Munetaka  
 特任研究員 宗像善久 Project Researcher MUNAKATA, Yoshihisa

## ■大量遺伝情報研究室 Laboratory of Genome Informatics

教授 中村保一 Prof. NAKAMURA, Yasukazu  
 助教 神沼英里 Assis. Prof. KAMINUMA, Eli

## ■遺伝子発現解析研究室 Laboratory for Gene-Expression Analysis

教授 大久保公策 Prof. OKUBO, Kousaku  
 助教 小笠原 理 Assis. Prof. OGASAWARA, Osamu

## ■生命情報・DDBJ研究センター Center for Information Biology and DNA Data Bank of Japan

特任研究員 青野英雄 Project Researcher AONO, Hideo  
 特任研究員 李 慶範 Project Researcher LEE, Kyungbun  
 特任研究員 大城戸利久 Project Researcher OKIDO, Toshihisa  
 特任研究員 小菅武英 Project Researcher KOSUGE, Takehide  
 特任研究員 児玉悠一 Project Researcher KODAMA, Yuichi  
 特任研究員 坂井勝呂 Project Researcher SAKAI, Katsunaga  
 特任研究員 筒井波留 Project Researcher TSUTSUI, Haru  
 特任研究員 福田亜沙美 Project Researcher FUKUDA, Asami  
 特任研究員 真島 淳 Project Researcher MASHIMA, Jun

**新分野創造センター** Center for Frontier Research

センター長(兼) 倉田のり Head KURATA, Nori

■細胞建築研究室 Cell Architecture Laboratory

准教授 木村 暁 Assoc. Prof. KIMURA, Akatsuki  
 特任研究員 木村健二 Project Researcher KIMURA, Kenji  
 特任研究員 荒井律子 Project Researcher ARAI, Ritsuko  
 博士研究員 菅原武志 Postdoc SUGAWARA, Takeshi  
 日本学術振興会特別研究員 原 裕貴 JSPS Research Fellow HARA, Yuki  
 総研大 D5 林 華子 D5 Student SOKENDAI HAYASHI, Hanako  
 総研大 D4 庭山律哉 D4 Student SOKENDAI NIWAYAMA, Ritsuya

**放射線・アイソトープセンター** Radioisotope Center

センター長(兼) 仁木宏典 Head NIKI, Hironori

**実験農場** Experimental Farm

農場長(兼) 野々村賢一 Head NONOMURA, Kenichi

准教授 野々村賢一 Assoc. Prof. NONOMURA, Kenichi  
 助教 宮崎さおり Assis. Prof. MIYAZAKI, Saori  
 特任研究員 山木辰一郎 Project Researcher YAMAKI, Shinichirou  
 博士研究員 小宮怜奈 Postdoc KOMIYA, Reina  
 総研大 D5 米田典央 D5 Student SOKENDAI KOMEDA, Norio  
 総研大 D3 小野聖二郎 D3 Student SOKENDAI ONO, Seijiro

**データベース運用開発プロジェクト** The Research and Development of Biological Databases Project

特任教授 菅原秀明 Project Prof. SUGAWARA, Hideaki  
 特任教授 岩柳隆夫 Project Prof. IWAYANAGI, Takao  
 特任研究員 本間桂一 Project Researcher HOMMA, Keiichi  
 特任研究員 水谷尚志 Project Researcher MIZUTANI, Hisashi  
 特任研究員 権 娟大 Project Researcher KWON, Yeon-Dae  
 特任研究員 猿橋 智 Project Researcher SARUHASHI, Satoshi

**新領域融合研究センター** Transdisciplinary Research Integration Center

■遺伝研で研究しているメンバー Members at NIG

特任准教授 柳原克彦 Project Assoc. Prof. YANAGIHARA, Katsuhiko  
 特任准教授 馬場知哉 Project Assoc. Prof. BABA, Tomoya  
 融合プロジェクト特任研究員 鹿兒島 浩 Project Researcher KAGOSHIMA, Hiroshi  
 融合プロジェクト特任研究員 清澤秀孔 Project Researcher KIYOSAWA, Hidenori  
 融合プロジェクト特任研究員 商 維昊 Project Researcher SHANG, Wei-Hao  
 融合プロジェクト特任研究員 武藤 彩 Project Researcher MUTO, Akira  
 融合プロジェクト特任研究員 小林啓恵 Project Researcher KOBAYASHI, Akie  
 融合プロジェクト特任研究員 佐々木伸雄 Project Researcher SASAKI, Nobuo  
 融合プロジェクト特任研究員 大久保祐亮 Project Researcher OKUBO, Yusuke  
 融合プロジェクト特任研究員 梅森十三 Project Researcher UMEMORI, Juzoh  
 融合プロジェクト特任研究員 春島嘉章 Project Researcher HARUSHIMA, Yoshiaki  
 融合プロジェクト特任研究員 堀内陽子 Project Researcher HORIUCHI, Yoko  
 融合プロジェクト特任研究員 辰本将司 Project Researcher TATSUMOTO, Shoji  
 融合プロジェクト特任研究員 塚本ゆみ Project Researcher TSUKAMOTO, Yumi  
 融合プロジェクト特任研究員 松崎肖子 Project Researcher MATSUZAKI, Ayuko  
 融合プロジェクト特任研究員 望月孝子 Project Researcher MOCHIZUKI, Takako  
 融合プロジェクト特任研究員 小山宏史 Project Researcher KOYAMA, Hiroshi

**知的財産室** Intellectual Property Unit

室長 鈴木睦昭 Director SUZUKI, Mutsuaki

# 管理部と技術課職員

## Staff of Administration Department and Technical Section

所長	Director - General	1	
教授	Professors	22	
准教授	Associate Professors	10	
助教	Assistant Professors	35	
客員教授	Adjunct Professors	10	
小計	Subtotal	67	(所長、客員教授を除く excluding Director - General and Adjunct Professors)
管理部	Administration Staffs	19	
技術課	Technicians	14	
合計	Total	100	(所長、客員教授を除く excluding Director - General and Adjunct Professors) (2010年4月1日現在)

### 管理部 Department of Administration

管理部長 General Manager 内山 亮 UCHIYAMA, Akira

#### 研究推進課 Research Promotion Section

課長 Manager 松永 茂 MATSUNAGA, Shigeru  
副課長 Deputy Manager 新田清隆 NITTA, Kiyotaka

#### ■ 研究推進チーム Research Promotion Team

係長 Subsection Chief 鈴木政敏 SUZUKI, Masatoshi

#### ■ 総務・教育チーム General Affairs / Education Team

係長(兼) Subsection Chief 新田清隆 NITTA, Kiyotaka

#### ■ 調達チーム Supplies Team

係長 Subsection Chief 植松昌志 UEMATSU, Masashi

#### ■ 施設チーム Facilities Team

係長 Subsection Chief 大平貴一 OHIRA, Kiichi

#### 経営企画課 Management Project Section

課長 Manager 加藤和人 KATO, Kazuhiro  
副課長 Deputy Manager 引地光夫 HIKICHI, Mitsuo

#### ■ 財務・監査チーム Financial Affairs / Inspection Team

係長(兼) Subsection Chief 引地光夫 HIKICHI, Mitsuo

#### ■ 人事・労務チーム Personnel Team

係長 Subsection Chief 渡邊 晃 WATANABE, Akira



### 技術課 Technical Section

課長(兼) Deputy Chief 倉田のり KURATA, Nori  
課長補佐 Assistant Chief 谷田勝教 YATA, Katsunori

#### 動物班 Animal Unit

班長 Unit Leader 境 雅子 SAKAI, Masako  
第一技術係長 Technical Group-I Leader 古海弘康 FURUUMI, Hiroyasu  
第二技術係長 Technical Group-II Leader 水品洋一 MIZUSHINA, Yoichi  
技術職員 Technical Staff 木曾 誠 KISO, Makoto  
技術職員 Technical Staff 前野哲輝 MAENO, Akiteru  
技術職員 Technical Staff 吉岡裕輝 YOSHIOKA, Hiroki

#### 植物・微生物班 Plant-Microbial Unit

班長 Unit Leader 原 登美雄 HARA, Tomio  
第一技術係長 Technical Group-I Leader 永口 貢 EIGUCHI, Mitsugu  
技術職員 Technical Staff 神尾明日香 KAMIO, Asuka  
第二技術係長 Technical Group-II Leader 宮林登志江 MIYABAYASHI, Toshie  
技術職員 Technical Staff 坂本佐知子 SAKAMOTO, Sachiko  
技術職員 Technical Staff 坂 季美子 SAKA, Kimiko

#### 機器班 Mechanical Unit

班長(兼) Unit Leader 谷田勝教 YATA, Katsunori  
技術職員 Technical Staff 大石あかね OISHI, Akane



昭和24年	6月1日	文部省所轄研究所として設置 庶務部及び3研究部で発足
	8月10日	小熊 捍 初代所長就任
昭和28年	1月1日	研究部を形質遺伝部, 細胞遺伝部, 生理遺伝部に改組
	8月1日	生化学遺伝部設置
昭和29年	7月1日	応用遺伝部設置
昭和30年	9月15日	変異遺伝部設置
	10月1日	木原 均 第2代所長就任
昭和35年	4月30日	人類遺伝部設置
昭和37年	4月1日	微生物遺伝部設置
昭和39年	4月1日	集団遺伝部設置
昭和44年	4月1日	森脇大五郎 第3代所長就任, 分子遺伝部設置
昭和49年	4月1日	植物保存研究室設置
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 存研究室設置
昭和51年	10月1日	遺伝実験生物保存研究施設微生物 保存研究室設置
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	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 物保存・無脊椎動物保存・植物保 存・微生物保存・遺伝資源の5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 設置
昭和60年	4月1日	遺伝情報研究センターに合成・遺 伝情報分析の2研究室を設置
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設 置, 遺伝情報研究センターにライ ブラリー研究室を設置
	10月1日	総合研究大学院大学生命科学研究 科遺伝学専攻設置
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に 発生工学研究室を設置
平成6年	6月24日	遺伝情報研究センターに遺伝子機 能研究室を設置
平成7年	4月1日	生命情報研究センター設置
平成8年	5月11日	構造遺伝学研究センター設置 (遺伝情報研究センターの改組) (生体高分子研究室設置, 超分子機 能・構造制御・遺伝子回路の4研 究室振替)
平成9年	4月1日	系統生物研究センター設置(遺伝

1949	June 1	Established under the jurisdiction of the Ministry of Education, Science, Sports and Culture. Started with an administrative de- partment and three research departments.
	Aug. 10	Prof. Kan Oguma was elected the 1st Di- rector.
1953	Jan. 1	Three research departments were reorga- nized as the Departments of Morphological Genetics, Cytological Genetics and Physi- ological Genetics.
	Aug. 1	Department of Biochemical Genetics was added.
1954	July 1	Department of Applied Genetics was added.
1955	Sept. 15	Department of Induced Mutation was added.
	Oct. 1	Prof. Hitoshi Kihara was elected the 2nd Director.
1960	Apr. 30	Department of Human Genetics was added.
1962	Apr. 1	Department of Microbial Genetics was added.
1964	Apr. 1	Department of Population Genetics was added.
1969	Apr. 1	Prof. Daigoro Moriwaki was elected the 3rd Director. Department of Molecular Biology was added.
1974	Apr. 1	Plant Genetic Stock Laboratory was estab- lished.
1975	Mar. 1	Dr. Yataro Tajima was elected the 4th Direc- tor.
	Oct. 1	Animal Section was added in the Genetic Stock Center.
1976	Oct. 1	Microbial Section was added in the Genetic Stock Center.
1983	Oct. 1	Dr. Ei Matsunaga was elected the 5th Di- rector.
1984	Apr. 12	Reorganized as an inter-university research institute for joint use by universities. The DNA Research Center (DNA Structure and Recombinant DNA Laboratories) and the Experimental Farm were established. The Genetic Stock Research Center was ex- panded into five laboratories: the Genetic Resources Laboratory was added and the Animal Section was divided into the Mam- malian and Invertebrate Laboratories.
1985	Apr. 1	The DNA Synthesis and DNA Data Analysis Laboratories were added in the DNA Re- search Center.
1987	Jan. 12	The DNA Data Bank of Japan began its operations.
1988	Apr. 8	The Radio-isotope Center was established. The Gene Library Laboratory was added in the DNA Research Center.
	Oct. 1	The Graduate University for Advanced Studies was established. The Department of Genetics, School of Life Science of the University began accepting students.
1989	Oct. 1	Dr. Jun-ichi Tomizawa was elected the 6th Director.
1993	Apr. 1	The Mammalian Development Laboratory was added in the Genetic Stock Research Center.

		実験生物保存研究センターの改組 (マウス系統研究分野 哺乳動物遺伝研究室・発生工学研究室、イネ系統研究分野植物遺伝研究室、大腸菌系統研究分野原核生物遺伝研究室、無脊椎動物系統研究分野無脊椎動物遺伝研究室の5研究室振替) 生物遺伝資源情報総合センター設置(系統情報研究室振替、生物遺伝資源情報研究室設置)				
	10月1日	堀田凱樹 第7代所長就任		1994	June 24	The Gene Function Research Laboratory was added in the DNA Research Center.
平成10年	4月9日	個体遺伝研究系に初期発生研究部門を設置、総合遺伝研究系に脳機能研究部門を設置		1995	Apr. 1	The Center for Information Biology was established.
平成13年	4月1日	生命情報・DDBJ研究センター設置(生命情報研究センターの改組)(分子分類研究室振替、データベース運用開発研究室設置、遺伝子発現解析研究室設置)		1996	May 11	The DNA Research Center was reorganized as the Structural Biology Center consisting of 5 laboratories (Biological Macromolecules, Molecular Biomechanism, Multicellular Organization, Biomolecular Structure and Gene Network).
平成14年	4月1日	系統生物研究センターに遺伝子改変系統開発研究分野マウス開発研究室、小型魚類開発研究室を設置		1997	Apr. 1	The Genetic Stock Research Center was reorganized as the Genetic Strains Research Center consisting of 5 laboratories (Mammalian Genetics, Mammalian Development, Plant Genetics, Microbial Genetics and Invertebrate Genetics), and as the Center for Genetic Resource Information consisting of 2 laboratories (Genetic Informatics and Genetic Resources).
平成15年	4月1日	分子遺伝研究系に分子機構研究室、系統生物研究センターに新分野創造研究室、生物遺伝資源情報総合センターに比較ゲノム解析研究室、広報知財権研究室を設置			Oct. 1	Dr. Yoshiki Hotta was elected the 7th Director.
平成16年	4月1日	大学共同利用機関法人情報・システム研究機構国立遺伝学研究所設置		1998	Apr. 9	The Division of Early Embryogenesis was added in the Department of Developmental Genetics. The Division of Brain Function was added in the Department of Integrated Genetics.
平成17年	12月1日	小原雄治 第8代所長就任		2001	Apr. 1	The Center for Information Biology was reorganized as the Center for Information Biology and DNA Data Bank of Japan. The new center consists of 5 laboratories. The Laboratory of Molecular Classification of the former center was renamed as the Laboratory for Research and Development of Biological Databases in the new center. The Laboratory for Gene-Expression Analysis was added in the new center.
	4月1日	知的財産室を設置		2002	Apr. 1	Two laboratories, Mouse Genomics Resource Laboratory and Model Fish Genomics Resource Laboratory, were added to the Genetic Strains Research Center.
平成18年	4月1日	管理部に研究推進室を設置		2003	Apr. 1	The Molecular Mechanisms was added to the molecular Genetics. The Laboratory for Frontier Research was added to the Genetic Strains Research Center. Two laboratories, Comparative Genomics Laboratory and Publicity and Intellectual Property Unit, were added to the Center for Genetic Resource Information.
平成20年	4月1日	新分野創造センター設置(細胞系譜研究室、神経形態研究室、細胞建築研究室設置)		2004	Apr. 1	Reorganized as Research Organization of Information and Systems, Inter-University Research Institute Corporation, together with three other national institutes.
	4月1日	管理部を総務課、会計課及び研究推進室から研究推進課及び経営企画課に再編			Dec. 1	Dr. Yuji Kohara was elected the 8th Director.
				2005	Apr. 1	Intellectual Property Unit was added. Research Promotion Section was added in the Department of Administration.
				2006	Apr. 1	The Center for Frontier Research was established. The Laboratory for Cell Lineage, Neural Morphogenesis and Cell Architecture was added in the new center.
				2008	Apr. 1	General Affairs Section, Finance Section, and Research Promotion Section were reorganized into Research Promotion Section and Management Project Section in the Department of Administration.

# 予算／科学研究費補助金

## Budget / Grant-in-Aid for Scientific Research

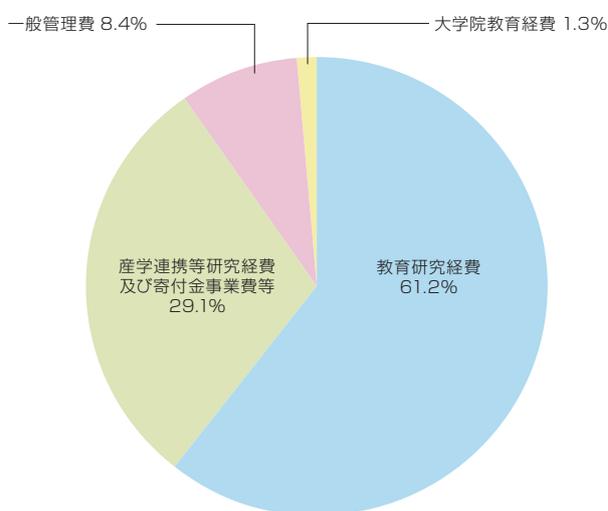
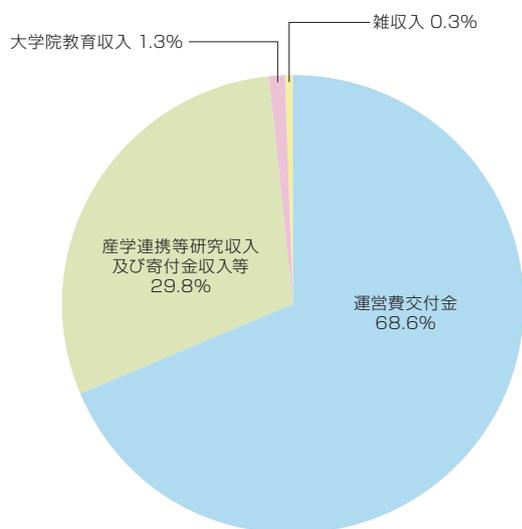
### 予算 Budget

平成22年度 (FY2010)

収入	Revenue
区分	金額
運営費交付金	2,980,473
雑収入	12,262
大学院教育収入	55,517
産学連携等研究収入及び寄付金収入等	1,291,177
合計	4,339,429

(×1,000yen)

支出	Expenditure
区分	金額
教育研究経費	2,629,869
一般管理費	362,866
大学院教育経費	55,517
産学連携等研究経費及び寄付金事業費等	1,291,177
合計	4,339,429

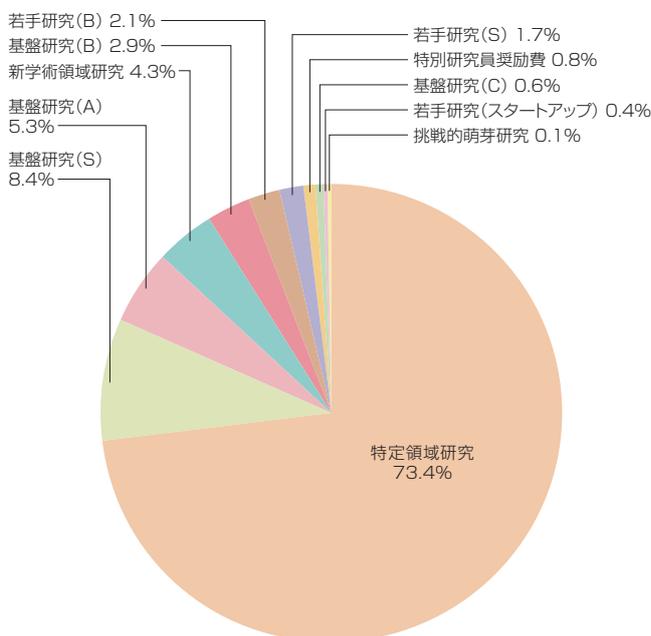


### 科学研究費補助金 Grant-in-Aid for Scientific Research

平成21年度 (FY2009)

研究種目	交付額 / 交付件数
特定領域研究	675,200 / 30
新学術領域研究	39,900 / 5
基盤研究 (S)	77,500 / 3
基盤研究 (A)	48,825 / 6
基盤研究 (B)	26,900 / 6
基盤研究 (C)	5,500 / 6
挑戦的萌芽研究	1,000 / 1
若手研究 (S)	15,500 / 1
若手研究 (B)	19,567 / 16
若手研究 (スタートアップ)	3,460 / 3
特別研究員奨励費	7,644 / 8
合計	920,997 / 85

(H21.3月末現在)



Journal Title	FY2009
Nature	1
Science	2
Nature Genetics	1
Current Biology	3
Nature Neuroscience	1
Neuron	1
Genes & Development	1
EMBO Journal	1
Proc Natl Acad Sci USA	4

Abdu, M., Ahmed, I., Brahmachari, S., Gojobori, T., Liu, E., Sugano, S., Suzuki, Y., Tokunaga, K., Zifall, B.A., and 85 authors. (2009). Mapping Human Genetic Diversity in Asia. *Science* 326, 1541 - 1545.

Abe, M., Setoguchi, Y., Tanaka, T., Awano, W., Takahashi, K., Ueda, R., Nakamura, A., and Goto, S. (2009). Membrane Protein Location-Dependent Regulation by PI3K (III) and Rabenosyn-5 in *Drosophila* Wing Cells. *PLoS ONE* 4

Appelbaum, L., Wang, G.X., Maro, G.S., Mori, R., Tovin, A., Marin, W., okogawa, T., Kawakami, K., Smith, S.J., Gothliff, Y., Mignot, E., and Mourrain, P. (2009). Sleep-wake regulation and hypocretin-melatonin interaction in zebrafish. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106, 21942 - 21947.

Asakawa, K., and Kawakami, K. (2009). The Tol2-mediated Gal4-UAS method for gene and enhancer trapping in zebrafish. *Methods* 49(3), 275 - 281.

Clemente, J.C., Ikeo, K., Valiente, G., Gojobori, T. (2009). Optimized ancestral state reconstruction using Sankoff parsimony. *BMC Bioinformatics* 10, 1 - 27.

Dang, Z., Yagi, K., Oku, Y., Kouguchi, H., Kajino, K., Watanabe, J., Matsumoto, J., Nakao, R., Wakaguri, H., Toyoda, A., and Sugimoto, C. (2009). Evaluation of *Echinococcus multilocularis* trispanins as vaccine candidates against primary alveolar echinococcosis. *Vaccine* 27, 7339 - 7345.

Esaki, M., Hoshijima, K., Nakamura, N., Munakata, K., Tanaka, M., Ookata, K., Asakawa, K., Kawakami, K., Wang, W., Weinberg, E.S., and Hirose, S. (2009). Mechanism of development of ionocytes rich in vacuolar-type H(+)-ATPase in the skin of zebrafish larvae. *Developmental Biology* 329, 116 - 123.

Fujikawa, K., Takahashi, A., Nishimura, A., Itoh, M., Takano-Shimizu, T. and Ozaki, M. (2009). Characteristics of genes up-regulated and down-regulated after 24 starvation in the head of *Drosophila*. *Gene* 446, 11 - 17.

Fujisawa, H., Horiuchi, Y., Harushima, Y., Takada, T., Eguchi, S., Mochizuki, T., Sakaguchi, T., Shiroishi, T., Kurata, N. (2009). SNEP: Simultaneous detection of nucleotide and expression polymorphisms using Affymetrix GeneChip. *BMC Bioinformatics* 10, 131.

Fujisawa, H., Horiuchi, Y., Harushima, Y., Takada, T., Eguchi, S., ochizuki, T., Sakaguchi, T., Shiroishi, T., and Kurata, N. (2009). SNEP: Simultaneous detection of nucleotide and expression polymorphisms using Affymetrix GeneChip. *BMC Bioinformatics* 10, 131.

Fukuchi, S., Homma, K., Minezaki, Y., Gojobori, T., and Nishikawa, K. (2009). Development of an accurate classification system of proteins into structured and unstructured regions that uncovers novel structural domains: its application to human transcription factors. *BMC Structural Biology* 9, 1 - 31.

Fukuchi, S., Homma, K., Sakamoto, S., Sugawara, H., Tateno, Y., Gojobori, T., and Nishikawa, K. (2009). The GTP database in 2009: updated content and novel features to expand and deepen insights into protein structures and functions. *Nucleic Acids Res* 37, 333 - 337.

Furukubo-Tokunaga, K., Adachi, Y., Kuru, M., and Walldorf, U. (2009). Brain patterning defects caused by mutations of the twin of eyeless gene in *Drosophila melanogaster*. *Fly(Austin)* 3, 263 - 269.

Furuya, K., and Niki, H. (2009). Isolation of heterothallic haploid and auxotrophic mutants of *Schizosaccharomyces japonicus*. *Yeast* 26, 221 - 233.

Goto, H., Watanabe, K., Araragi, N., Kageyama, R., Tanaka, K., Kuroki, Y., Toyoda, A., Hattori, M., Sakaki, Y., Fujiyama, A., Fukumaki, Y., and Shibata, H. (2009). The identification and functional implications of human-specific "fixed" amino acid substitutions in the glutamate receptor family. *BMC Evol Biol* 9, 224 - 224.

Hara, Y., and Kimura, A. (2009). Cell-size-dependent spindle elongation in the *Caenorhabditis elegans* early embryo. *Current Biology* 19, 1549 - 1554.

Hattori, E., Nakajima, M., Yamada, K., Iwayama, Y., Toyota, T., Saitou, N., and Yoshikawa, T. (2009). Variable number of tandem repeat polymorphisms of DRD4: re-evaluation of selection hypothesis and analysis of association with schizophrenia. *European Journal of Human Genetics* 17, 793 - 801.

Hong, W., Zhu, H., Potter, C., Barsh, G., Kuru, M., Zinn, K., and Luo, L. (2009). Leucine-rich repeat transmembrane proteins instruct discrete dendrite targeting in an olfactory map. *Nature Neuroscience* 12, 1542 - 1551.

Iida, K., Fukami-Kobayashi, K., Toyoda, A., Sakaki, Y., Kobayashi, M., Seki, M., and Shinozaki, K. (2009). Analysis of Multiple Occurrences of Alternative Splicing Events in *Arabidopsis thaliana* Using Novel Sequenced Full-Length cDNAs. *DNA Res.* 16, 155 - 164.

Jin, L., Kryukov, K., Suzuki, Y., Imanishi, T., Ikeo, K., and Gojobori, T. (2009). The evolutionary study of

small RNA-directed gene silencing pathways by investigating RNase III enzymes. *GENE* 435, 1 - 8.

Kajita, M., Hogan, C., Harris, A.R., Dupre-Crochet, S., Itasaki, N., Kawakami, K., Charras, G., Tada, M., Fujita, Y. (2010). Interaction with surrounding normal epithelial cells influences signalling pathways and behaviour of Src-transformed cells. *Journal of Cell Science* 123, 171 - 180.

Kaminuma, E., Mashima, J., Kodama, Y., Gojobori, T., Ogasawara, O., Okubo, K., Takagi, T., and Nakamura, Y. (2009). DDBJ launches a new archive database with analytical tools for next-generation sequence data. *Nucleic Acids Res* 38, 1 - 6.

Kanie, M., Yamamoto-Hino, M., Karino, Y., Nishihara, S., Ueda, R., Goto, S., and Kanie, O. (2009). Insight into the Regulation of Glycan Synthesis in *Drosophila* Chaoptin Based on Mass Spectrometry. *PLoS ONE* 4

Katsuki, T., Ailani, D., Hiramoto, M., and Hiromi, Y. (2009). Intra-axonal Patterning: Intrinsic Compartmentalization of the Axonal Membrane in *Drosophila* Neurons. *Neuron* 64, 188 - 199.

Kawahara, Y., Sakate, R., Matsuya, A., Murakami, K., Sato, Y., Zhang, H., Gojobori, T., Itoh, T., and Imanishi, T. (2009). G-compass: A Web-based comparative genome browser between human and other vertebrate species. *Bioinformatics*. 25, 3321 - 3322.

Kawakami, K. (2009). The transgenesis and gene and enhancer trap methods in zebrafish by using the Tol2 transposable element. *Essential zebrafish methods: genetics and genomics* , 153 - 173.

Kawashima, H., Hirakawa, J., Tobisawa, Y., Fukuda, M., and Saga, Y. (2009). Conditional gene targeting in mouse high endothelial venules. *J Immunol* 182, 5461 - 5468.

Kawaura, K., Mochida, K., Enju, A., Totoki, Y., Toyoda, A., Sakaki, Y., Kai, C., Kawai, J., Hayashizaki, Y., Seki, M., Shinozaki, K., and Ogihara, Y. (2009). Assessment of adaptive evolution between wheat and rice as deduced from the full-length cDNA sequence data and the expression patterns of common wheat. *BMC Genomics* 10, 271 - 271.

Kikuta, H., and Kawakami, K. (2009). Transient and stable transgenesis using Tol2 transposon vectors. *Methods in Molecular Biology* 546, 69 - 84.

Kim, D.J., Seok SH., Baek, MW., Lee, HY., Na, YR., Park, SH., Lee, HK., Dutta, NK., Kawakami, K., and Park, JH. (2009). Benomyl induction of brain aromatase and toxic effects in the zebrafish embryo. *Journal of Applied Toxicology* 29, 289 - 294.

Kim, D.J., Seok, SH., Baek, MW., Lee, HY., Na, YR., Park, SH., Lee, HK., Dutta, NK., Kawakami, K., and Park, JH. (2009). Developmental toxicity and brain aromatase induction by high genistein concentrations in zebrafish embryos. *Toxicology mechanisms and methods* 19(3), 251 - 256.

Kim, D.J., Seok, SH., Baek, MW., Lee, HY., Na, YR., Park, SH., Lee, HK., Dutta, NK., Kawakami, K., and Park, JH. (2009). Estrogen-responsive transient expression assay using a brain aromatase-based reporter gene in zebrafish (*Danio rerio*). *Comparative medicine* 59(5), 416 - 423.

Kiso, M., Tanaka, S., Saba, R., Matsuda, S., Shimizu, A., Ohyama, M., Okano, H.J., Shiroishi, T., Okano, H., and Saga, Y. (2009). The disruption of Sox21-mediated hair shaft cuticle differentiation causes cyclic alopecia in mice. *Circ Res* 106, 9292 - 9297.

Kitaguchi, T., Kawakami, K., and Kawahara, A. (2009). Transcriptional regulation of a myeloid-lineage specific gene lysozyme C during zebrafish myelopoiesis. *Mechanisms of Development* 126, 314 - 323.

Kitano, T., Noda, R., Takenaka, O., and Saitou, N. (2009). Relic of ancient recombinations in gibbon ABO blood group genes deciphered through phylogenetic network analysis. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 51, 465 - 471.

Koide, T., Catanesi, C.I., Nishi, A., Shiroishi, T., Kasai, S., Ikeda, K., and Takahashi, A. (2009). Systematic mapping of pain-related QTL using consomic mouse strains: Advantage of using wild-derived strains. *Brain Research Journal* 2,

Koide, T., Miyasaka, N., Morimoto, K., Asakawa, K., Urasaki, A., Kawakami, K., and Yoshihara, Y. (2009). Olfactory neural circuitry for attraction to amino acids revealed by transposon-mediated gene trap approach in zebrafish. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106, 9884 - 9889.

Komisarczuk, A.Z., Kawakami, K., and Becker, T.S. (2009). Cis-regulation and chromosomal rearrangement of the *fgf8* locus after the leost/tetrapod split. *Developmental Biology* 336(2), 301 - 312.

Komiyama, T., Kobayashi, H., Tateno, Y., Inoko, H., Gojobori, T., and Ikeo, K. (2009). An evolutionary origin and selection process of goldfish. *GENE* 430, 5 - 11.

Kotani, T., Iemura, S.I., Natsume, T., Kawakami, K., Yamashita, M. (2010). Mys Protein Regulates Protein Kinase A Activity by Interacting with Regulatory Type [alpha] Subunit during Vertebrate Development. *The Journal of Biological Chemistry* 285, 5106 - 5116.

Kubota, T., Miyake, K., Hirasawa, T., Nagai, K., and Koide, T. (2009). Novel etiological and therapeutic strategies for neurodegenerative diseases: Epigenetic understanding of gene-environment interactions. *J Pharmacological Sciences* in press

Liu, QX., Hiramoto, M., Ueda, H., Gojobori, T., Hiromi, Y., and Hirose, S. (2009). Midline governs axon pathfinding by coordinating expression of two major guidance systems. *Genes & Development* 23, 1165 - 1170.

Mang, HG., Laluk, KA., Parsons, EP., Kosma, DK., Cooper, BR., Park, HC., Abuqamar, S., Bocconcelli, C., Miyazaki, S., Consiglio, F., Chilosi, G., Bohnert, H.J., Bressan, RA., Mengiste, T., and Jenks, MA. (2009). The *Arabidopsis* RESURRECTION1 Gene Regulates a Novel Antagonistic Interaction in Plant Defense to Biotrophs and Necrotrophs. *Plant physiology* 151, 290 - 305.

Mano, S., Endo, T., Oka, A., Ozawa, A., Gojobori, T., and Inoko, H. (2009). Detecting linkage between a trait and a marker in a random mating population without pedigree record. *PLoS One* 4, 4956.

Mejia-Pous, C., Viñuelas, J., Faure, C., Koszela, J., Kawakami, K., Takahashi, Y., and Gandrillon, O. (2009). A combination of transposable elements and magnetic cell sorting provides a very efficient transgenesis system for chicken primary erythroid progenitors. *BMC biotechnology* 9, 81.

Mitsui, J., Mizuta, I., Toyoda, A., Ashida, R., Takahashi, Y., Goto, J., Fukuda, Y., Date, H., Iwata, A., Yamamoto, M., Hattori, N., Murata, M., Toda, T., and Tsuji, S. (2009). Mutations for Gaucher disease confer high susceptibility to Parkinson disease. *Arch Neurol* 66, 571 - 576.

Miura, A., Nakamura, M., Inagaki, S., Kobayashi, A., Saze, H., and Kakutani, T. (2009). An *Arabidopsis* jmjC-domain protein protects transcribed genes from DNA methylation at CHG sites. *EMBO Journal*.

- Miyazaki, S., Murata, T., Sakurai-Ozato, N., Kubo, M., Demura, T., Fukuda, H., and Hasebe, M. (2009). ANXUR1 and 2, sister genes to FERONIA/SIRENE are male factors for coordinated fertilization. *Current Biology* 11 19, 1327 - 1331.
- Nishijima, H., Adachi, N., Takami, Y., Nakayama, T., and Shibahara, K-i. (2009). Improved applications of the tetracycline-regulated gene depletion. *BioScience Trends* 3, 161 - 167.
- Ono, T., Nishijima, H., Adachi, N., Iizumi, S., Koyama, H., and Shibahara, K-i. (2009). Generation of tetracycline-inducible conditional gene knockout cells in a human Nalm-6 cell line. *J. of Biotechnology* 141, 1 - 7.
- Picker, A., Cavodeassi, F., Machate, A., Bernauer, S., Hans, S., Abe, G., Kawakami, K., Wilson, SW., and Brand, M. (2009). Dynamic coupling of pattern formation and morphogenesis in the developing vertebrate retina. *PLoS biology* 7(10), 1000214.
- Sada, A., Suzuki, A., Suzuki, H., and Saga, Y. (2009). The RNA-binding protein NANOS2 is required to maintain murine spermatogonial stem cells. *Science* 325, 1394 - 1398.
- Sato, K., Shin-i, M., Shinozaki, K., Yoshida, H., Takeda, K., Yamazaki, Y., Conte, M., and Kohara, Y. (2009). Development of 5006 Full-Length cDNAs in Barley: A Tool for Accessing Cereal Genomics Resources. *DNA Res.* 16, 81 - 89.
- Schoft, V., Chumak, N., Mosiolek, M., Slusarz, L., Komnenovic, V., Brownfield, L., Twell, D., Kakutani, T., and Tamaru, H. (2009). Induction of RNA-directed DNA methylation upon decondensation of constitutive heterochromatin. *EMBO Reports* 10, 15 - 21.
- Sharma, A., Takata, H., Shibahara, K-i, Bubulya, A., and Bubulya, PA. (2010). Son is essential for nuclear speckle organization and cell cycle progression. *Mol. Biol. Cell* 21, 650 - 663.
- Shimada, M.K., Hayakawa, S., Fujita, S., Sugiyama, Y., and Saitou, N. (2009). Skewed Matrilineal Genetic Composition in a Small Wild Chimpanzee Community. *Folia Primatologica* 80, 19 - 32.
- Shimada, MK., Matsumoto, R., Hayakawa, Y., Sanbonmatsu, R., Gough, C., Yamaguchi-Kabata, Y., Yamasaki, C., Imanishi, T., and Gojobori, T. (2009). VarySysDB: a human genetic polymorphism database based on all H-InvDB transcripts. *Nucleic Acids Res.* 37, 810 - 815.
- Shimizu, H., and Namikawa, H. (2009). The body plan of the cnidarian medusa: distinct differences in positional origins of polyp tentacles and medusa tentacles. *Evolution and Development* 11, 619 - 621.
- Shiomi, D., Mori, H., and Niki, H. (2009). Genetic mechanism regulating bacterial cell shape and metabolism. *Communicative & Integrative Biology* 2, 219 - 220.
- Singer, P., Yee, B.K., Feldon, J., Iwasato, T., Itoharu, S., Grampp, T., Prenosil, G., Benke, D., Mohler, H., Boison, D. (2009). Altered mnemonic functions and resistance to NMETHYL-d-Aspartate receptor antagonism by forebrain conditional knockout of glycine transporter 1. *Neuroscience* 161, 635 - 654.
- Singer, P., Yee, BK., Feldon, J., Iwasato, T., Itoharu, S., Grampp, T., Prenosil, G., Benke, D., Mohler, H., and Boison, D. (2009). Altered mnemonic functions and resistance to NMETHYL-d-Aspartate receptor antagonism by forebrain conditional knockout of glycine transporter 1. *Neuroscience* 161, 635 - 654.
- Sugawara, H., Ikeo, K., Fukuchi, S., Gojobori, T., and Tateno, Y. (2009). DDBJ dealing with mass data produced by the second generation sequencer. *Nucleic Acids Res.* 37, 16 - 18.
- Sugiyama, M., Sakaue-Sawano, A., Iimura, T., Fukami, K., Kitaguchi, T., akami, K., Okamoto, H., Higashijima, S.-I., and Miyawaki, A. (2009). Illuminating cell-cycle progression in the developing zebrafish embryo. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106, 20812 - 20817.
- Sumiyama, K., Kawakami, K., Yagita K. (2010). A simple and highly efficient transgenesis method in mice with the Tol2 transposon system and cytoplasmic microinjection. *Genomics Epub*,
- Suster, M.L., Kikuta, H., Urasaki, A., Asakawa, K., and Kawakami, K. (2009). Transgenesis in zebrafish with the Tol2 transposon system. *Methods in Molecular Biology* 561, 41 - 63.
- Suster, M.L., Sumiyama, K., and Kawakami, K. (2009). Transposon-mediated BAC transgenesis in zebrafish and mice. *BMC Genomics* 10, 477.
- Suster, M.L., Sumiyama, K., and Kawakami, K. (2009). Transposon-mediated BAC transgenesis in zebrafish and mice. *BMC Genomics* 10, 477.
- Suzuki, H., Gojobori, T., Ikeo, K., Sera, M., Kawai, J., and 156 authors. (2009). The transcriptional network that controls growth arrest and differentiation in a human myeloid leukemia cell line. *Nature Genetics* 41, 553 - 562.
- Suzuki, H., Sada, A., Yoshida, S., and Saga, Y. (2009). The heterogeneity of spermatogonia is revealed by their topology and expression of marker proteins including the germ cell-specific proteins Nanos2 and Nanos3. *Dev. Biol* 336, 222 - 231.
- Suzuki, Y., Gojobori, T., and Kumar, S. (2009). Methods for incorporating the hypermutability of CpG dinucleotides in detecting natural selection operating at the amino acid sequence level. *Mol Biol Evol.* 26, 2275 - 2284.
- Suzuki, J., Yamaguchi, K., Kajikawa, M., Ichiyanagi, K., Adachi, N., Koyama, H., Takeda, S., and Okada, N. (2009). Genetic evidence that the non-homologous end-joining repair pathway is involved in LINE retrotransposition. *PLoS Genetics* 5, 1000461.
- Takahashi, A. (2009). Effect of exonic splicing regulation on synonymous codon usage in alternatively spliced exons of Dscam. *BMC Evol. Biol.* 9, 214.
- Takahashi, A., Tomihara, K., Shiroishi, T., and Koide, T. (2009). Genetic mapping of social interaction behavior in B6/MSM consomic mouse strains. *Behavior Genetics* in press
- Takahashi, K.R. (2009). Coalescent under the evolution of coadaptation. *Molecular Ecology* 18, 5018 - 5029.
- Takahashi, M., Krukov, K., and Saitou, N. (2009). Estimation of bacterial species phylogeny through oligonucleotide frequency distances. *Genomics* 93, 525 - 533.
- Takano-Kai, N., Jiang, H., Kubo, T., Sweeney, M., Matsumoto, T., Kanamori, H., Padhukasahasram, B., Bustamante, C., Yoshimura, A., Doi, K., and McCouch, S. (2009). Evolutionary History of GS3, a Gene Conferring Grain Length in Rice. *Genetics* 182, 1323 - 1343.
- Takashima, S., Takehashi, M., Lee, J., Chuma, S., Okano, M., Hata, K., Suetake, I., Nakatsuji, N., Miyoshi, H., Tajima, S., Tanaka, Y., Toyokuni, S., Sasaki, H., Kanatsu-Shinohara, M., and Shinohara, T. (2009). Abnormal DNA methyltransferase expression in mouse germline stem cells results in spermatogenesis defects. *Biol. Reprod.* 81, 155 - 164.
- Takata, H., Nishijima, H., Ogura, S-i, Sakaguchi, T., Bubulya, A., Mochiduki, T., and Shibahara, K-i. (2009). Proteome Analysis of Human Nuclear Insoluble Fractions. *Genes Cells* 14, 975 - 990.
- Takeda, J., Suzuki, Y., Sakate, R., Sato, Y., Gojobori, T., Imanishi, T., and Sugano, S. (2009). H-DBAS: Human-transcriptome DataBase for Alternative Splicing, update 2010. *Nucleic Acids Res* 38, 1 - 5.
- Takeshima, S., Sarai, Y., Saitou, N., and Aida, Y. (2009). MHC class II DR classification based on antigen-binding groove natural selection. *Biochemical and Biophysical Research Communications* 385, 137 - 142.
- Takeuchi, M., Kaneko, H., Nishikawa, K., Kawakami, K., Yamamoto, M., Kobayashi, M. (2010). Efficient transient rescue of hematopoietic mutant phenotypes in zebrafish using Tol2-mediated transgenesis. *Development, Growth & Differentiation* 52, 245 - 250.
- Takuchi, S., Yamaki, N., Iwasato, T., Negishi, M., and Katoh, H. (2009). Beta2-chimaerin binds to EphA receptors and regulates cell migration. *FEBS Lett* 583, 1237 - 1242.
- Takuchi, S., Yamaki, N., Iwasato, T., Negishi, M., Katoh, H. (2009). Beta2-chimaerin binds to EphA receptors and regulates cell migration. *FEBS Lett.* 583, 1237 - 1242.
- Tanaka, K.M., Takahashi, K.R. and Takano-Shimizu, T. (2009). Enhanced fixation and preservation of a newly arisen duplicate gene by masking deleterious loss-of-function mutation. *Genetics Research* 91, 267 - 280.
- Tatsuta, T., and Takano-shimizu, T. (2009). High genetic differentiation between an African and a non-African strain of *Drosophila* simulans revealed by segregation distortion and reduced crossover frequency. *Genetica* 137, 165 - 171.
- Tsuda, K., Ito, Y., Yamaki, S., Miyao, A., Hirochika, H., Kurata, N. (2009). Isolation and mapping of three rice mutants that showed ectopic expression of KNOX genes in leaves. *Plant Science* 177, 131 - 135.
- Tsuda, K., Ito, Y., Yamaki, S., Miyao, A., Hirochika, H., and Kurata, N. (2009). Isolation and mapping of three rice mutants that showed ectopic expression of KNOX genes in leaves. *Plant Science* 177, 131 - 135.
- Tsukahara, S., Kobayashi, A., Kawabe, A., Mathieu, O., Miura, A., and Kakutani, T. (2009). Bursts of retrotransposition reproduced in Arabidopsis. *Nature* 461, 423 - 426.
- Uehara, S., Izumi, Y., Kubo, Y., Wang, CC., Mineta, K., Ikeo, K., Gojobori, T., Tachibana, M., Kikuchi, T., Kobayashi, T., Shibahara, S., Taya, C., Yonekawa, H., Shiroishi, T., and Yamamoto, H. (2009). Specific expression of Gsta4 in mouse cochlear melanocytes: a novel role for hearing and melanocyte differentiation. *Pigment Cell Melanoma Res* 22, 111 - 119.
- Ukita, K., Hirahara, S., Oshima, N., Imuta, Y., Yoshimoto, A., Jang, CW., Oginuma, M., Saga, Y., Behringer, RR., Kondoh, H., and Sasaki, H. (2009). Wnt signaling maintains the notochord fate for progenitor cells and supports the posterior extension of the notochord. *Mech Dev* 126, 791 - 803.
- Umemori, J., Nishi, A., Lionikas, A., Sakaguchi, T., Kuriki, S., Blizard, D.A., and Koide, T. (2009). QTL analyses of temporal and intensity components of home-cage activity in KJR and C57BL/6J strains. *BMC Genetics* 10, 40.
- Urasaki, A., and Kawakami, K. (2009). Analysis of genes and genome by the Tol2-mediated gene and enhancer trap methods. *Methods in Molecular Biology* 546, 85 - 102.
- Watanabe, Y., Takahashi, A., Itoh, M., and Takano Shimizu, T. (2009). Molecular spectrum of spontaneous de novo mutations in male and female germ line cells of *Drosophila melanogaster*. *Genetics* 181, 1035 - 1043.
- Win, KT., Kubo, T., Miyazaki, Y., Doi, K., Yamagata, Y., and Yoshimura, A. (2009). Identification of two loci causing F1 pollen sterility in inter- and intraspecific crosses of rice. *Breeding Science* 59, 411 - 418.
- Wu, Y., Brock, A. R., Wang, Y., Fujitani, K., Ueda, R., and Gallo, M. J. (2009). A Blood-Borne PDGF/VEGF-like Ligand Initiates Wound-Induced Epidermal Cell Migration in *Drosophila* Larvae. *Curr. Biol.* 19, 1 - 5.
- Yagita, K., Horie, K., Koinuma, S., Nakamura, W., Yamanaka, I., Urasaki, A., Shigeyoshi, Y., Kawakami, K., Shimada, S., Takeda, J., Uchiyama, Y. (2010). Development of the circadian oscillator during differentiation of mouse embryonic stem cells in vitro. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 107, 3846 - 3851.
- Yagita, K., Yamanaka, I., Emoto, N., Kawakami, K., Shimada, S. (2010). Real-time monitoring of circadian clock oscillations in primary cultures of mammalian cells using Tol2 transposon-mediated gene transfer strategy. *BMC Biotechnology* 10(1), 3.
- Yamaguchi, S., Kurimoto, K., Yabuta, Y., Sasaki, H., Nakatsuji, N., Saitou, M., and Tada, T. (2009). Conditional knockdown of Nanog induces apoptotic cell death in mouse migrating primordial germ cells. *Development* 136, 4011 - 4020.
- Yamaji, M., Tanaka, T., Shigeta, M., Chuma, S., Saga, Y., and Saitou, M. (2009). Functional reconstruction of Nanos3 expression in the germ cell lineage by a novel transgenic reporter reveals distinct subcellular localizations of Nanos3. *Reproduction*.
- Yamasaki, C., Murakami, K., Takeda, J., Sato, Y., Noda, A., Sakate, R., Habara, T., Nakaoka, H., Todokoro, F., Matsuya, A., Imanishi, T., and Gojobori, T. (2009). H-InvDB in 2009, extended database and data-mining resources for human genes and transcripts. *Nucleic Acids Res* 38, 1 - 7.
- Yuasa, I., Iizawa, Y., Nishimukai, H., Fukumori, Y., Umetsu, K., Nakayashiki, N., Saitou, N., Henke, L., and Henke, J. (2009). A hypervariable STR polymorphism in the complement factor I (CFI) gene: Asian-specific alleles. *International Journal of Legal Medicine*. in press
- Yuasa, I., Umetsu, K., Nishimukai, H., Fukumori, Y., Harihara, S., Saitou, N., Jin, F., Chattopadhyay, P.K., Henke, L., and Henke, J. (2009). HERC1 polymorphisms: population-specific variations in haplotype composition. *Cell Biochemistry and Function* 27, 402 - 405.
- Yukiko, Yamazaki, and Sugawara, H. (2009). National BioResource Project Information Center. *Exp. Anim.* 58, 75 - 84.

## Collaborative Research

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、大学、他研究機関との共同研究を積極的に受け入れています。

国内外の研究者に共同利用の機会を提供するため、従前より研究所の研究教育職員と研究所以外の研究者による「共同研究」及び「研究会」を実施しています。

次頁に示すように、毎年多くの共同研究が行われており、2009年度も計92件の共同研究と計9件の研究会を行い、着実な成果をあげています。

### 共同研究

「共同研究」とは、国立遺伝学研究所外の研究者からの申込みに基づき、国立遺伝学研究所内外の研究者数名により、特定の研究課題について共同して行う研究です。次の2種類に分けて募集を行っています。

「共同研究(A)」に採択されると、実験・討論のために遺伝研を訪問するための旅費・滞在費が支給されます。「共同研究(B)」では旅費・滞在費及び研究費が支給されます。

As the central institute to study various aspects of genetics, the National Institute of Genetics (NIG) positively accepts collaborative research between NIG and universities or other institutes. In order to offer collaborative research opportunities to researchers, NIG has been conducting "Collaborative Research" and "Research Meeting" between researchers inside and outside of NIG.

As shown in the next page, many collaborative researches are held every year. In 2009, 92 Collaborative Researches and 9 Research Meetings have been held and achieved excellent results.

### Collaborative Research

Based on the application from researchers outside NIG, NIG researchers collaborate with them for conducting the research on the subject of application. The following two categories are solicited for Collaborative Research: [A] and [B]. In Collaborative Research [A], travel and accommodation expenses are provided to visit NIG for conducting discussion and experiment. In Collaborative Research [B], travel, accommodation and research expenses are provided.

## DNA多型から見たニワトリとキンギョのドメスティケーション過程

### ■小見山 智義

東海大学 医学部医学科基盤診療学系臨床薬理学 准教授

本研究は、家畜化過程を通して、淘汰の生物多様性への影響を明らかにするため、ヒトの手によって品種改良された生物の遺伝子多型とその生物の持つ形態・行動特性との関連を研究目的としたものである。そこで、研究材料には幅広い形態的多様性を持つニワトリとキンギョを用いた。特にニワトリにおいては、闘争心が異常に強い軍鶏と長く鳴くことのできる長鳴鶏を用いた(図1参照)。遺伝子には情動との関連が示唆されるDRD4遺伝子の配列を決定し解析を行った。その結果、軍鶏と長鳴鶏の品種間で差異が見られ、品種間における行動特性と遺伝子多型の関連性の可能性を示唆した。また同時に、進化的意義について検討をしたところ、明らかにヒトによる人為淘汰がこの配列の違いに反映しているものと考えられた。

The evolution of domesticated chicken and goldfish are tightly related with many aspects of human culture. The present study seeks to clarify the relationship between their genome variation and behavior by examining the DRD4 gene in chickens. We also suggested that artificial selection was related to the variation of DRD4.

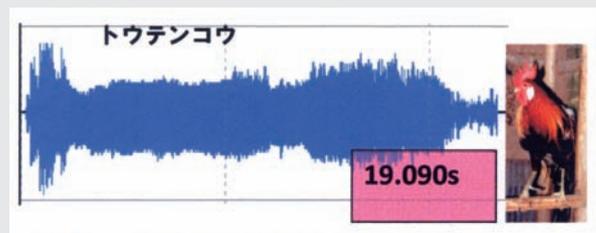


図1 長鳴鶏の謡の長さ波形

### 研究会

「研究会」とは、国立遺伝学研究所外の研究者からの申込みに基づき、国立遺伝学研究所内外の比較的小人数で実施する研究集会です。各研究会では、活発な討論が行われています。

### Research Meetings

Based on the application from researcher outside of NIG, Research Meetings in small groups are held to exchange information. In each meeting, researchers actively discuss their subject.



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、大学、他研究機関との共同研究を積極的に受け入れています。「共同研究A」に採択されると、実験・討論のために遺伝研を訪問するための旅費・滞在費が支給されます。「共同研究B」では旅費・滞在費及び研究費が支給されます。

共同研究A

研究課題	研究代表者	
1 プロテオミクスとDT40 細胞の遺伝学とを組み合わせた染色体維持・伝達機構の解明	小布施力史	北海道大学大学院 先端生命科学研究院
2 ヒストンのリン酸化と染色体凝縮機構	木村 宏	大阪大学大学院 生命機能研究科
3 染色体構成蛋白質群の機能・構造解析	胡桃坂仁志	早稲田大学 理工学術院
4 酸化損傷ヌクレオチドを除去する酵素群の遺伝的解析	高木康光	福岡歯科大学
5 ヒストンバリエント H2AZ/F のクロマチン機能構造形成と発生分化における機能解析	原田昌彦	東北大学大学院 農学研究科
6 ゲノム損傷に対する細胞応答制御に関わる翻訳後修飾の役割	菅澤 薫	神戸大学自然科学系 先端融合研究(バイオ)シグナル研究センター
7 酵母異数体の生き残り戦略	丹羽修身	かずさDNA研究所
8 継代過程におけるエピジェネティックな遺伝子発現調節機構の解明	沖 昌也	福井大学大学院 工学研究科
9 緑藻とヒドラの共生に関する進化的研究3	小早川義尚	九州大学大学院 理学研究院
10 腸管運動活性化ホルモンの探索	高橋俊雄	サントリー生物有機化学研究所
11 刺胞動物の軸性と関連する運動パターンについての進化発生学的解析	並河 洋	国立科学博物館 動物研究部
12 ゼブラフィッシュにおける血中カルシウム濃度調節器官の発生遺伝学的解析	岡部正隆	東京慈恵会医科大学
13 ゼブラフィッシュを用いた非視覚系光受容体の機能解析	小柳光正	大阪市立大学大学院 理学研究科
14 ゼブラフィッシュ Gal4 エンハンサートラップシステムを用いた器官形成研究	伊藤素行	名古屋大学高等研究院 神経形成シグナル研究室
15 ゼブラフィッシュ成魚脳室下帯における神経細胞の産生・移動機構の解析	澤本和延	名古屋市立大学大学院 医学研究科
16 ゼブラフィッシュ概日分子時計の in vivo リアルタイムモニター法の構築	八木田和弘	大阪大学大学院 医学系研究科 神経生物学・形態学講座
17 ゼブラフィッシュを用いたボディープラン遺伝子ネットワークの解析	浅原弘嗣	国立成育医療センター研究所 移植・外科研究部
18 トランスポゾン技術を利用した脊索動物の遠位エンハンサーの比較研究	笹倉靖徳	筑波大学 下田臨界実験センター
19 哺乳動物におけるゲノム情報進化と形質進化	植田信太郎	東京大学大学院 理学系研究科
20 昆虫ゲノム中に保持される連鎖不平衡の種間・個体群間比較	立田晴記	琉球大学 農学部
21 抗原受容体遺伝子組換えを誘導する転写因子 E2A の機能解析	縣 保年	京都大学大学院 医学研究科 免疫細胞生物学分野
22 核難溶性蛋白質 ISP36 の機能解析	堀米恒好	新潟大学 自然科学系 自然構造科学系列
23 海馬歯状回顆粒細胞層の形成におけるセマフォリンの役割について	Kevin J. Mitchell	Smurfit Institute of Genetics, Trinity College Dublin, Ireland
24 Plexin遺伝子変異マウスに見られる大脳皮質形成異常の解析	畠中由美子	奈良先端科学技術大学院大学 物質創成科学研究科
25 NKレセプター、NK細胞活性化リガンドの多様性	笠原正典	北海道大学大学院 医学研究科
26 脳槽内 MgSO4 投与による常温冬眠療法による新しい脳保護法の開発	森 健太郎	順天堂大学 医学部 脳神経外科
27 長い周期を持つ毛周期時計の遺伝学的解析	山本博章	東北大学大学院 生命科学研究科
28 マウス表現型共有データベースの開発	榎屋啓志	理化学研究所(バイオ)リソースセンター マウス表現型知識化開発研究ユニット
29 MSM 系統の染色体を保持するコンソミック系統および野生マウス由来の系統を用いた肺腫瘍発生感受性の解析	宮下信泉	香川大学
30 線毛運動に必須な新規遺伝子、 <i>ktu</i> のマウスを用いた機能解析	武田洋幸	東京大学大学院 理学系研究科
31 オープンフィールド行動の個体差に関わる遺伝子探索：高・低活動系分離におけるセロトニン神経系の関与	加藤克紀	筑波大学大学院 人間総合科学研究科
32 野生由来近交系マウスを用いた行動遺伝学的解析による新規睡眠遺伝子の単離・同定	寺尾 晶	北海道大学大学院 獣医学研究科生化学教室
33 コンソミックマウス系統による行動解析プロトコルの開発	富原一哉	鹿児島大学 法文学部
34 HMI マウス系統型ミューオピオイド受容体遺伝子の機能解析	池田和隆	東京都精神医学総合研究所
35 野生由来マウス系統におけるオス求愛歌の解析	菊水健史	麻布大学 獣医学部 動物応用科学科伴侶動物学
36 メダカ精原細胞の単離法の確立と精原幹細胞株の樹立	山下正兼	北海道大学大学院 先端生命科学研究院
37 ゼブラフィッシュを用いたノンコーディング RNA の機能解析	剣持直哉	宮崎大学 フロンティア科学実験総合センター
38 魚類における高温環境下で発現する遺伝子の定量解析	中嶋正道	東北大学大学院 農学研究科
39 大腸菌とイネを用いた高等植物に細胞死を誘導するバクテリア因子の探索	守口和基	広島大学大学院 理学研究科生物科学専攻
40 液胞の形成に注目したイネ初期発生過程の観察	森安裕二	埼玉大学 理工学研究科
41 イネの発育、形態関連遺伝子の機能解析	長戸康郎	東京大学大学院 農学生命科学研究科

42	染色体複製制御機構の動的解析	片山 勉	九州大学大学院 薬学研究院
43	減数分裂期染色体動態の制御機構の解明	山本 歩	静岡大学 理学部
44	ヒト腸管付着性血液型プロバイオティック乳酸菌のアドヘシンの構造遺伝子解析および分子系統解析	齋藤忠夫	東北大学大学院 農学研究科 生物産業創成科学専攻
45	ショウジョウバエ遺伝資源データベース検索システムの開発と統合に関する研究	山本雅敏	京都工芸繊維大学
46	海洋環境細菌叢のメタゲノム解析	榊原康文	慶応義塾大学 理工学部
47	哺乳類染色体の多様性解析	黒木陽子	理化学研究所 基幹研究所 先端計算科学研究領域 システム計算生物学研究グループメタシステム研究チーム
48	ステロイド膜受容体の分子動態の解析	徳元俊伸	静岡大学 理学部
49	好塩性アーキアの高塩濃度下における転写機構の解明	仲宗根薫	近畿大学 工学部 生物化学工学科
50	蛋白温度安定性が膜蛋白質複合体の結晶化に与える影響	村上 聡	東京工業大学大学院 生命理工学研究科
51	膜蛋白質	安永卓生	九州工業大学大学院 情報工学研究院
52	緑膿菌の外毒素ピオシアニン産生に関する因子の構造生物学的解析	荒牧弘範	第一薬科大学 薬学部
53	<i>Micrococcus luteus</i> K-3 株由来耐塩性グルタミナーゼの耐塩化機構に関する研究	吉宗一晃	産業技術総合研究所ゲノムファクトリー研究部門
54	ショウジョウバエ視細胞を用いた蛋白質輸送・修飾機能の解明	後藤 聡	三菱化学生命科学研究所 研究部門糖鎖制御学グループ
55	C型肝炎ウイルスが宿主に及ぼす遺伝子発現パターンの変化	市田隆文	順天堂大学 医学部 消化器内科
56	軟体動物/頭足類の脳神経系の発達と進化を遺伝子発現解析	小倉 淳	お茶の水女子大学
57	発光能を有する海洋プランクトンの分子進化	茂里 康	産業技術総合研究所 健康工学研究センター
58	脳・神経関連遺伝子群の進化的解析のための知識メディア技術によるデータベース探索方法の開発	田中 譲	北海道大学大学院 情報科学研究科
59	歯の細胞外基質蛋白質遺伝子の同定および硬組織の石灰化遺伝子群の系統解析	佐藤秋絵	鶴見大学 歯学部 解剖学第2
60	難読症関連遺伝子による神経細胞の形態制御機構	服部光治	名古屋市立大学大学院 薬学研究科
61	生体膜におけるリン脂質分子運動の細胞形態形成における役割	梅田真郷	京都大学 化学研究所
62	ユビキチン系による組換え修復の制御機構	岩崎博史	東京工業大学 生命理工学研究科 分子生命科学専攻
63	出芽酵母 DNA ポリメラーゼεの Dpb2サブユニット変異の生化学的解析	Piotr Janczyk	Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences
64	樹状突起セグメント特異性を担う膜分子プレキシンの局在制御機構の解析	須藤文和	東北大学大学院 医学系研究科
65	メカニカルストレス応答性 miRNA の発現制御機構の解析	小椋利彦	東北大学 加齢医学研究所 神経機能情報研究分野
66	Six1 エンハンサーの解析	川上 潔	自治医科大学 細胞生物研究部
67	テナガザルゲノム DNA の分子系統解析	河合洋介	立命館大学 生命科学部
68	系統ネットワーク法を用いた ABO 遺伝子の組換え機構の解析	北野 誉	茨城大学 工学部
69	ゴールドシュミット文庫所蔵文献から見た遺伝学者のネットワーク	溝口 元	立正大学 社会福祉学部
70	哺乳類ゲノムの大規模 SNP 解析	太田聡史	独立行政法人理化学研究所バイオリソースセンター情報解析技術室
71	遺伝子間連鎖不平衡の季節変動に関する研究	伊藤雅信	京都工芸繊維大学大学院 工芸科学研究科
72	反復配列とエピジェネティック制御	佐渡 敬	九州大学 生体防御医学研究所
73	野生マウスの LD 解析	鈴木 仁	北海道大学大学院 地球環境科学研究院
74	社会的ストレス負荷マウスの行動遺伝学的解析	下位香代子	静岡県立大学 環境科学研究科
75	全ゲノム配列・トランスクリプトーム解析を利用した進化研究	阿形清和	京都大学大学院 理学研究科
76	ヒトデ BAC/fosmid ライブラリーの作成	岸本健雄	東京工業大学大学院 生命理工学研究科
77	新型シーケンサーを利用した ChIP-seq および新規ゲノム配列決定手法の開発に関する研究	伊藤武彦	東京工業大学大学院 生命理工学研究科共通講座
78	プロトンモーターフォース産生の比較構造生物学	今田勝巳	大阪大学大学院 生命機能研究科
79	Notch 情報伝達系の新規構成遺伝子 <i>picanex</i> の小胞体形成における機能に関する研究	松野健治	東京理科大学 基礎工学部
80	原核生物の非 SD 型タンパク質翻訳開始機構の比較ゲノム解析	新村芳人	東京医科歯科大学 難治疾患研究所
81	次世代シーケンサーが産出する超大量ゲノム塩基配列の多面的情報解析システムの構築	池村淑道	長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部

## 共同研究B

研究課題	研究代表者
1 DT40 細胞を用いた AID (auxin inducible degron) 法によるコンディショナルノックアウト法の開発	鐘巻将人 大阪大学大学院 理学研究科 生物科学専攻
2 ユビキチン・プロテアソーム系による DNA 修復タンパク質の制御機構	菱田 卓 大阪大学 微生物病研究所
3 新規遺伝子変異マウスのパレル発達, および $\alpha$ キメラ変異マウスの神経回路の研究	糸原重美 理化学研究所 脳科学総合研究センター 行動遺伝
4 コリプレッサー Samuel/Moses と Seven-up 核内受容体の機能的相互作用に関する研究	小瀬博之 国際基督教大学 教養学部 生命科学ディパートメント

5	モジュール化した転移因子 SINE により新規に獲得された遺伝子発現調節機構の解明～哺乳類の脳進化を探る～	岡田典弘	東京工業大学 生命理工学研究科
6	ヒト Nalm-6 細胞を用いた遺伝子改変細胞株作成技術の開発と DNA 複製に伴うヌクレオソーム形成反応の機構解明	高見恭成	宮崎大学 医学部 機能生化学分野
7	哺乳類頭蓋顔面発生における sonic hedgehog 遺伝子の役割	井関祥子	東京医科歯科大学大学院 歯学総合研究科 分子発生学分野
8	プロセッシング酵素 PC6 による形態形成の制御ー頭尾軸にそったHOX遺伝子群の発現との関連についてー	西松伸一郎	川崎医科大学 医学部 分子生物学1 (発生学) 教室
9	質量分析を利用したクロマチン機能複合体解析	田上英明	名古屋市立大学大学院 システム自然科学研究科
10	DNA多型から見たニワトリとキンギョのドメスティケーション過程	小見山智義	東海大学 医学部医学科 基盤診療学系臨床薬理学
11	イネ花粉突然変異体の単離と解析	上田健治	秋田県立大学 生物資源科学部

## 研究会

研究会名	研究会代表者
1 細胞核・染色体・クロマチンの動態とその制御メカニズム	原田昌彦 東北大学大学院 農学研究科
2 コヒキチン・SUMOによるDNA複製およびDNA修復系の制御	増田雄司 広島大学 原爆放射線 医科学研究所
3 Notchシグナル研究会	相賀裕美子 国立遺伝学研究所 系統生物研究センター 発生工学研究室
4 イネ研究の多様性と展望	長戸康郎 東京大学大学院 農学生命科学研究科
5 ゲノム情報を活用した単細胞細胞増殖システムの研究	秋山芳展 京都大学 ウイルス研究所
6 情報生命科学若手研究会	五條堀 孝 国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJセンター 遺伝情報分析研究室
7 次世代シーケンサーを活用したゲノム多様性の研究	五條堀 孝 国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJセンター 遺伝情報分析研究室
8 Web API for Biology (WABI) から Semantic Web API for Biology (SABI) へ	菅原秀明 国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJセンター データベース運用開発 研究室
9 大規模データの表現方法～次世代ゲノムシーケンサーからの効率的なデータ活用に向けて	池尾一穂 国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJセンター 遺伝情報分析研究室

## 平成21年度 民間等との共同研究

## Joint Research with the Private Sector

協賛機関	研究担当者	契約期間
協和発酵キリン株式会社 初期発生研究部門	教授 川上浩一	19.7.1～21.6.30 22.1.1～25.3.31
独立行政法人理化学研究所 人類遺伝研究部門	教授 佐々木裕之	20.5.1～22.3.31
株式会社ACTGen 育種遺伝研究部門	准教授 柴原慶一 助教 西嶋 仁	21.1.1～22.12.31
独立行政法人理化学研究所 系統生物研究センター 哺乳動物遺伝研究室	教授 城石俊彦 助教 田村 勝	20.4.1～22.3.31
独立行政法人理化学研究所 系統生物研究センター 発生工学研究室	教授 相賀裕美子 助教 小久保博樹	21.8.20～22.3.31
協和発酵キリン株式会社 系統生物研究センター 原核生物遺伝研究室	教授 仁木宏典	18.6.15～22.3.31
独立行政法人理化学研究所 生物遺伝資源情報総合センター 比較ゲノム解析研究室	教授 藤山秋佐夫	20.4.1～22.3.31
株式会社DNAチップ研究所 生物遺伝資源情報総合センター 比較ゲノム解析研究室	教授 藤山秋佐夫	21.10.1～22.3.31
琉球大学熱帯生物圏研究センター 生物遺伝資源情報総合センター 比較ゲノム解析研究室	特任准教授 豊田 敦	21.11.1～23.3.31
オリンパス株式会社 構造遺伝学研究センター 超分子機能研究室	教授 嶋本伸雄 特任助教 中山秀喜	20.10.1～22.3.31
株式会社メディクローム 生命情報・DDBJ 研究センター 遺伝情報分析研究室	教授 五條堀 孝 助教 鈴木善幸	19.12.28～23.2.28
水産総合研究センター中央水産研究所 日本ソフトウェアマネージメント株式会社 生命情報・DDBJ 研究センター 遺伝情報分析研究室	教授 五條堀 孝	20.4.15～22.3.31
静岡県立静岡がんセンター	特任教授 広瀬 進	21.4.1～22.3.31

委託者／研究課題	研究代表者	契約期間
科学技術振興機構／脳神経ネットワーク形成における脂質機能の網羅的解析	新分野創造センター 神経形態研究室 准教授 榎本和生	21.4.1～22.3.31
科学技術振興機構／バイオ基幹情報資源の高準化と共用化	生命情報・DDBJ研究センター データベース運用開発研究室 特任教授 菅原秀明	21.4.1～22.3.31
しずおか産業創造機構／染色体分配研究を軸にしたバイオメディカル事業への新展開	分子遺伝研究部門 教授 深川竜郎	21.4.1～22.3.31
しずおか産業創造機構／ソラレン誘導体によるがん診断法の確立	特任教授 広瀬 進	21.4.1～22.3.31
しずおか産業創造機構／ヒト疾患原因遺伝子のシーンターゲティング細胞株の作製とその応用	育種遺伝研究部門 准教授 柴原慶一	21.4.1～22.3.31
農業・食品産業技術総合研究機構 生物系特定産業技術研究支援センター／ゼブラフィッシュ 培養精子による逆遺伝学技術の確立および精子形成調節因子の解明	系統生物研究センター 小型魚類開発研究室 准教授 酒井則良	21.4.1～22.3.31
名古屋大学／イネ生殖細胞分化関連遺伝子の単離と機能解析	実験園場 准教授 野々村賢一	21.4.1～22.3.1
科学技術振興機構／ヘテロクロマチン修飾除去メカニズムの解析	育種遺伝研究部門 助教 佐瀬英俊	21.10.1～22.3.31
科学技術振興機構／機械刺激受容体と神経軸索組織の構築基盤	初期発生研究部門 科学技術振興機構 さきがけ研究員 和田浩則	21.10.1～22.3.31
科学技術振興機構／末梢神経の運命決定を司るエピジェネティック制御因子群の網羅的同定	新分野創造センター 神経形態研究室 准教授 榎本和生	21.10.1～24.3.31
科学技術振興機構／タンパク質発現制御技術を用いた高等動物細胞における遺伝子機能破壊細胞の研究開発	分子遺伝研究部門 教授 深川竜郎	21.12.1～22.3.31

革新的細胞解析研究プログラム (セルイノベーション)

文部科学省／データ解析拠点の構築と情報研究開発	生命情報・DDBJ研究センター 遺伝情報分析研究室 教授 五條堀 孝	21.6.1～22.3.31
文部科学省／生殖細胞及び精子幹細胞の発生分化機構	系統生物研究センター 発生工学研究室 教授 相賀裕美子	21.6.23～22.3.31

ターゲットタンパクプログラム

文部科学省／ターゲットタンパク研究情報プラットフォームの構築運用	生命情報・DDBJ研究センター データベース運用開発研究室 特任教授 菅原秀明	21.4.1～22.3.31
----------------------------------	---	----------------

平成21年度 研究開発施設共用等促進費補助金 (ナショナルバイオリソースプロジェクト)

National BioResource Project

委託者／研究課題	研究代表者	契約期間
文部科学省／イネ属遺伝子資源の収集・保存・提供と高度情報化	系統生物研究センター 植物遺伝研究室 教授 倉田のり	21.4.1～22.3.31
文部科学省／原核生物遺伝資源(大腸菌・枯草菌)の整備と活用	系統生物研究センター 原核生物遺伝研究室 教授 仁木宏典	21.4.1～22.3.31
文部科学省／情報発信体制の整備とプロジェクトの総合的推進	生物遺伝資源情報総合センター 系統情報研究室 准教授 山崎由紀子 生命情報・DDBJ研究センター 特任教授 菅原 秀明	21.4.1～22.3.31
文部科学省／ゼブラフィッシュの収集・保存及び提供 (トランスポンソト2を用いた遺伝子改変系統の収集・保存及び提供)	個体遺伝研究系 初期発生研究部門 教授 川上浩一	21.4.1～22.3.31
文部科学省／ショウジョウバエ遺伝資源の収集・総合的維持管理・提供 (ショウジョウバエRNAi系統の維持管理・提供)	系統生物研究センター 無脊椎動物遺伝研究室 教授 上田 龍	21.4.1～22.3.31
文部科学省／メダカ完全長cDNAリソースの整備 (完全長cDNAクローンの両端配列決定)	生物遺伝資源情報総合センター 比較ゲノム解析研究室 教授 藤山秋佐夫	21.7.1～22.3.31
文部科学省／マウスC57BL/6N亜系統のBACエンドシーケンス(配列決定)	生物遺伝資源情報総合センター 比較ゲノム解析研究室 特任准教授 豊田 敦	21.7.1～22.3.31

内容	氏名
紫綬褒章受章	遺伝情報分析研究室 教授 五條堀 孝
日本人類遺伝学会賞「ゲノムインプリンティングのエピゲノム機構に関する研究」	人類遺伝研究部門 教授 佐々木裕之
日本育種学会第116回講演会優秀発表賞 「イネの胚珠分化に異常を示す osmads13 変異体の解析」	山木辰一郎、倉田のり、野々村賢一
日本育種学会第115回講演会優秀発表賞 「減数分裂への移行に必須であるイネ遺伝子の単離と機能解析」	野々村賢一、高嶋和哉、中野睦子、永口真、宮尾安藝雄、廣近洋彦、倉田のり
日本遺伝学会第81回大会 Best Paper 賞	水多陽子、春島嘉章、倉田のり
日本遺伝学会第82回遺伝学会 Best Paper 賞	稲垣宗一、三浦明日香、中村みゆき、小林啓恵、佐瀬英俊、角谷徹仁

平成20年度 知的財産権

Intellectual Property Rights

特許出願件数

国内出願	外国出願 ※1	PCT 国内移行 ※2	国内登録	外国登録
4 (2)	1 (1)	8 (0)	5 (4)	2 (1)

( )は他機関等と共有するものの内数  
 ※1:PCT等は指定国数に拘わらず「1」とカウント  
 ※2:移行国1で「1」とカウント、ただしEPIは「1」でカウントとする

機構内単独出願発明 (国内外) 1件

発明の名称	発明者	出願番号
ボツリヌス毒素遺伝子トランスジェニックフィッシュ	川上浩一	特願 2009-211821

PCT国内移行 3件

発明の名称	発明者	出願番号
テトラサイクリン誘導型遺伝子発現系に使用する目的遺伝子導入ベクター、トランスアクチベーター発現用ベクターおよび用途	柴原慶一 ほか	JP: 特願 2008-540999 US:12/446,700 EP:7830399.7
モデルマウス、その製造方法およびその用途	城石俊彦 ほか	JP: 特願 2008-552997
相同性検索システム、相同性検索装置および相同性検索方法	五條堀 孝 ほか	JP: 特願 2009-502560 US:12/529,506 EP:108721067.0 IN:3416/KOLMP/2009

特許登録 (国内外) 7件

発明の名称	発明者	出願番号 (PCT出願番号)
生体高分子検出方法およびバイオチップ	嶋本伸雄 ほか	第 4374230 号
哺乳動物において機能的なトランスポゾン	川上浩一	第 4364474 号
顕微鏡装置	徳永万喜洋 ほか	第 4362605 号
超薄型マルチウェルプレートの製造法	西村昭子 ほか	(特許証待ち)
マルチウェルプレート	西村昭子 ほか	第 4461267 号
マルチウェルプレート (米国)	西村昭子 ほか	(特許証待ち)
哺乳動物において機能的なトランスポゾン (EP)	川上浩一	No.1484395

2009年度公開公報及び国際特許公報公開件数 3件

発明の名称	発明者	公開番号
セントロメア局在タンパク質	深川竜郎	特開 2009-196923
遺伝子発現抑制作用を有する RNA 分子の標的遺伝子を同定する方法	安達佳樹	特開 2009-254288
細胞輸送用担体及びそれを使用した細胞の輸送方法	深川竜郎 ほか	特開 2010-029106

# 情報・システム研究機構 Research Organization of Information and Systems



機構長  
堀田凱樹  
President Yoshiki Hotta

## 機構東京連絡所所在地

〒105-0001  
東京都港区虎ノ門4-3-13  
神谷町セントラルプレイス2階  
TEL (03) 6402-6200  
<http://www.rois.ac.jp/>

## 機構所属研究所

**国立極地研究所**  
National Institute of Polar Research  
〒190-8518 東京都立川市緑町10-3  
TEL (042) 512-0608  
<http://www.nipr.ac.jp/>

**統計数理研究所**  
The Institute of Statistical Mathematics  
〒190-8562 東京都立川市緑町10-3  
TEL (050) 5533-8500  
<http://www.ism.ac.jp/>

**国立情報学研究所**  
National Institute of Informatics  
〒101-8430 東京都千代田区一ツ橋2-1-2  
TEL (03) 4212-2000  
<http://www.nii.ac.jp/>

**国立遺伝学研究所**  
National Institute of Genetics  
〒411-8540 静岡県三島市谷田1111  
TEL (055) 981-6707  
<http://www.nig.ac.jp/>

## 機構の理念

生命、環境、情報など、21世紀の人間の変容に関わる重要課題の解決には、従来の学問領域の枠にとらわれない研究への取り組みが必要となっています。

情報・システム研究機構は、4研究所が連携することにより、生命、地球、環境、社会などに関わる複雑な問題を情報とシステムという視点から総合的に捉え、実験・観測による多量・大量のデータの産生とそこからの情報の抽出、真理の発見、データベースの構築とその活用法の開発などの諸課題に関して、分野の枠を超えた融合的な研究を通して、新分野の開拓を図るものです。また、その成果と新たな研究領域に対する研究基盤を広く共同利用に供することを目的としています。

さらに、複雑なシステムに関する情報学的研究の方法論、データベースやネットワークの高度利用に関する研究開発と事業を通して、学術研究に関わる国内外の諸機関に対して、研究の機動的、効果的展開を支援するための情報基盤を提供することも大きな使命です。

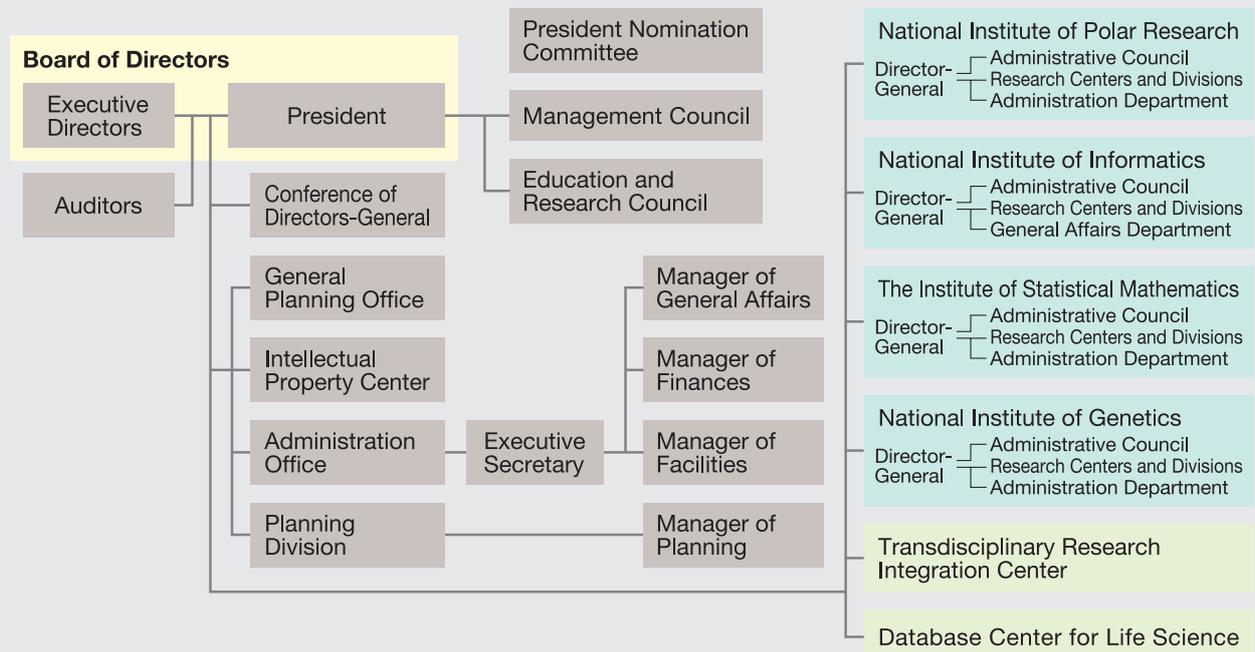
このように、情報・システム研究機構においては、各研究所が従来から進めてきた大学共同利用機関としての研究の充実発展に加え、これまでの研究所の枠を超えた先端的な融合研究を新たな構想の下に推進していこうとしています。

## Philosophy and Concept

Science today is experiencing a revolution characterized by the remarkable progress in experimental as well as computing technologies that enable us to produce and handle a large amount of data. This is best exemplified in genome science, but is also true in other fields such as earth, environmental and social sciences. The Research Organization of Information and Systems (ROIS) is established to promote research activities of the inter-university collaborative institutes by integrating their effort to create new paradigms along this current scientific trend. Each of the four institutes has its own history and research activities, but they are selected not because they are specialized in closely related fields, but they complement each other for future research development.

Through the interdisciplinary cooperation, we will be able to create new paradigms that conform to the current science revolution. In order to explore the new vistas in ROIS, we organized "Transdisciplinary Research Integration Center (TRIC)" where collaborative and integrative research projects are promoted. For the first term, we would like to place emphasis on biological information, earth and environmental information and basis of informatics and inference. We would like to expand our activities to other systems, in the future. By doing so, we hope to go far beyond the original discipline of each institute, and to enhance our role as inter-university collaborative research institutes.

## Organization





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。

Symbol mark of the Institute, which designs the metaphase plate of the first meiotic division and symbolizes the remark by Dr. Hitoshi Kihara (1946): "The history of the earth is recorded in the layers of its crust; the history of all organisms is inscribed in the chromosomes."



● 成田国際空港 Narita Airport → 東京駅または品川駅 Tokyo JR Station or Shinagawa JR Station → 三島駅 Mishima JR Station  
 JR 1時間~2時間 JR (From 1hr to 2hr) 新幹線こだま 約1時間 Shinkansen Kodama (about 1hr)

● 関西国際空港 Kansai International Airport → 新大阪駅 Shinosaka JR Station → 三島駅 Mishima JR Station  
 JRまたは南海電鉄 約50分 JR or Nankai Electric Railway (about 50min) 新幹線ひかり 約2時間 Shinkansen Hikari (about 2hr)

● 三島駅から遺伝研までのアクセス From Mishima JR Station to NIG  
 三島駅からの距離 約4km About 4km from Mishima JR Station  
 バス 約20分 By Bus (about 20min)  
 タクシー 約15分 By Taxi (about 15min)

2010年5月発行 MAY, 2010  
 大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構  
 国立遺伝学研究所  
 Research Organization of Information and Systems  
 National Institute of Genetics  
 国立大学法人 総合研究大学院大学  
 生命科学研究所・遺伝学専攻  
 Department of Genetics, The Graduate University  
 for Advanced Studies (SOKENDAI)  
 要覧 2010年度  
<http://www.nig.ac.jp>  
 国立遺伝学研究所管理部  
 〒411-8540 静岡県三島市谷田1111  
 Yata 1111, Mishima, Shizuoka-ken 411-8540 JAPAN  
 TEL 055-981-6707 FAX 055-981-6715







# 2010 要 覧

National Institute of Genetics

Department of Genetics, SOKENDAI

<http://www.nig.ac.jp>