

2012

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
遺伝研へのアクセス Access to the Institute	7
組織 Organization	9
■ 遺伝研の研究活動	
研究活動 Research Activities	10
知的財産室 Intellectual Property Unit	56
共同利用事業センター Intellectual Infrastructure Center	57
新領域融合研究センター Transdisciplinary Research Integration Center	62
■ 研究を促進するための活動	
研究を促進するための活動と行事 Activities for the Promotion of Research and Events	63
■ 遺伝研の活動	
遺伝学電子博物館 Cyber Museum of Genetics	64
国際交流 International Activities	65
■ 遺伝研の教育	
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	67
他研究機関からの受け入れ Hosting Scientists from Other Institutions	72
運営 Management	73
研究教育職員・研究員・学生 Research Staff & Students	76
管理部と技術課職員 Staff of Administration Department and Technical Section	80
沿革 History	81
予算 Budget	83
科学研究費 Grant-in-Aid for Scientific Research	83
2011年に発行された論文一覧 Publications in 2011	84
公募による共同研究 Collaborative Research	87
民間等との共同研究 Joint Research with the Private Sector	89
受託研究 Commissioned Research	90
研究開発施設共用等促進費補助金	90
表彰・受賞歴 Awards・Honors	91
知的財産権 Intellectual Property Rights	91
情報・システム研究機構 Research Organization of Information and Systems	92

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。その後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優れた論文が発表され、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、最近では大規模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し、また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。このような大学共同利用機関のミッションを果たすべく、39の研究グループ、教職員、学生、ポスドク、テクニシャン、SEなど総勢500名近くが三島の地で活動を続けています。

国立遺伝学研究所は2004年に情報・システム研究機構の一員として法人化されましたが、法人化の利点を最大限活用して、今後とも、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最先端研究に取り組み、いっそうの発展を期したいと思います。これらを支え先導する基盤事業について、昨年度の先端ゲノミクス推進センターに加え、生物遺伝資源センター、DDBJセンターを共同利用事業センターとして立ち上げました。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、一層の研鑽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, 39 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. 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. So-called the next generation DNA sequencing technology will revolutionize a wide range of life science. To meet this direction NIG sets up Intellectual Infrastructure Centers (Advanced Genomics Center, Genetic Resource Center and DDBJ Center) for cooperations and collaborations in the research community.

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)

遺伝学の最先端研究 CUTTING-EDGE GENETICS RESEARCH

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

共同利用

RESEARCH COLLABORATIONS

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。
This institute offers collaborative research opportunities to researchers throughout Japan.

国際交流

INTERNATIONAL COLLABORATION

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

INTELLECTUAL INFRASTRUCTURE FOR LIFE SCIENCES

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。
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.

大学院教育

EDUCATION FOR GRADUATE STUDENTS

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。
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.

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

① APC, Wnt, 核
②
③ β-catenin
④ 非対称転写, END-1, 筋肉になる, 腸になる

▲非対称分裂の模式図
▲ Schematic diagrams of asymmetric division

PIVIにより推定された実験データの速度分布
前 後ろ
-0.17 μm/s 0 0.17 μm/s
(後ろ→前) (前→後ろ)
カラーで前後方向の速度を表示

MPS法を用いたシミュレーションによる速度分布
前 後ろ
-0.1 μm/s 0 0.1 μm/s
(後ろ→前) (前→後ろ)
カラーで前後方向の速度を表示

▲ゼブラフィッシュ脊髄運動神経細胞の発火の可視化
▲ Visualization of the activity of a subset of the motor neurons in the spinal cord.

CENP-S-X, CENP-T-W, CENP-T-W-S-X, DNA-CENP-T-W-S-X, 正常なセントロメア構造, CENP-S-Xがないとセントロメア構造をとれない

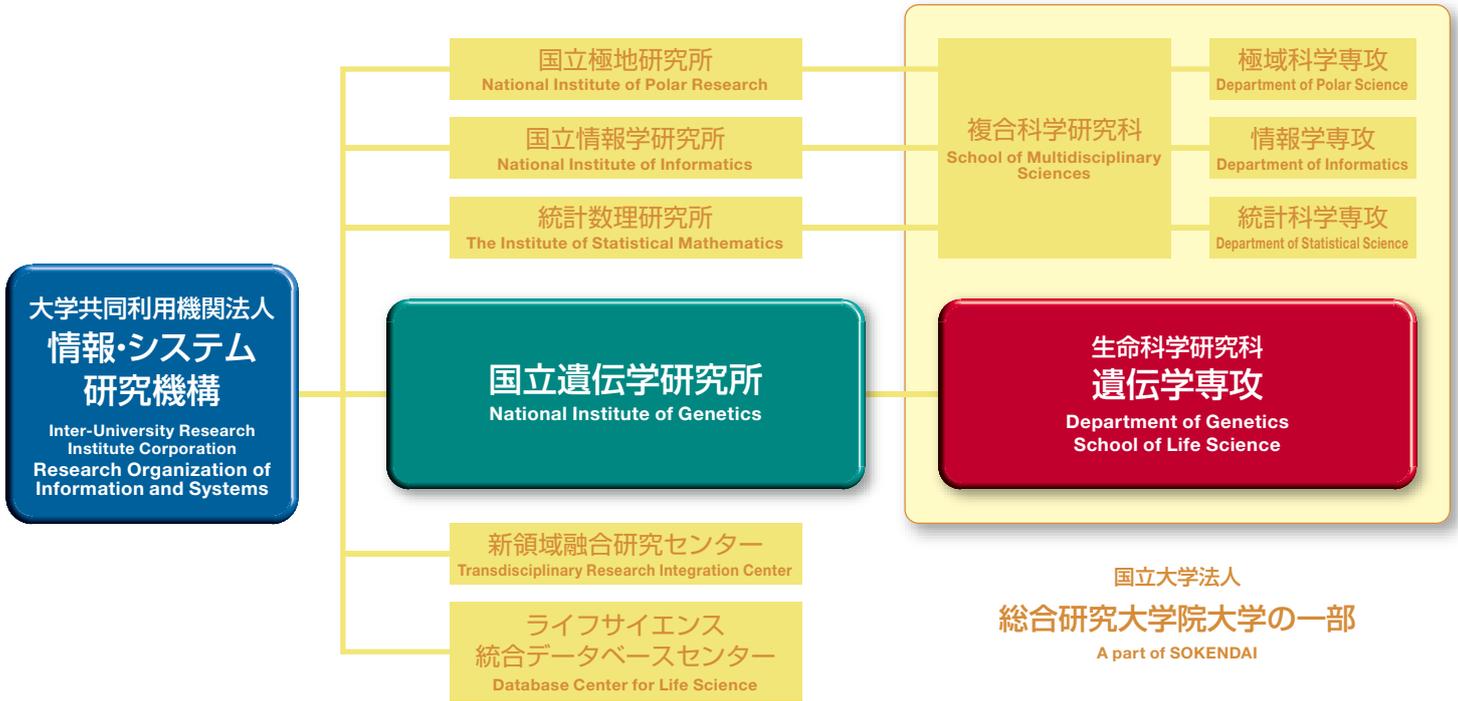
▲セントロメアにおける独自のクロマチン構造
▲ A unique centromeric chromatin structure

▲種子が稔る正常型(左)と種子がまったく稔らないため穂が直立するmel2突然変異体(右)
▲ Normal type with seeds (left) and mel2 mutant (right), whose head stands upright due to the absence of seeds.

最近のプレリリースより

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

The Bioresources Project (NBRP) Information Center is a hub for biological resources. It features a Venn diagram showing the overlap of genes between *E. coli* K-12 (4320 genes) and *B. subtilis* 168 (4105 genes). The overlap consists of 1447/1530 genes, with 2873 specific genes to *E. coli* and 2575 specific genes to *B. subtilis*. Below the diagram, it states that in H23, 1,232 MTAs were processed in April 2011 to March 2012, and in H23, the NBRP DB had 210,000 views per month on average from Nov. 2010 to Oct. 2011.

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。

DDBJ (日本DNAデータバンク) 事業
DDBJ Project

The DDBJ Project is part of the International Sequence Database Collaboration (INSDC). The diagram shows the hierarchy: International Advisory Board, Advisory Board to DDBJ (Rijyoiminkai), DDBJ, and its connections to EMBL and GenBank. Below, a map titled 'Big-Data submissions To DDBJ 2010-12' shows a significant increase in submissions, particularly in Japan and East Asia.

DDBJ(DNA Data Bank of Japan)は1987年に設立され学術論文や特許公報等を通じて公知にされるDNAデータをすべて網羅し、世界の公共財として維持管理する国際学術事業を行っている。この事業は過去25年間、欧州のEBI/EMBLおよび米国のNCBI/GenBankとの3者の協力体制で行われており、3者の間では受付後公開されるデータは毎日交換され、世界共通のデータベース「INSDC 国際塩基配列データベース」がつくられる。3者のどこかで登録を受けても世界で同時に公開される。

先端ゲノミクス推進事業
Advanced Genomics Project

The DNA Sequencing Center at NIG is a key facility for genomics. The graph shows cumulative production (Tb) and monthly production (Gb) from July 2008 to October 2011. Cumulative production reaches approximately 14 Tb, while monthly production peaks at over 5 Gb in late 2011.

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)、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。

実験動物慰霊碑
Memorial Monument for Experimental Animals



テニスコート
Tennis Court



展示室
Exhibition Room



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

Z 職員宿舎
Official Residence

〈研究所の敷地と建物〉

土地総面積 106,959㎡
Institute Facilities and Grounds

内訳
研究所敷地 95,080㎡
Institute area
Details
宿舎敷地 11,879㎡
Residential area

建築面積 15,860㎡
Building area

建物延面積 37,941㎡
(Total floor space)

(2012年4月1日現在)



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."

遺伝研周辺地図



遺伝研詳細地図



- 羽田空港 Haneda Airport
 - ▲ 品川駅 Shinagawa JR Station (京急 約20分 Keikyu (about 20min))
 - ▲ 三島駅 Mishima JR Station (新幹線こだま 約50分 Shinkansen Kodama (about 50min))
- 成田空港 Narita Airport
 - ▲ 東京駅 Tokyo JR Station (JR 約1時間 JR (about 1hr))
 - ▲ 三島駅 Mishima JR Station (新幹線こだま 約1時間 Shinkansen Kodama (about 1hr))
- 新大阪駅 Shin-osaka JR Station
 - ▲ 三島駅 Mishima JR Station (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)

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、発生や行動など動物のさまざまな生命現象における遺伝子や細胞の役割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

ヒトの高次表現型のシステム医学、脊椎動物の神経回路形成機構、および植物のエピジェネティック制御に関する総合的な研究を行っている。

新分野創造センター

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、研究共同体の中で重要な役割を果たす人材を育成する。

系統生物研究センター

独自に開発・収集したマウス、ゼブラフィッシュ、ショウジョウバエ、イネ、原核生物の実験系統など有用な生物遺伝資源に立脚して、特色のある先端的研究を推進している。

構造遺伝学研究センター

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。

生命情報研究センター

生命情報学の拠点として、情報処理技術を駆使して生命現象の解明を目指した発見研究と生命科学の推進のための技術開発を行っている。

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。

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。¹³⁷Csを線源としたガンマー線照射装置を備えている。

生物遺伝資源センター

生命科学を先導する様々なバイオリソースを開発し、それらの維持と国内外の大学や研究機関への分譲を行っています。関連情報は、データベース化して世界中に公開しています。また、文部科学省のナショナルバイオリソースプロジェクトにも参加しています。

先端ゲノミクス推進センター

学術分野における超大規模ゲノム情報研究推進の中核として先端ゲノミクス研究を進めるとともに、次世代型ゲノム情報解析パイプラインの提供等による共同利用・共同研究を推進する。

DDBJセンター

DDBJ(DNA Data Bank of Japan)論文や特許を通じて公知にされるDNAデータを網羅し、世界公共財として維持管理する国際学術事業を米国GenBank欧州EMBLとの3者協力で行っている。また遺伝研スーパーコンピュータの設計維持管理を行い、解析ツールや環境を広く提供するとともに巨大データを扱うための技術や機器の評価を行い生命系への取り込みに努めている。

情報基盤ユニット

研究所全体に関わる所内ネットワークの管理や情報セキュリティ対応支援などを行う。運営については電子計算機委員会の下に行う。

マウス研究支援ユニット

マウスを用いた研究のサポートを目的として、施設管理と共に、マウス供与・胚凍結・マウスクリーニングトランスジェニックマウス作製などを行う。

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 roles of genes and cells during various biological phenomena of animals including development and behavior by using model organisms, 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

By integrating various approaches in genetics, we study systems medicine on complex human traits, neural network formation of vertebrates, and epigenetic controls of plants.

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.

Genetic Strains Research Center

This center promotes forefront researches of life science based upon unique bioresources of mice, Zebra fishes, Drosophila, rice and microorganisms, which are developed and collected by this center.

Structural Biology Center

This center was founded 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

Develop the technologies and resources to make the massive data available, useful and meaningful for the domain. Also conducts some wet or dry experiments for knowledge discovery.

Experimental Farm

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

Radioisotope Center

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

Genetic Resource Center

The center develops, preserves forefront bioresources of various organisms, and distributes them to domestic and overseas universities and institutes. The related information is open to the public through the databases. The center participates actively in "National BioResource Project (NBRP)" of MEXT of Japan.

Advanced Genomics Center

This Center is planned to conduct most advanced genomic researches and to provide resources based on new-generation sequencing pipeline to the community.

DDBJ Center

One of the three inlet for INSD (International Nucleotide Sequence Database; a.k.a. DDBJ/EMBL/GenBank) as well as one of the three primary data outlet of INSD. The center also hosts the NIG supercomputer for the public research use. In respond to the data deluge, the researchers and engineers evaluates new technologies and machines to handle and process Big Data.

IT Unit

Responsible for the maintenance of computer network and information security issues relevant to whole institute. The IT Unit will be operated under the supervision of the Computer Committee.

Mouse Research Supporting Unit

In order to facilitate mouse research in NIG, the unit provides live mice, and undertakes experiments such as embryo freezing, in vitro fertilization, mouse cleaning, and transgenic production.



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



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



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



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

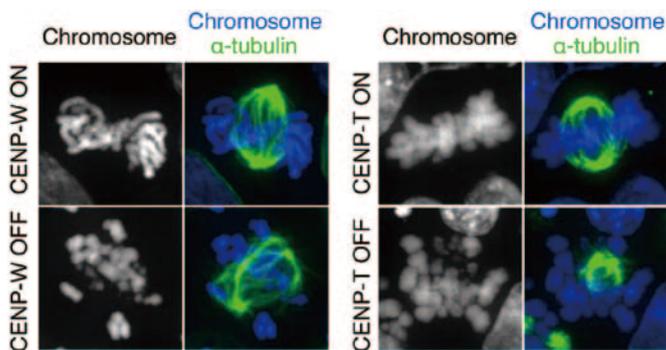


染色体構造と機能

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（動原体）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。興味深いことに、セントロメア領域は、DNAの一次配列とは無関係なエピジェネティックな分子機構によって規定されます。

私たちの研究室では、キネトコアが規定され、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。



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 α -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. Chromosome was counterstained with DAPI (Blue). Control cells show the normal staining pattern for α -tubulin (upper two panels). Mis-aligned hypercondensed chromosomes at the metaphase plate were detected in CENP-W- and CENP-T-deficient cells.

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 specification, 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 clarify 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 organismal context, we are using mice genetics approach.

Nishino, T., Takeuchi, K., Gascoigne, K.E., Suzuki, A., Hori, T., Oyama, T., Morikawa, K., Cheeseman, I.M., Fukagawa, T. (2012) CENP-T-W-S-X Forms a Unique Centromeric Chromatin Structure with a Histone-like Fold. *Cell* **148**, 487-501.

Gascoigne, K.E., Takeuchi, K., Suzuki, A., Hori, T., Fukagawa, T., and Cheeseman, I.M. (2011). Induced Ectopic Kinetochore Assembly Bypasses the Requirement for CENP-A Nucleosomes. *Cell* **145**, 410-422.

Suzuki, A., Hori, T., Nishino, T., Usukura, J., Miyagi, A., Morikawa, K., and Fukagawa, T. (2011). Spindle microtubules generate tension-dependent changes in the distribution of inner kinetochore proteins. *J. Cell Biol.* **193**, 125-140.

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.

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.

山尾研究室 Yamao Group

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



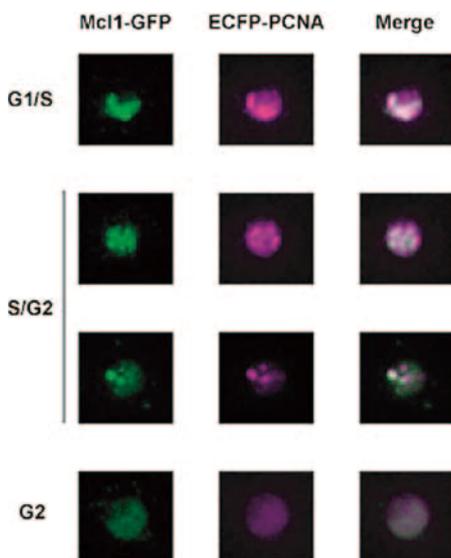
山尾文明
教授 理博
YAMAOK Fumiaki
D. Sc., Professor



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から、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として、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。そのために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.

Carvalho, A. F., Pinto, M. P., Grou, C. P., Vitorino, R., Domingues, P., Yamao, F., Sá-Miranda, C. and Azevedo, J. E. (2011). High-Yield Expression in Escherichia coli and Purification of Mouse Ubiquitin-Activating Enzyme E1. *Mol Biotechnol.* 2011 Oct 20. [Epub ahead of print]

Akai, Y., Kurokawa, Y., Nakazawa, N., Tonami-Murakami, Y., Suzuki, Y., Shige H., Yoshimura, S. H., Iwasaki, H., Shiroya, Y., Nakamura, T., Shibata, E and Yanagida, M. (2011) Opposing Role of Condensin Hinge against RPA in Mitosis and Interphase through Promoting DNA Annealing. *Open Biology* (rsob.110023)

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 α 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

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

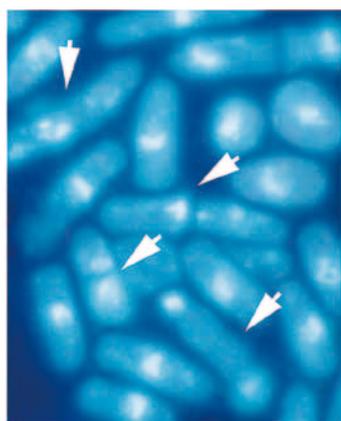


ユビキチン・システムによる細胞周期制御機構

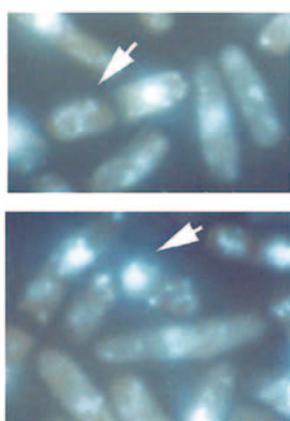
蛋白質の機能はその合成、翻訳後修飾に加えて分解によって制御されています。ユビキチン・プロテアソーム・システムは細胞内の蛋白質分解制御において重要な役割を担っています。ここ10年の間にユビキチン・プロテアソーム・システムが多岐にわたる生命現象に密接に関わることが明らかになってきました。私はユビキチン・プロテアソーム・システムと細胞機能、特に細胞周期制御との関係を遺伝学的解析の方法の確立した分裂酵母を用いて解析しています。現在、ユビキチン転移酵素に焦点を当て、細胞分裂期の進行に重要な機能を持つユビキチン転移酵素を2つ同定し、その機能を解析しています。解析の結果、分裂期にユビキチン化される標的蛋白質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

図一 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 - 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.

Earnshaw研究室 Earnshaw group



アーンショウ, ウィリアム C.
客員教授 (ウエルカムトラスト主任研究者, エジンバラ大学教授)
EARNSHAW, William C.
Visiting Professor (Principal Research Fellow of the Wellcome Trust, Professor of Chromosome Dynamics, The University of Edinburgh)

Marko研究室 Marko Group

<http://markolab.bmbcb.northwestern.edu/marko/>



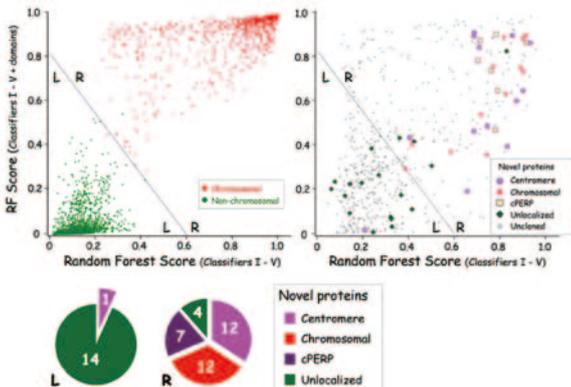
マルコ, ジョン F.
客員教授 (米国ノースウェスタン大学教授)
MARKO, John F.
Visiting Professor (Professor, Departments of Molecular Biosciences and Physics & Astronomy, Northwestern University, Evanston IL)

分裂期染色体の機能と構造に関する研究

「分裂期染色体やキネトコアを構成する構造タンパク質に実体は何であるか?」、「キネトコア集合のためにクロマチンのエピジェティック制御がどのようにはたらいているのか?」、「染色体パッセンジャー複合体(CPC)が細胞分裂をどのように制御しているのか?」の3つの研究プロジェクトを行なっている。1つ目の課題では、Juri Rappsilber との共同研究によって、プロテオミクスとバイオインフォマティクスを融合させ、新規染色体タンパク質の機能同定や、クローン化されていない100近いキネトコアタンパク質の同定に成功している。2つ目の課題では、人工染色体(HAC)のキネトコア上のヒストン修飾を解析することでヒストンH3のK4のメチル化がキネトコア維持に重要であることを見いだした。3つ目の課題では、遺伝学手法を用いてCPCの解析を行い、INCENPがAuroraBカインースの活性を制御して、この活性の向上が細胞分裂の進行に必須であることを明らかにした。

Studies of mitotic chromosome structure and function

We study three questions: What are the structural proteins of the mitotic chromosome and kinetochore? How does chromatin provide an epigenetic landscape permissive for kinetochore assembly? How does the chromosomal passenger complex (CPC) regulate mitosis? In collaboration with Juri Rappsilber we used a novel approach combining proteomics, microarray and bioinformatic analyses to group known and unknown chromosomal proteins into functional clusters. We correctly predicted the functions of two novel chromosomal proteins and predicted based on an unbiased machine-learning analysis that nearly 100 novel kinetochore proteins remain to be cloned. Epigenetic engineering of the kinetochore chromatin environment in a synthetic human artificial chromosome (HAC) revealed that the histone modification H3K4me2 is essential for kinetochore maintenance. H3K4me2 probably provides a chromatin ‘memory’ promoting low-level transcription of the kinetochore. Lastly, genetic studies of the CPC revealed that INCENP can act as a rheostat to control the levels of Aurora B kinase activity and that increasing levels of this activity are required during mitotic progression.



図一左: Random Forest 解析によって染色体タンパク質 (赤) と非染色体タンパク質が分離している。右および下の円図: 約50の機能未知のタンパク質の局在を GFP 融合タンパク質として発現させ解析した結果、90%以上の確率で Random Forest 解析で得られた予想と一致した。Random Forest 解析は、Rappsilber 研究室の imi-Carlo Bukowski-Wills によって行われた。

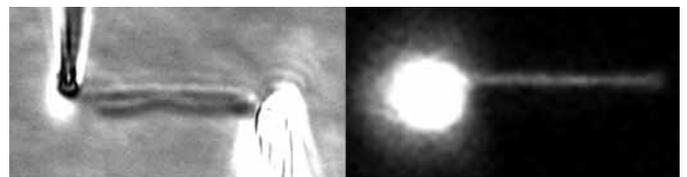
Figure - Left: Random Forest (RF) machine learning analysis separates training sets of chromosomal (red) from non-chromosomal (green) proteins. Right: Fifty unknown proteins run through the RF analysis were cloned and tagged with GFP. This analysis has an >90% ability to separate chromosomal from non-chromosomal proteins as shown in the pie charts (Lower). Random forest analysis performed by Jimi-Carlo Bukowski-Wills in the Rappsilber lab.

DNAの作り出す高次構造の物理学

細胞内でのゲノムDNAの読み見出し、修復、複製、分配のプロセスは、DNAの高次構造レベルでの再構築が関与しており、力学的な見地からのみ完全に理解できると考えられる。私たちのグループでは、DNA-蛋白質の相互作用やDNAの折り畳み構造を、ナノメートルレベル・ピコニュートンレベルでの微細操作によって物理的に調べている。具体的には「磁気ピンセット」技術を用いて、蛋白質によるDNAの折り畳みを力学的応答によって調べたり、1個の染色体を細胞の超微細顕微手術により単離し、微小な力学測定をおこなっている。主な研究対象は、染色体の高次構造や、染色体に必須なSMC蛋白質複合体の機能、ヌクレオソームのダイナミクス、トポイソメラーゼやリコンビナーゼの作用機序、蛋白質のDNAに対する結合解離の速度論的解析などである。

Physics of large-scale DNA organization

Research Description
The processes by which chromosomes are read, repaired, duplicated and segregated in cells involve large-scale physical reorganizations that can only be fully understood in terms of driving forces and mechanical responses. Our group is focused on the use of nanometer-scale position and piconewton-scale force measurements to analyze the interactions of proteins with DNA and to study large-scale chromosome folding. We use single-molecule “magnetic tweezers” techniques to analyze folding and processing of individual DNA molecules by proteins via studies of response of protein-DNA complexes to forces and supercoiling, and we also isolate individual chromosomes using cell microsurgery for micromechanical experiments. Main directions for our research include studies of large-scale chromosome structure, functions of SMC protein complex, dynamics of nucleosomes in chromatin, mechanisms of topoisomerases and recombinases, and kinetic pathways for protein binding, unbinding, and target search on DNA.



図一左: ヒト分裂期染色体の微細操作。Sun et al, Phys. Biol. (2011)。右: 48.5kbのラムダDNA分子に結合した細菌の染色体蛋白質である gfp-Fis を磁気粒子で引っ張っている。Graham et al, Nucl. Acids Res. (2011)。

Figure - Left: Micromanipulation of human metaphase chromosome. Sun et al, Phys. Biol. (2011). Right: 48.5 kb -DNA molecule bound by gfp-Fis, a bacterial chromosome protein, pulled by magnetic particle. Graham et al, Nucl. Acids Res. (2011). Photo: enclosed as separate file

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



赤松由布子
助教 博士(理学)
AKAMATSU, Yufuko
D. SC., Assistant Professor



若返りの分子生物学

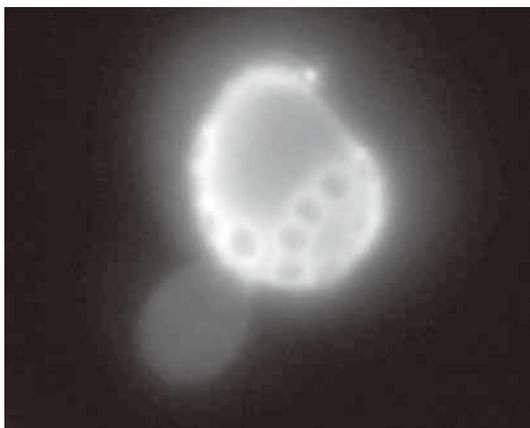
生物は世代交代を繰り返しながら生命の連続性を維持しています。その過程で、それぞれの個体は老化し細胞のほとんどは死んでしましますが、生殖細胞や幹細胞といった細胞を生み出す元となる細胞は生き延び、種の維持、個体の再生に働いています。当研究室ではこのような「死なない」細胞の維持機構を、ゲノムDNAに注目して研究しています。

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、また長い糸状構造のため物理的な力にも弱く切れやすい性質があります。そのためゲノムを安定に保つにはDNAを修復する機構が重要な役割を担っています。

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。染色体の末端に存在するテロメアやゲノムの約10%を占める反復配列リボソームRNA遺伝子(rDNA)はその代表例です。当研究室の最近の研究により「死なない」細胞では、そのような「危うい」領域が重点的に修復されてゲノム全体が安定に維持され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. 細胞再生の分子機構



図一 若返りの瞬間

出芽酵母は分裂時に若返りを起こし、再生された娘細胞を生み出します(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回の分裂後死んでしまいます。母細胞の丸い輪は娘細胞を生んだ痕で「スカー」と呼ばれています。

Figure - The Moment of Rejuvenation

The 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 life cycle, though most of cells age to die, germ and stem line cells are kinds of “immortal” cells, and maintain species and individuals. 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 genomic information is sensitive to ultra violet and chemicals. In addition, due to its filamentous structure, DNA is subject to physical shearing.

In eukaryotic cells, the genomic DNA 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 identified that the repeat is intensively repaired and recovered the capability of cell division in immortal cells.

Research themes

- 1, Mechanisms to maintain the genome stability
- 2, The relationship between genome stability, cellular aging and tumorigenesis

Miyazaki, T., and Kobayashi T. (2011). Visualization of the dynamic behavior of ribosomal RNA gene repeats in living yeast cells. *Genes Cells* **16**, 491-502.

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

Akamatsu, Y., and Jasin, M. (2010). Role for the Mammalian Swi5-Sfr1 Complex in DNA Strand Break Repair through Homologous Recombination. *PLoS Genet.* **6**, e1001160.

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 anti-sense transcription. *Mol. Cell* **31**, 178-189.

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

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, Hiroaki
D. Sc., Professor



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



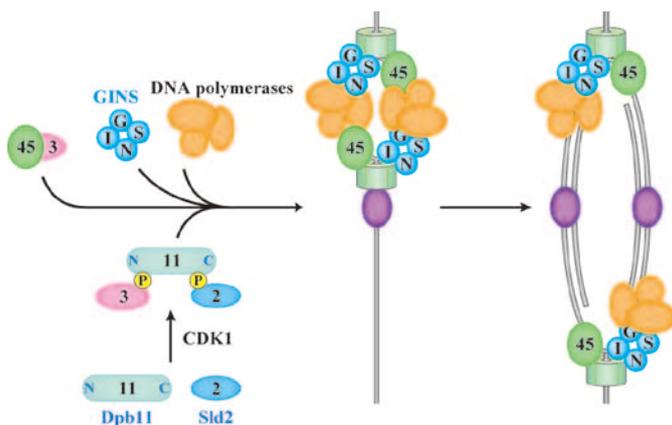
日詰光治
助教 博(理)
HIZUME, Kohji
D. Sc., Assistant Professor



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.

Tanaka, S., Nakano, R., Katou, Y., Shirahige, K., and Araki, H. (2011). Origin association of Sld3, Sld7, and Cdc45 proteins is a key step for determination of origin-firing timing. *Curr Biol* **21**, 2055-2063.

Tanaka, S. and Araki, H. (2011) Multiple regulatory mechanisms to inhibit untimely initiation of DNA replication are important for stable genome maintenance. *PLoS Genet* **7**, e1002136 (1-16).

Tanaka, T., Umemori, T., Endo, S., Muramatsu, S., Kanemaki, M., Kamimura, Y., Obuse, C., and Araki, H. (2011). Sld7, an Sld3-associated protein required for efficient chromosomal DNA replication in budding yeast. *EMBO J* **30**, 2019-2030.

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

Suzuki, Y., Higuchi, Y., Hizume, K., Yokokawa, M., Yoshimura, S.H., Yoshikawa, K., and Takeyasu, K. (2010). Molecular dynamics of DNA and nucleosomes in solution studied by fast-scanning atomic force microscopy. *Ultramicroscopy* **110**, 682-688.

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.

Boccard 研究室 Boccard Group

上田研究室 Ueda Group

<http://www.cdb.riken.jp/lbb/jpn/index.html>

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
Visiting Professor (Directeur de recherche, Centre de Genetique Moleculaire du CNRS)



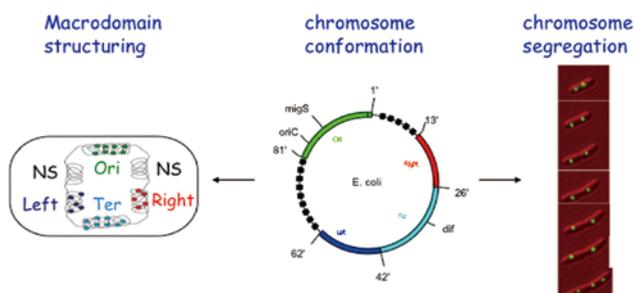
上田泰己
客員教授 (理研 CDB プロジェクトリーダー)
UEDA, Hiroki
Visiting Professor (Project Leader, RIKEN Center for Developmental Biology)

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

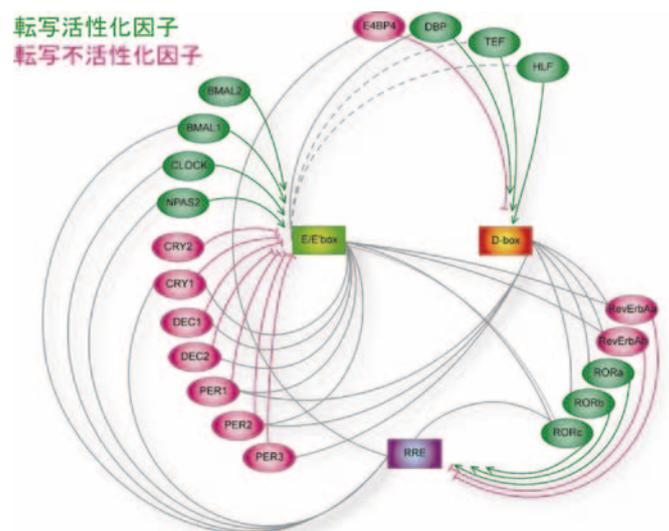
Figure - Conformation and dynamics of the bacterial chromosome

「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

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。

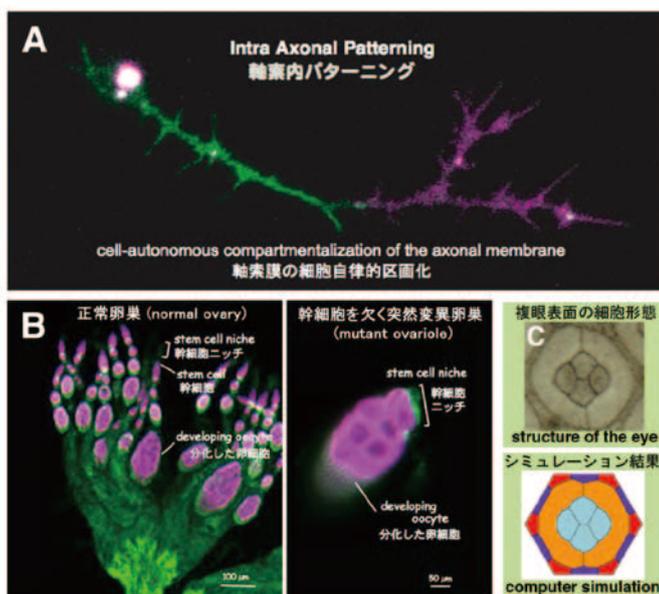


図 1 (A) 神経細胞。軸索が区画化されている。(B) 正常卵巣と幹細胞が形成されない突然変異体の卵巣。(C) 複眼の構造(上)と力学モデルに基づいたシミュレーション結果(下)。

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., Joshi, R., Ailani, D., Hiromi, Y. (2011). Compartmentalization within neurites: its mechanisms and implications. *Dev. Neurobiol.* **71**, 458-473.

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.

Hiramoto, M. and Hiromi, Y. (2006). ROBO directs axon crossing of segmental boundaries by suppressing responsiveness to relocalized 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**, 647-652.

浅岡美穂 (2010). ショウジョウバエ配偶子幹細胞とニッチ. *細胞工学* **29**, 638-644.

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



ヒドラの行動、生理機能発現機構の進化生理学的解析

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大多数である。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(Shimizu et al., 2003; Shimizu et al., 2004)、それらを制御する神経系の機能が、高等動物を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)。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において、部域に依存して異なる消化運動、機能を示すいわゆる領域化がすでに認められ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.

Analysis of behavioral and physiological mechanisms in Hydra in terms of evolutionary physiology

Physiology is the science of the functioning of living systems and deals with digestive, circulatory, excretory and other functions. 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. (2012). Transplantation analysis of developmental mechanisms in Hydra. *Int. J. Dev. Biol.* (in press).

Takaku, Y., Shimizu, H., Fujisawa, T. (2011). Microtubules are involved in regulating body length in hydra. *Dev. Biol.* **350**, 228-37.

Kawaida, H., Shimizu, H., Fujisawa, T., Tachida, H., Kobayakawa Y. (2010). Molecular phylogenetic study in genus Hydra. *Gene* **468**, 30-40.

Shimizu, H., 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

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

岩里研究室 Iwasato Group

<http://homepage3.nifty.com/iwasato/>



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

哺乳類の脳がも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。その発達と機能を、分子から動物個体まで統合的に理解することを目的に、最先端のマウス遺伝学に、組織学、in vivo イメージング(2光子励起顕微鏡)、子宮内胎仔脳電気穿孔法、行動解析など幅広い技術を適用し解析をすすめています。主に、以下の二つの相互に関連したテーマに取り組んでいます。

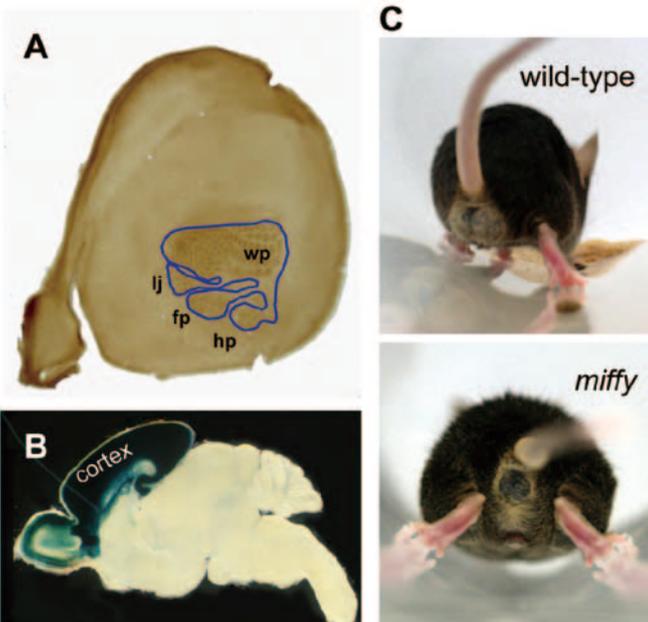
1. 脳の正常な発達には、子どもの時期に外界から適切な刺激を受けることが重要です。その仕組みの分子、細胞レベルでの解明に、マウス類の体性感覚野にみられる特徴的な組織学的構造である「バレル」を主要なモデルとして取り組んでいます。
2. 神経回路の発達と機能において、アクチン細胞骨格の制御は重要ですが、その機構はほとんど不明です。我々は最近、 α キメリンによるアクチン制御が運動系神経回路形成において重要な役割を担うことを発見しました。 α キメリンは、その発現パターンや生化学的性質から、神経回路の発達と機能の幅広い局面で重要な働きをすることが期待されます。マウス遺伝学を用いて、その解明を目指しています。

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, we are studying mechanisms of development and function of mammalian neuronal circuits.

Specific Aims:

- 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 cutting-edge technologies in mouse genetics.
- In development and function of neuronal circuits, signaling from cell surface receptors to actin cytoskeleton plays important roles. However, these mechanisms are poorly understood. We previously found that, in axon guidance of two major motor-circuits, α -chimerin Rho family GTPase activating protein (Rho-GAP) regulates actin dynamics as an unexpected key mediator of ephrinB3-EphA4 forward signaling. Our recent work further revealed that α -chimerin is important for wider ranges of neuronal circuit development and function. We are currently focusing on roles of α -chimerin in function and morphology of hippocampus circuits.



図一 (A) マウス大脳皮質第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」。1個のバレルは1本のヒゲからの入力のみを受ける。(B) 大脳皮質特異的にCre組換え酵素を発現するマウスの開発。(C) α キメリン変異マウス(miffy)は、運動系神経回路が左右混線しているため、両足をそろえて歩く。

Figure—(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 α -chimerin mutant (miffy) mouse.

Iwasato, T., Inan, M., Kanki, H., Erzurumlu, R.S., Itohara, S., 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. & Itohara, S. (2007). Rac-GAP α -chimerin regulates motor-circuit formation as a key mediator of ephrinB3/EphA4 forward signaling. **Cell** 130, 742-753.

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. 158-182.

岩里琢治(2011)マウス逆遺伝学により明らかになる行動-神経回路-遺伝子. 行動遺伝学入門. 小出剛, 山元大輔編集(裳華房) 111-124

岩里琢治(2011)体性感覚系神経回路発達に異常のある変異マウス. モデル動物利用マニュアル. 三品昌美編集(株式会社エル・アイ・シー.) 162-172.

川上研究室 Kawakami Group

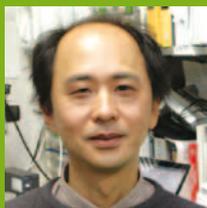
http://kawakami.lab.nig.ac.jp/



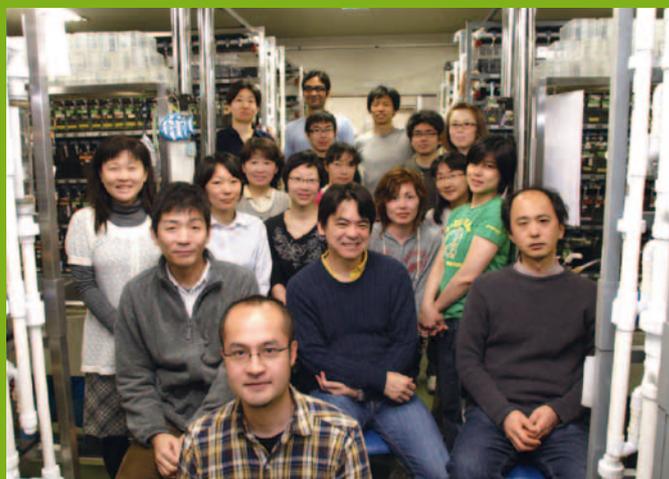
川上浩一
教授 理博
KAWAKAMI, Koichi
D. Sc., Professor



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



武藤 彩
助教 博(理)
MUTO, Akira
D.Sc., Assistant Professor

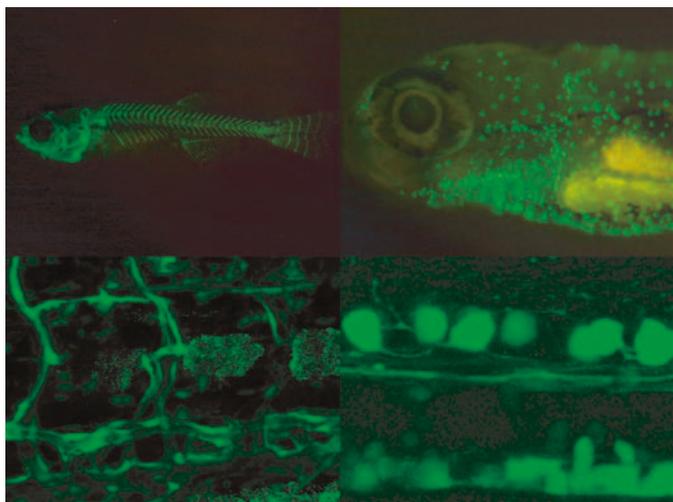


ゼブラフィッシュ高次生命現象の遺伝学的解析

小型熱帯魚ゼブラフィッシュ (*Danio rerio*) は、脊椎動物の発生・器官形成・行動等の複雑な生命現象を遺伝学的に研究するための優れたモデル動物です。しかしながら、比較的新しいモデル動物であるため、1990年代には効率の良いトランスジェネシス法やトランスポゾン技術が開発されていませんでした。

我々は、メダカ Tol2 因子が自律的トランスポゾンであることを明らかにし、Tol2 を用いてトランスジェニックゼブラフィッシュを効率よく作製する方法の開発に成功しました。さらに、ゼブラフィッシュにおける遺伝子トラップ法・エンハンサートラップ法・Gal4-UAS 法の開発に世界にさきがけて成功してきました。これらの方法により、さまざまな組織・細胞・器官で、GFP や酵母転写因子 Gal4 を発現するトランスジェニックフィッシュの大規模な作製が可能になりました。

我々はこれらの方法を駆使して、脊椎動物の行動や、学習・記憶などの脳のはたらきを制御する神経回路および分子メカニズムを明らかにしようとしています。我々は、脳や脊髄の特定の神経回路に Gal4 を発現するトランスジェニックフィッシュを多数作製し、Gal4-UAS 法によりそれら神経回路の機能を阻害し、行動異常の解析を行っています。また、カルシウムイメージングによりそれら神経回路の活動を可視化する研究を精力的に行っています。



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. However, there had not been an efficient transgenesis method and a transposon technology. We identified an autonomous member from the medaka fish Tol2 transposable element, and developed a highly efficient transgenesis method for the first time in zebrafish. Further, we successfully developed the gene trap and enhancer trap methods and the Gal4-UAS method. By using these methods, we created a large number of 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 studies of developmental biology and neuroscience. We have applied these methods to the study of neuroscience. By using transgenic fish that express Gal4 in specific neural circuits and the Gal4-UAS system, we visualize structures of specific neural circuits, inhibit their functions and detect their activities by calcium imaging. Thus, studies that aim to understand molecular and cellular mechanisms underlying complex behaviors of a vertebrate are currently ongoing in our laboratory.

Asakawa, K., Higashijima, S., and Kawakami, K. (2012) An *mnr2b/hlx-b9lb* enhancer trap line that labels spinal and abducens motor neurons in zebrafish. *Developmental Dynamics* **241**, 327-332

Suster, M.L., Abe, G., Schouw, A., and Kawakami, K. (2011) Transposon-mediated BAC transgenesis in zebrafish. *Nature Protocols* **6**, 1998-2021

Muto, A. et al. (2011) Genetic visualization with an improved GCaMP calcium indicator reveals spatiotemporal activation of the spinal motor neurons in zebrafish. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **108(13)**, 5425-5430

Kawakami, K. et al. (2010) zTrap: zebrafish gene trap and enhancer trap database. *BMC Developmental Biology* **10**, 105

Agetsuma, M. et al. (2010) The habenula is crucial for experience-dependent modification of fear responses in zebrafish. *Nature Neuroscience* **13**, 1354-1356

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

Asakawa, K. et al. (2008) Genetic dissection of neural circuits by *Tol2* transposon-mediated Gal4 gene and enhancer trapping in zebrafish. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **105**, 1255-1260

Nagayoshi, S. et al. (2008) Insertional mutagenesis by the *Tol2* transposon-mediated enhancer trap approach generated mutations in two developmental genes: *tcf7* and *synembryn-like*. *Development* **135**, 159-169

Stern研究室 Stern Group

<http://www.princeton.edu/~dstern/>



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

Furlong研究室 Furlong Group

<http://furlonglab.embl.de/>



ファーロング, アイリーン
客員教授(EMBLゲノム生物学ユニット長)
FURLONG, Eileen
Visiting Professor (Joint Head of Unit and Senior Scientist, EMBL)

形態と行動の進化の遺伝的要因

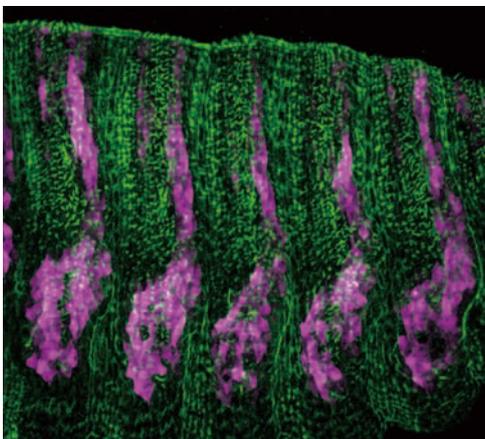
私たちの目標は形態と行動の多様性を作り出した遺伝子とその中の変異座位を見いだすことです。形態、生理、行動や生態に大きな違いがあるキョウジョウバエグループのいくつかの種を対象にし、形質進化の分子生物学的解析のためのゲノムリソースや遺伝学的ツールを開発しています。

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.

発生における転写調節ネットワーク

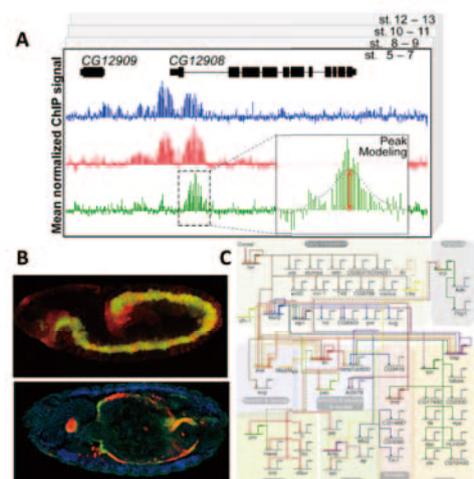
個体発生を駆動するのは、時間・空間的に決まった複雑なパターンでおこる遺伝子発現です。遺伝子発現は、遺伝子の cis 調節領域にシグナルや転写ネットワークが集約されることで開始されます。エンハンサーの機能解明は多細胞生物の発生とその進化を理解するうえできわめて重要です。

私たちは、ショウジョウバエをモデル系に使って、胚発生における細胞運命の決定を司る転写の調節原理を明らかにすることを目指しています。そのために、エンハンサーの作用機構や転写因子の分布がクロマチン状態をどのように規定するかを研究し、遺伝子調節ネットワークが発生を制御する機構やネットワークに加えられた摂動が発生に与える異常を解析しています。遺伝的手法に機能ゲノミクスや数理生物学的手法を組み合わせ、転写や発生の進行を予言する事を可能にするモデルを作成しています。

Transcriptional control during development

Development is driven by complex patterns of gene expression at precise times and spatial domains. Although a number of mechanisms fine-tune expression states, it is initiated through the integration of signalling and transcriptional networks converging on cis-regulatory enhancer elements. Understanding how enhancers function is therefore central to understanding metazoan development and evolutionary change.

The aim of our research is to understand the underlying regulatory principles of transcription driving cell fate decisions during embryogenesis, using *Drosophila* as a model system. This includes studies of the mechanism of enhancer function and the interplay of transcription factors and chromatin state, as well as studies of how gene regulatory networks control development and how network perturbations lead to specific phenotypes. To address this we integrate functional genomic, genetic and computational approaches to make predictive models of transcription and developmental progression.



図一 A: エンハンサー上の転写因子の分布, B: エンハンサー活性 (GFP レポーターの発現), C: ネットワーク活性

Figure - A: Enhancer occupancy by transcription factors, B: Enhancer activity (GFP reporter expression), C: Network activity

齋藤研究室 Saitou Group

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



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



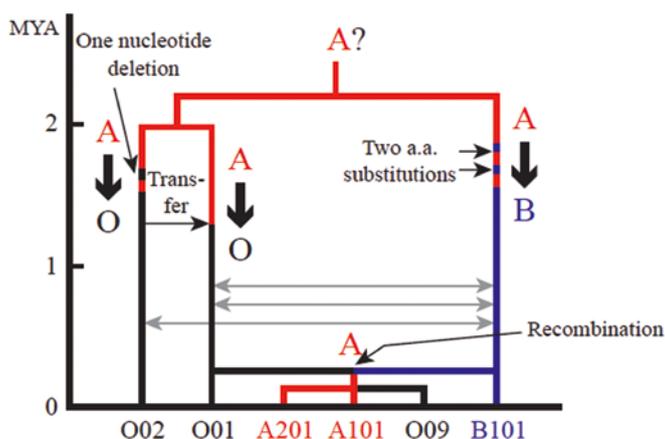
隅山健太
助教 博(理)
SUMIYAMA, Kenta
D. Sc., Assistant Professor



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。特にヒトにいたる霊長類と哺乳類の進化に興味がある。われわれの研究テーマは以下のように多岐にわたっている。

- 各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、系統独自の变化をゲノムデータの大規模比較により解析している。
- 人類集団のDNA解析:現代人の遺伝的近縁関係をアジアを中心に調べている。古代DNA解析も進めている。
- 塩基配列解析法の開発:高速でバクテリアゲノム規模の多重整列を行なうシステムMISHIMAを開発した。
- 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。



図一 ABO式血液型A型遺伝子の組換えによる復活。Kitano et al. (2012)より。

Figure - Resurrection of ABO blood group gene A allele via recombination. From Kitano et al. (2012).

Evolution of organisms at genomic level

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

- Analysis of genome evolution: We study lineage-specific evolutionary changes at different levels of organism groups, such as vertebrates, mammals, primates, and human.
- DNA analysis of human populations: We study genetic affinities of modern humans with special reference to those in Asia. We also proceed ancient DNA analysis.
- Development of nucleotide sequence analysis methods: We developed new system MISHIMA which can multiply align many bacterial genome-size sequences.
- Evolution of developmental regulation: We are studying evolution of cis-control elements 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 primate species.

Takahashi, M., and Saitou, N. (2012) Identification and characterization of lineage-specific highly conserved noncoding sequences in mammalian genomes. *Genome Biol. Evol.* 4 (in press).

Kitano, T., Blancher, A., and Saitou, N. (2012) The functional A allele was resurrected via recombination in the human ABO blood group gene. *Mol. Biol. Evol.* 29 (in press).

Sumiyama, K., and Saitou, N. (2011) Loss-of-function mutation in a repressor module of human-specifically activated enhancer HACNS1. *Mol. Biol. Evol.* 28, 3005-3007.

Ezawa, K., Ikeo, K., Gojobori, T., and Saitou, N. (2011) Evolutionary patterns of recently emerged animal duplugs. *Genome Biol. Evol.* 3, 1119-1135.

Suzuki, R. and Saitou, N. (2011) Exploration for functional nucleotide sequence candidates within coding regions of mammalian genes. *DNA Res.* 18, 177-183.

Matsunami, M., Sumiyama, K., and Saitou, N. (2010) Evolution of conserved non-coding sequences within the vertebrate Hox clusters through the two-round whole genome duplications revealed by phylogenetic footprinting analysis. *J. Mol. Evol.* 71, 427-436.

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.

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.
OSADA, Naoki
Ph. D. Assistant Professor



集団遺伝とゲノム進化

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。

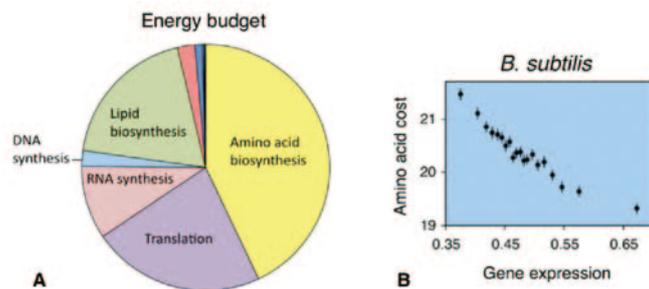


図 1 A) バクテリアでの生合成にかかるエネルギーの割合。バクテリアの細胞では約75%のエネルギーがタンパク質合成に使われています (Neidhardt et al. 1990)。B) エネルギーコストに関わるタンパク質の進化。枯草菌のゲノムを見てみると、量の多いタンパク質はコストの安いアミノ酸を使って合成されていることが分かります。

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.

Population genetics and 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.

Osada, N., and Akashi, H. (2012). Mitochondrial-Nuclear Interactions and Accelerated Compensatory Evolution: Evidence from the Primate Cytochrome c Oxidase Complex. **Mol Biol Evol** 29, 337-346.

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 time-scale 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.

von Haeseler 研究室 von Haeseler Group



フォン ヘーゼラー, アーント
客員教授(ウイーン統合バイオインフォマティクスセンター・センター長)
von HAESLER, Arndt
Visiting Professor (Scientific Director of the Center for Integrative Bioinformatics Vienna)

Clark 研究室 Clark Group

<http://mbg.cornell.edu/cals/mbg/research/clark-lab/index.cfm>



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.
Visiting Professor (Professor, Cornell University)

進化バイオインフォマティクス

当研究室では、現在のゲノムを形作った進化的な力を研究しています。

- 系統推定のためのアルゴリズムやモデルを開発しています。それらをもとにして、平行・分散環境における効果的なプログラムを開発しています。それらの応用として、動物と菌類の進化史を研究しています。
- 最近になって、我々は系統樹に依存した塩基置換行列で進化過程を記述する配列進化の新しい観点を提唱しました。この1ステップ突然変異行列は、モデルで使われている仮定の妥当性を検定したり、整列中から他とは異なる進化をしている領域を検出したり、あるいは配列進化で通常用いられるマルコフモデルからの逸脱を与えるシミュレーションにも用いることができます。
- 私たちは、大量塩基配列データの解析にもとりかかっています。これらのデータの質をコントロールしたり、これらのデータを解析するための効率的なアルゴリズムやデータ構造を開発しています。

Evolutionary Bioinformatics

My group studies the evolutionary forces that have shaped contemporary genomes.

- We develop algorithms and models for phylogenetic inference. The development of such approaches is complemented by an efficient implementation using parallel and distributed computation.
As an application of phylogenetic inference we are investigating the evolutionary history of animals and fungi.
- More recently, we have suggested a fresh view of sequence evolution that describes the evolutionary process in terms of tree dependent substitution matrices. These so-called one-step mutation matrices can be used to test the validity of model assumptions, to detect regions in an alignment, where evolution deviates from the rest and also to a simulation tool that introduces well controlled deviations from typical markov-models for sequence evolution.
- More recently, we started to work on the analysis of deep sequencing data. We are interested in approaches to control the quality of such data as well as in efficient algorithms and data structures to analyze the data.

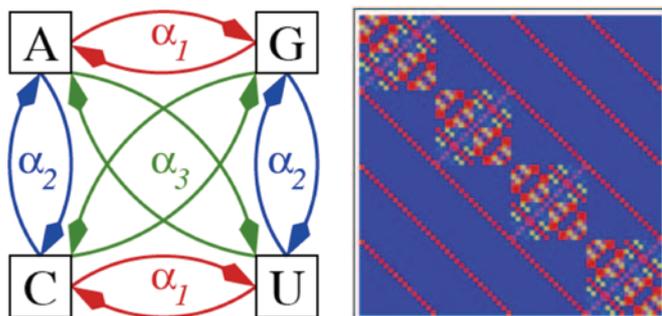


図 1 - 左: 3配列に対する1ステップ突然変異行列 右: 木村の3変数モデル
Figure - One step mutation matrix (left) for a three taxa tree and the Kimura 3-parameter model (right)

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.

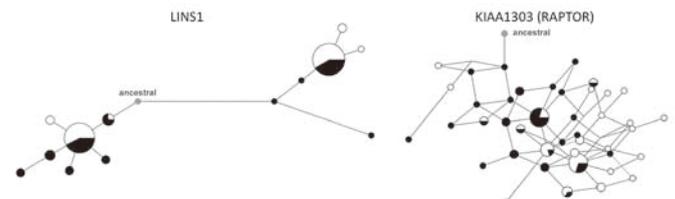


図 2 - 平衡淘汰にあるヒト遺伝子のハプロタイプネットワーク
丸は各ハプロタイプを表しています。黒はアフリカ系アメリカ人、白はヨーロッパ系アメリカ人の割合です。枝の長さは SNP の数に比例しています。祖先型のハプロタイプはチンパンジーから推定されました。Andres et al. Mol. Evol. Biol. 2009より

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

井ノ上研究室 Inoue Group

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



井ノ上逸朗
教授 医博
INOUE, Ituro
M. D., Professor



細道一善
助教 博(農)
HOSOMICHI, Kazuyoshi
D. Ag., Assistant Professor

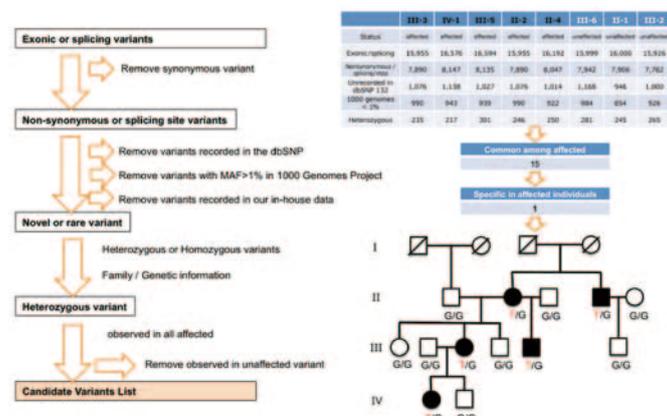


高次表現型とゲノム情報を結合したシステム医学研究

本研究室はヒトを対象としたゲノム研究をおこなう目的で井ノ上が昨年未だに赴任しスタートしました。ヒト疾患に関連するゲノム医学研究を中心に、病気の成り立ちを進化的な概念で理解する進化医学の進展までを研究対象とし、病気の原因、機序を明らかにし、将来治療に結びつく研究成果を目指します。近年、個人のゲノム配列が次々と決定されており、ゲノム医学研究もパーソナルゲノム時代を迎えています。パーソナルゲノム研究の進展はテーラーメイド医療などのシステム医学への本格的な実用化に直結することから、臨床への貢献が大きい分野です。次世代シーケンサーから産出されるパーソナルゲノム情報と電子カルテ化に基づくデジタル臨床情報を結合することで可能となる genome-phenome 解析を進めます。ゲノム医学研究を対象とする本研究室は東海大学医学部、新潟大学医学部、徳島大学医学部、希少難病患者支援事務局などの外部の医療機関、NPO と連携し、積極的に共同研究を行っています。

当部門では次のようなテーマで研究しています。

- 全エクソンシーケンスによる希少疾患の原因遺伝子同定
- 脳動脈留感受性遺伝子検索
- 男性不妊のゲノム解析
- HLA 領域のハプロイドゲノム配列決定
- ヒト疾患における易罹患性予測モデルの構築
- 統計数理モデルによる Genome-phenome 解析



図一 エクソーム解析から得られた変異を公的データベースや集団内の頻度、影響の大きさのアミノ酸置換などに基づいて絞り込み、疾患原因候補となる変異を検索し、家系内で疾患を説明する変異とその機能解析から原因遺伝子と疾患の発症機序を明らかにする。

Figure - To identify the disease-causing variant in this family, we detected the variants from exome sequencing and narrowed down the candidate variants using public data, amino acid substitution and gene function.

Multi-dimensional phenotype and genome relationship to promote system medicine

Massively parallel sequencing of target regions, exomes, and complete genomes has begun to dramatically increase the opportunities for identifying genetic variants underlying rare and common diseases. Our research interest has been focused on personal genome analysis to elucidate disease causalities which leads to development of therapeutic tool. We have started a long-standing project that investigates genome-phenome relationship by integrating the personal genome information and clinical information. We initially focus on the exome and target re-sequencing, before we initiate to determine the whole personal genome.

The research projects are as follow:

- Exome sequencing to identify the causality of genetic diseases
- Re-sequencing of the entire HLA region for informative polymorphism detection
- Application of statistical model for the understanding of genome-phenome relationships.
- Construction of genetic risk prediction model of complex human disease.

Yoshihara K, et al. High-risk ovarian cancer based on 126-gene expression signature is uniquely characterized by down-regulation of antigen presentation pathway. Clin Cancer Res in press.

Yasuno K, et al. (2011). Common variant near the endothelin receptor type A (EDNRA) gene is associated with intracranial aneurysm risk. Proc Natl Acad Sci USA 108, 19707-19712.

Nakaoka H, Cui T, Oka A, Mitsunaga S, Kashiwase K, Homma Y, Sato S, Suzuki Y, Inoko H, Inoue I. (2011). A systems genetic approach provides a bridge from discovered genetic variants to biological pathways in rheumatoid arthritis. PLoS One 6, e25389.

Yamaguchi T, Hosomichi K, Narita A, Shirota T, Tomoyasu Y, Maki K, Inoue I. (2011). Exome resequencing combined with linkage analysis identifies novel PTH1R variants in a primary failure of tooth eruption in Japanese. J Bone Miner Res 26, 1655-1661.

Yoshihara K, Tajima A, Adachi S, Quan J, Kase H, Yahata T, Inoue I, Tanaka K. (2011). Germline copy number variations in BRCA1-associated ovarian cancer patients. Genes Chromosomes Cancer 50, 167-177.

Akiyama K, Narita A, Nakaoka H, Cui T, Takahashi T, Yasuno K, Tajima A, Kricshek B, Yamamoto K, Kasuya H, Hata A, Inoue I. (2010). Genome-wide association study to identify genetic variants present in Japanese patients harboring intracranial aneurysms. J Hum Genet 55, 656-661.

Nakaoka H, Takahashi T, Akiyama K, Cui T, Tajima A, Kricshek B, Kasuya H, Hata A, Inoue I. (2010). Differential Effects of chromosome 9p21 variation on subphenotypes of intracranial aneurysm: site distribution. Stroke 41, 1593-1598.

Yasuno K, et al. (2010). Genome-wide association study of intracranial aneurysms identifies 5 risk loci. Nat Genet 43, 420-425.

Yoshihara K, et al. (2010). Gene expression profile for predicting survival in advanced-stage serous ovarian cancer across two independent databases. PLoS One 5, e9615.

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



稲垣 宗一
助教 博(農)
INAGAKI, Soichi
D. Agr., Assistant Professor



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

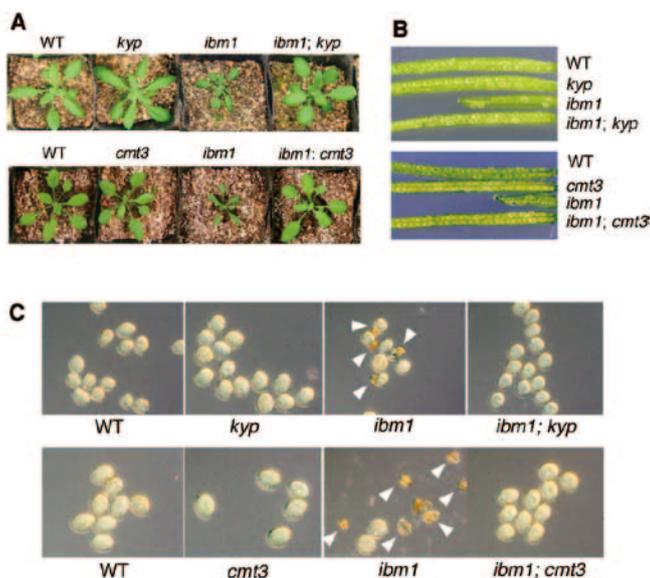
**植物発生とゲノム構造のエピジェネティックな制御**

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., Kawabe, A., Kobayashi, A., Ito, T., Aizu, T., Shin-i, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Tarutani, Y., and Kakutani, T. (2012) Centromere-targeted de novo integrations of an LTR retrotransposon of Arabidopsis lyrata. *Genes Dev* **26**, 705-713

Inagaki, S., Miura-Kamio, A., Nakamura, Y., Lu, F., Cao, X., Kimura, H., Saze, H., and Kakutani, T. (2010). Autocatalytic differentiation of epigenetic modifications within the Arabidopsis genome. *EMBO J.* **29**, 3496-3506.

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.

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.

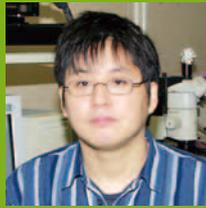
平田研究室

Hirata Group

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



平田たつみ
准教授 博(医)
HIRATA, Tsutsumi
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

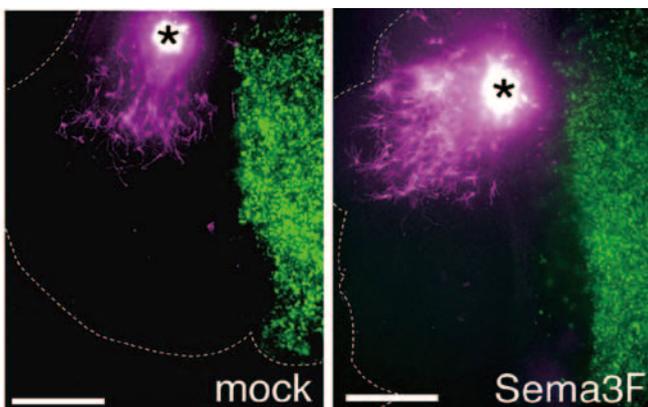
嗅球軸索の道標細胞“lot細胞”は、誕生後、終脳の中を腹側接線方向に長距離移動して、最終目的地へと向かいます。このユニークな細胞移動の機構を解析しています。

●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.

Sato, Y., Mita, S., Fukushima, N., Fujisawa, H., Saga, Y., and Hirata, T. (2011) Induction of axon growth arrest without growth cone collapse through the N-terminal region of four-transmembrane glycoprotein M6a. *Dev Neurobiol* **71**, 733-746.

Sato, Y., Watanabe, N., Fukushima, N., Mita, S., and Hirata, T. (2011) Actin-independent behavior and membrane deformation exhibited by the four-transmembrane protein M6a. *PLoS One* **6**, e26702. 1-13

Yamatani, H., Kawasaki, T., Mita, S., Inagaki, N., and Hirata, T. (2010) Proteomics Analysis of the Temporal Changes in Axonal Proteins during Maturation. *Dev Neurobiol* **70**, 523-537.

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., 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.

Martienssen研究室 Martienssen Group

<http://www.cshl.edu/Faculty/martienssen-rob-professor.html>



マーチエンセン, ロブ A.
客員教授 (HHMI, コールドスプリングハーバー研究所教授)
MARTIENSSEN, Rob A.
Visiting Professor (Howard Hughes Medical Institute, Cold Spring Harbor Laboratory)

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
Visiting Professor (Professor, The University of Tokyo Hospital)

小さいRNAによるヘテロクロマチンの継承と再プログラム

エピジェネティックな情報が娘細胞に伝わる様式を調べるのに、植物や分裂酵母はすばらしい研究材料となる。これらの生物では、トランスポゾンの調節やヘテロクロマチンの抑制や遺伝子のインプリンティングなどのエピジェネティックな現象が知られている。私達は分裂酵母 *Schizosaccharomyces pombe* や植物 *Arabidopsis thaliana* を用いてヘテロクロマチン抑制とRNAiについて調べている。植物では、RNAiが生殖細胞の運命決定やトランスポゾン調節に重要なことがわかった。また分裂酵母では、DNA複製や組換えを調節することでRNAiやレトロトランスポゾンが転写抑制を仲介する。これらの機構の共通点から、高等生物のエピジェネティックな継承におけるRNAの役割が説明されるかもしれない。

Inheritance and reprogramming of heterochromatin with small RNA

Plants and fission yeast provide excellent model organisms to investigate how epigenetic information is propagated to daughter cells, and possess a wealth of epigenetic phenomena including transposon regulation, heterochromatic silencing, and gene imprinting. We are investigating heterochromatic silencing and RNAi in the fission yeast *Schizosaccharomyces pombe* and the plant *Arabidopsis thaliana*. In plants we have found that RNAi is important in determining germ cell fate as well as in transposon regulation, while in fission yeast, RNAi and retrotransposons mediate silencing by controlling DNA replication and recombination. Parallels between these mechanisms may account for the role of RNA in epigenetic inheritance in higher organisms.

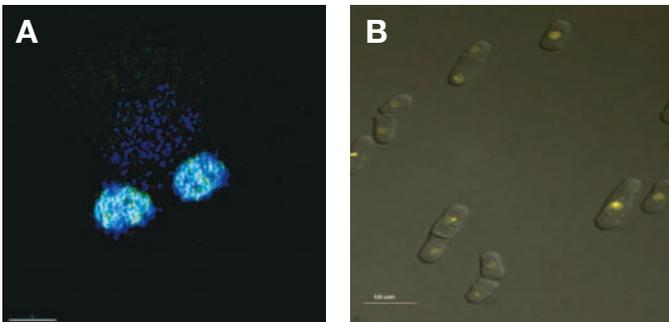


図 1 - A. シロイヌナズナの花粉におけるヘテロクロマチン再プログラム。染色体DNA(青)は栄養細胞で脱凝集している。精細胞の染色体は凝集し、特異的ヒストン(緑)を含む。これらの変化は、それぞれの細胞での24塩基と21塩基のsiRNAの蓄積を伴う。
図 1 - B. 分裂酵母のRNAi変異体におけるヘテロクロマチン修復。相同組換え修復のため、Rad52-YFPがS基のdicer変異体細胞に蓄積している。

Figure 1 - A. Heterochromatin reprogramming in *Arabidopsis* pollen. Chromosomal DNA (blue) is decondensed in vegetative companion cells, but condensed and associated with specific replacement histones (green) in sperm cells. These changes are associated with the accumulation of 24nt and 21nt siRNA in each cell type.

Figure 1 - B. Heterochromatin repair in RNAi mutants in fission yeast. Rad52-YFP foci accumulate in S phase of dicer mutant cells due to homologous recombination repair.

パーソナルゲノム解析により脳疾患の発症機構を読み解く

脳神経疾患の発症機構をパーソナルゲノム解析に基づいて解明することをめざしています。単一遺伝子疾患については、われわれが開発したハイスループット連鎖解析システムと次世代シーケンサーを用いた網羅的ゲノム配列解析を統合した解析により、効率よく病因遺伝子の発見を目指しています。多因子疾患については、頻度は比較的稀であるが、疾患発症に対する影響度の大きい疾患感受性遺伝子の variants の探索が重要となります。このような rare variants の検出には、これまで行われていたような、一般集団において頻度の高い SNPs を用いたゲノムワイド関連解析では不十分であり、次世代シーケンサーを駆使したパーソナルゲノム解析に基づいて、疾患感受性遺伝子の探索を進めています。

Elucidation of the mechanisms of brain diseases based on personal genome analysis

We aim to elucidate molecular basis of brain diseases based on personal genome analysis. For brain diseases with Mendelian inheritance, we have developed an extremely efficient pipeline which enables direct import of SNPs data obtained using microarrays. Integrating this high throughput linkage analysis system with personal genome analysis employing next generation sequencers, identification of causative genes has been tremendously accelerated. For brain diseases with complex trait, we will focus on the disease susceptibility genes with large effect sizes for development of brain diseases. To accomplish this aim, genome-wide association studies (GWAS) based on SNP analyses are insufficient, and, therefore, we need to establish new paradigms to identify rare variants with large effect sizes based on personal genome analysis employing new technologies of next generation sequencers.

Frequencies of disease-relevant alleles and the effect sizes.

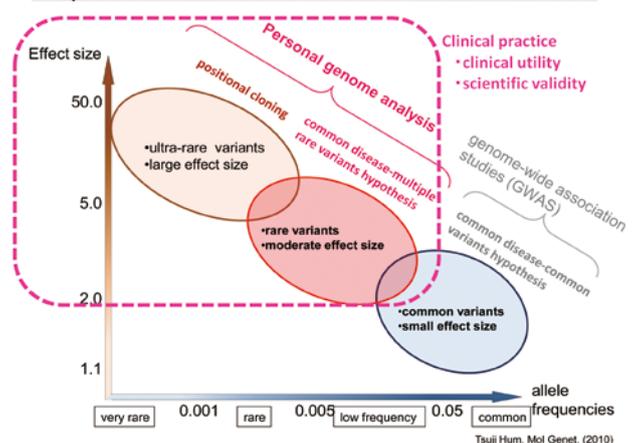


図 1 - アレル頻度と Effect size に基づく疾患関連遺伝子探索のパラダイム

Figure 1 - Research paradigm to identify disease-related variations based on comparison of effect sizes of variants and allele frequencies of the variants in population. Tsuji Hum. Mol. Genet. (2010)

鐘巻研究室 Kanemaki Group

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



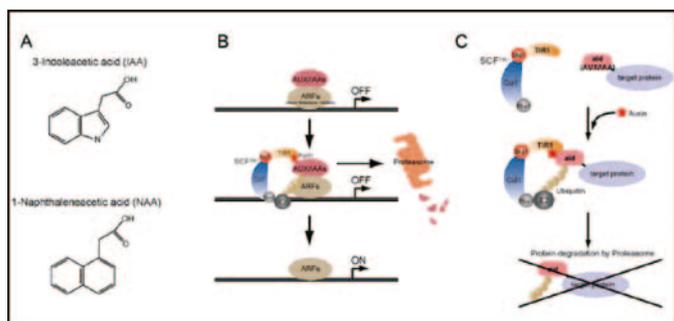
鐘巻将人
准教授 博(理)
KANEMAKI, Masato
D. Sc., Associate Professor



新たな動物細胞遺伝学に向けて

2010年度発足した本研究室は、これまでに無い方法を編み出すことにより動物細胞を用いた新たな遺伝学を創生するとともに、これらを利用して染色体関連因子の機能を明らかにしたいと思っています。私たちは植物ホルモンオーキシンにより活性化される、植物内のタンパク質分解メカニズムを動物細胞に移植することで、特定のタンパク質をオーキシン依存的に分解除去する方法を開発しました(AID法)。これにより、オーキシン添加によりごく短時間にタンパク質発現抑制することが可能な細胞株の作成が可能になりました。現在、下記のテーマに関して研究を行っています。

- AID変異株を利用した高等真核生物特異的な染色体複製関連因子の機能解析
- AID法の改良と他の発現制御法の開発
- 動物細胞遺伝学を発展させるための、新たな遺伝子改変法や変異細胞株作成法の開発



図一 オーキシン誘導デグロン(AID)法

(A) 天然オーキシンとして知られるインドール酢酸(IAA)と合成オーキシンとして知られるナフタレン酢酸(NAA)の構造。(B) 植物内でのオーキシン反応。オーキシンによって誘導される遺伝子のプロモーター上には転写因子 ARFsとその抑制因子 AUX/IAAが結合している。オーキシンはSCF E3ユビキチン化リガーゼのF-box因子であるTIR1を活性化することで、AUX/IAAをポリユビキチン化することで分解に導く。(C) AID法の原理。非植物細胞内で構成したSCF^{TIR1}は標的因子にAUX/IAA(aid)を融合したものを、オーキシン依存的にポリユビキチン化することでプロテアソームによる分解に導く。

Figure - Schematic illustration of the AID system.

(A) Structure of a natural auxin, indole-3-acetic acid (IAA), and a synthetic auxin, 1-naphthaleneacetic acid (NAA). (B) The auxin degradation pathway in plants. AUX/IAA inhibitors bind to ARF transcriptional activators at the gene promoters controlled by auxin. In the presence of auxin, AUX/IAAs are degraded resulting activation of the genes. (C) Auxin binds to TIR1 which in turn promotes the interaction between TIR1 and the aid degron of the target protein. SCF^{TIR1} acts as an E3 ubiquitin ligase to recruit an E2 ligase resulting poly-ubiquitylation of the aid degron. Finally, the target is degraded by the proteasome.

Toward a new field of genetics of vertebrate cells.

The goal of our research is to create a new field of genetics of vertebrate cells by applying new technologies and, at the same time, to understand the role of proteins involved in the events relating to chromosome replication. We have developed a new method named the AID (auxin inducible degron) system that allow to control the expression of proteins in an auxin dependent manner by transplanting a plant-specific degradation pathway. It is now possible to make DT40 cell lines in which the expression of target proteins can be induced for degradation within 1hour after addition of auxin by using this technology. Our current projects are as follows.

- Characterization of higher eukaryotic proteins involved in chromosome replication using AID conditional cell lines.
- Improvement of the AID method and development of other decon technologies.
- Development of genome manipulation methods for the construction of mutant cell lines.

Watase, G., Takisawa, H., and Kanemaki, M. (2012). Mcm10 Plays a Role in Functioning of the Eukaryotic Replicative DNA Helicase, Cdc45-Mcm-GINS. *Current Biology* 22, 343-349.

Masumoto, H., Nakato, R., Kanemaki, M., Shirahige, K., and Hachinohe, M. (2011). The Inheritance of Histone Modifications Depends upon the Location in the Chromosome in *Saccharomyces cerevisiae*. *PLoS One* 6(12):e28980.

Tanaka, T., Umemori, T., Endo, S., Muramatsu, S., Kanemaki, M., Kamimura, Y., Obuse, C., and Araki, H. (2011). Sld7, an Sld3-associated protein required for efficient chromosomal DNA replication in budding yeast. *EMBO Journal* 30, 2019-30.

Kanke, M., Nishimura, K., Kanemaki, M., Kakimoto, T., Takahashi, T.S., Nakagawa, T., and Masukata, H. (2011). Auxin-inducible protein depletion system in fission yeast. *BMC Cell Biology* 12, 8.

Renshaw, M.J., Ward, J.J., Kanemaki, M., Natsume, K., Nedelec, F.J., and Tanaka, T.U. (2010). Condensins promote chromosome recoiling during early anaphase to complete sister chromatid separation. *Developmental Cell* 19, 232-244.

Nishimura, K., Fukagawa, T., Takisawa, H., Kakimoto, T., and Kanemaki, M. (2009). An auxin-based degron system for the rapid depletion of proteins in nonplant cells. *Nature Methods* 6, 917-922.

堀川研究室 Horikawa Group

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



堀川一樹
准教授 博(理)
HORIKAWA, Kazuki
D. Sc., Associate Professor



乱雑さに駆動される自己組織的な秩序形成原理の解明

生物の個体発生では、ごく少数の細胞が増殖により数を増やすとともに、その集団内に個性の違いが生じ(=細胞分化)、組織や器官等の秩序が構築される。近年の研究の進展により、細胞の増殖や分化、組織形成に関する遺伝子群が数多く同定されてきたが、その一方で、「何の秩序構造も無い細胞集団内に美しい秩序の形成をもたらす原理」そのものについては全く理解が進んでいない。この問題にアプローチするには、マルチスケールでの分野融合的研究が有効であるという立場のもと、本研究室では自己組織的に集合流を形成する社会性アメーバを材料に以下の研究を行います。

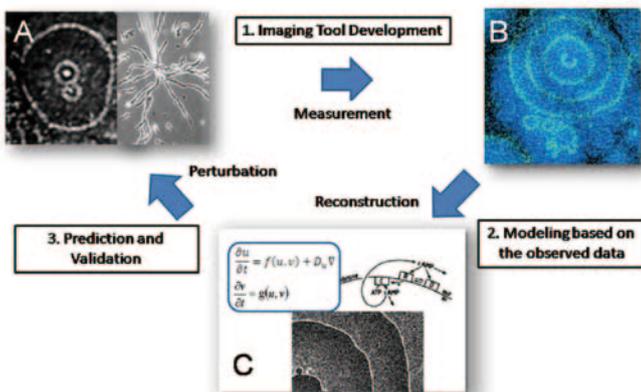
1. 分化状態やシグナル伝達活性を単一細胞分解能で定量計測できる超高度感度プローブの開発。
2. 細胞集団(最大10万個)を対象にした分化/細胞間相互作用の定量計測とモデリング。
3. 摂動実験によるモデルの妥当性の検証。

以上の循環的な手法を通じて、遺伝子発現のゆらぎや細胞個性のヘテロ性に駆動される秩序化原理の理解を目指します。

Toward system-level understanding of self-organized pattern formation

One of the central questions in developmental biology is how the cellular society built-up coordinated patterns in its structures and functions even from disorganized initial conditions. To elucidate principles in developmental pattern formation, we focused on the self-organized pattern formation in the population of social amoeba, where the 10^5 of cells spontaneously generate well-organized aggregation streams in the form of traveling waves. Here, we examine the constructive role of the stochasticity in gene expression and cellular functions by employing interdisciplinary approaches.

1. Making high-performance Bio-probes which allow the sensitive detection of cellular states (Experimental approach)
2. Perform multiscale modeling incorporating quantitative data of intra-/inter-cellular signaling dynamics in the population of 10^5 cells with the single cell resolution (Mathematical approach)
3. Conduct killer experiments guided by mathematical predictions with aiming to elucidate the constructive role of noise in the self-organized pattern formation. (Interdisciplinary approaches)



図一 (A)走化性物質のリレーによる自己組織的集合流形成。(B)超高度感度Ca²⁺指示薬で可視化された細胞間シグナル伝達パターン(10⁵細胞レベル)。(C)計測された定量データをもとにした数理モデルの構築と、モデルによる予測の実験検証。これらの循環的なアプローチによってのみ、複雑でダイナミックな現象の背景にひそむ動作原理を理解することができる。

Figure - (A) Spontaneous pattern formation supported by the relay of chemotactic signaling. (B) Spatio-temporal pattern of the intercellular signaling visualized by the ultra-sensitive Ca²⁺ indicator. (C) Killer experiments guided by mathematical modeling for the model validation.

Yamada, Y., Michikawa, T., Hashimoto, M., Horikawa, K., Nagai, T., Miyawaki, A., Häusser, M., Mikoshiba, K. (2011). Quantitative Comparison of Genetically Encoded Ca²⁺ Indicators in Cortical Pyramidal Cells and Cerebellar Purkinje Cells. *Front Cell Neurosci* 5, 18 1-10.

Horikawa, K., Yamada, Y., Matsuda, T., Kobayashi, K., Hashimoto, M., Matsuura, T., Miyawaki, A., Michikawa, T., Mikoshiba, K., Nagai, T. (2010). Spontaneous network activity visualized by ultrasensitive Ca²⁺ indicators, yellow Cameleon-Nano. *Nature Methods* 7, 729-732.

Saito, K., Hatsugai, N., Horikawa, K., Kobayashi, K., Matsu-ura, T., Mikoshiba, K., Nagai, T., (2010). Auto-Luminescent Genetically-Encoded Ratiometric Indicator for Real-Time Ca²⁺ Imaging at the Single Cell *PLoS ONE* 5(4), e9935.

Tomosugi, W., Matsuda, T., Tani, T., Nemoto, T., Kotera, I., Saito, K., Horikawa, K., Nagai, T., (2009) An ultramarine fluorescent protein with increased photostability and pH insensitivity. *Nature Methods* 6, 351-353.

平田研究室 Hirata Group

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

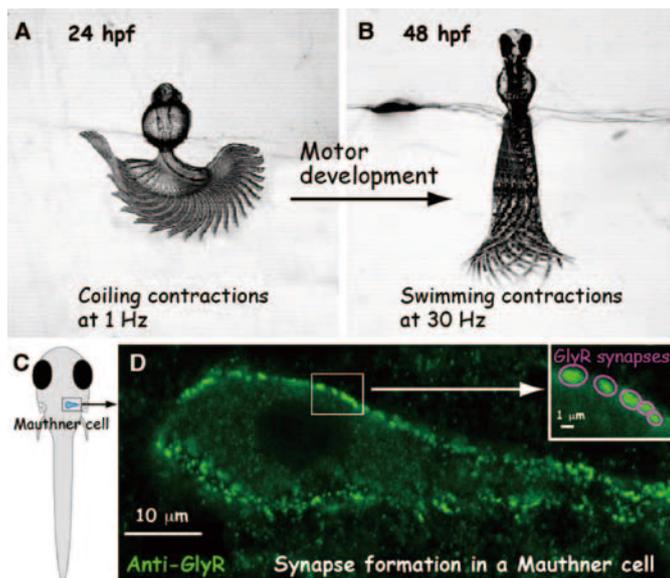
平田普三
准教授 博(理)
HIRATA, Hiromi
D. Sc., Associate Professor



脊椎動物の運動発達の分子基盤、発生期の活動依存的シナプス形成

私たちは歩いたり、走ったりしますが、これは遺伝子や分子のレベルでどのように規定されるのでしょうか？私たちはゼブラフィッシュという熱帯魚を用いて運動・行動の研究をしています。本研究室では2つのアプローチで脊椎動物に共通する運動原理を神経回路やシナプスのレベルで理解することを目指しています。

1. 運動・行動に異常のある変異体を単離し、責任遺伝子を同定します。その遺伝子が神経回路、シナプス、神経活動、あるいは運動器の機能にどのような役割を果たすかという視点から、運動・行動の破綻を解明します。また、ゼブラフィッシュ変異体を、創薬を視野に入れたヒトの疾患モデルとして確立します。
2. 私たちは運動に重要な役割を果たす、グリシン作動性シナプスに注目し、発生過程の単一ニューロンにおけるシナプスの生体内イメージングに成功し、ゼブラフィッシュではシナプスが受精からの数日間に入力依存的に形成されることを見出しました。しかし、この可塑的シナプス形成の分子メカニズムは全く不明です。ゼブラフィッシュの特定のニューロンで遺伝子発現を制御し、活動依存的シナプス形成の分子基盤の解明を進めています。



図一 (A, B)ゼブラフィッシュは受精後24時間ではcoilingと呼ばれるしっぽ振り運動を行うが、48時間までにこれがswimmingに変わる。(C, D)後脳に1対のみ存在するマウスナー細胞(片側だけ図示)の細胞表面には多数のグリシン作動性シナプスが形成される。これらのシナプスは活動依存的に形成されるが、その分子基盤は解明されていない。

Figure - (A) A zebrafish embryo shows coiling movement at 24 hours postfertilization (hpf). (B) By 48 hpf, the frequency of muscle contraction reaches over 30 Hz and the simple behavior changes into swimming. (C) Mauthner cell is a huge, identifiable neuron in the hindbrain. (D) Anti-GlyR labeling represents glycinergic synapses at the surface of the Mauthner cell.

Molecular basis of motor development and activity-dependent synapse formation

Zebrafish is an excellent vertebrate model to study motor development. First, all stages of development occur externally and rapidly, with early motor behaviors seen from 17 hours postfertilization. Second, forward genetics can be applied to identify genes that are essential for proper behaviors. Third, the embryos are transparent, which makes them amenable for live imaging of morphology and activity of neurons. Finally, the electrophysiological activity of neurons can be recorded using patch-clamp methods in zebrafish embryos. By making use of these advantages, we employ two approaches to study motor neural circuits regulating locomotion and behavior. We recently succeeded in visualizing inhibitory glycinergic synapses in live zebrafish to study synapse formation during motor development.

1. Cloning and characterization of zebrafish genes, which are essential for motor development.
2. Molecular basis of activity-dependent formation of glycinergic synapse during motor development.

Hirata, H., Wen, H., Kawakami, Y., Naganawa, Y., Ogino, K., Yamada, K., Saint-Amant, L., Low, S.E., Cui, W.W., Zhou, W., Sprague, S.M., Asakawa, K., Muto, A., Kawakami, K., and Kuwada, J.Y. (2012). Connexin39.9 is necessary for coordinated activation of slow-twitch muscle and normal behavior in zebrafish. *J. Biol. Chem.* **287**, 1080-1089.

Hirata, H., Takahashi, M., Yamada, K., and Ogino, K. (2011). The biological role of the glycinergic synapse in early zebrafish motility. *Neurosci. Res.* **71**, 1-11.

Ogino, K., Ramsden, S.L., Keib, N., Schwarz, G., Harvey, R.J., and Hirata, H. (2011). Duplicated gephyrin genes showing distinct tissue distribution and alternative splicing patterns mediate Moco biosynthesis, glycine receptor clustering and escape behavior in zebrafish. *J. Biol. Chem.* **286**, 806-817.

Naganawa, Y., and Hirata, H. (2011). Developmental transition of touch response from slow muscle-mediated coilings to fast muscle-mediated burst swimming in zebrafish. *Dev. Biol.* **355**, 194-204.

Low, S.E., Amburgey, K., Horstick, E., Linsley, J., Sprague, S.M., Cui, W.W., Zhou, W., Hirata, H., Saint-Amant, L., and Kuwada, J.Y. (2011). TRPM7 is required within zebrafish sensory neurons for the activation of touch-evoked escape behaviors. *J. Neurosci.* **31**, 11633-11644.

Nakano, Y., Fujita, M., Ogino, K., Saint-Amant, L., Kinoshita, T., Oda, Y., and Hirata, H. (2010). Biogenesis of GPI-anchored proteins is essential for surface expression of sodium channels in zebrafish Rohon-Beard neurons to respond to mechanosensory stimulation. *Development* **137**, 1689-1698.

宮城島研究室 Miyagishima Group

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

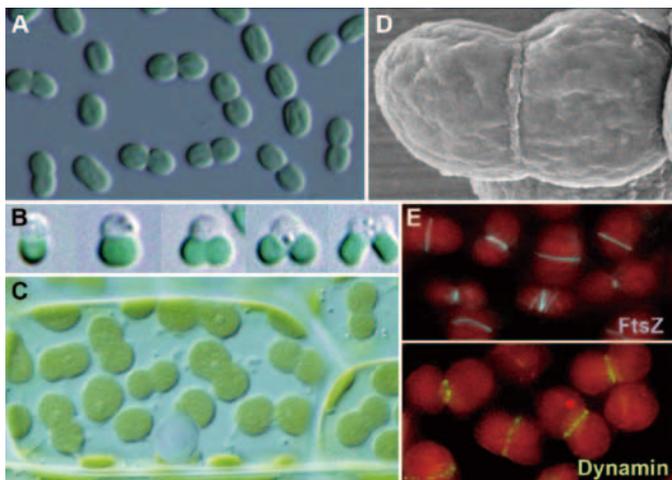
宮城島進也
特任准教授 博(理)
MIYAGISHIMA, Shin-ya
D. Sc., Project Associate Professor



ミトコンドリア分裂から真核細胞の起源と進化を探る

真核細胞内のエネルギー変換器、ミトコンドリアと葉緑体は、10億年以上前にバクテリア細胞が真核細胞内に共生して誕生しました。その他、真核細胞が別の細胞を取り込み、新機能を獲得する例は広く見受けられます。このような二種の細胞の世代を超えた持続的統合には、宿主細胞の分裂増殖に伴った、共生細胞の分裂・増殖の制御が必須です。

我々は、葉緑体とミトコンドリアの分裂が、それぞれ祖先のバクテリアと宿主真核細胞の両方に由来する部品から構成されるハイブリッド装置によって引き起こされることを世界に先駆けて解明してきました。本研究室では、(1)葉緑体、ミトコンドリア、その他の細胞内共生細胞の分裂が、如何にして宿主細胞によってコントロールされているのか、(2)逆に、共生体のエネルギー生産・物質代謝が、宿主細胞の分裂増殖にどのような影響を与えているのか、(3)これらの機構がどのように進化したのかを解析することにより、二つの異種細胞からどのようにして新たな細胞が誕生し進化するのか、その基本原理を解明していきます。



図一 祖先のシアノバクテリア(A)と同様に、葉緑体は分裂によって増殖する(B, 単細胞の藻類; C, 陸上植物の細胞)。我々は、葉緑体分裂がその分裂面に形成される分裂装置(リング)の収縮によって行われること(D)、分裂装置がシアノバクテリア由来のFtsZと宿主細胞が加えたDynamamin等から構成されていること(E)を明らかにした。

Figure 1 - Reminiscent of their cyanobacterial (A) ancestor, chloroplasts replicate by binary division (B, unicellular algae; C land plant cells). Chloroplast division is performed by the division ring (D) which involves cyanobacterial FtsZ and eukaryotic dynamamin (E).

Coordinating mechanisms of eukaryotic cell and organelle/endosymbiont proliferation

Mitochondria and chloroplasts are energy-converting organelles in eukaryotic cells. Both originated more than one billion years ago when bacterial cells were engulfed by primitive eukaryotic cells. Besides these organelles, there are many examples of endosymbioses which have integrated new functions into host cells. In order to maintain a permanent endosymbiotic relationship, endosymbionts/organelles must be replicated and inherited into each daughter cell during host cell division. We have shown that chloroplasts and mitochondria use similar division systems, both of which are derived from the ancestral bacterial endosymbionts and the eukaryotic host.

The major goal of our study is to understand how two different cells are integrated into a new cell by coordinated proliferation of a host and an endosymbiotic cell. To this end, we are investigating (1) how eukaryotic host cells regulate proliferation of organelles/endosymbionts, (2) how activities of organelles/endosymbionts affect proliferation of the host cells, and (3) how these systems have evolved and contributed to eukaryotic evolution.

Miyagishima, S., Nakanishi, H., and Kabeya, Y. (2011). Structure, regulation, and evolution of the plastid division machinery. *Int Rev Cell Mol Biol* **291**, 115-153.

Miyagishima, S. (2011). Mechanism of plastid division: from a bacterium to an organelle. *Plant Physiol* **155**, 1533-1544.

Miyagishima, S., and Kabeya, Y. (2010). Chloroplast division: squeezing the photosynthetic captive. *Curr Opin Microbiol* **13**, 738-746.

Suzuki, K., and Miyagishima, S. (2010). Eukaryotic and eubacterial contributions to the establishment of plastid proteome estimated by large-scale phylogenetic analyses. *Mol Biol Evol* **27**, 581-590.

Okazaki, K., Kabeya, Y., Suzuki, K., Mori, T., Ichikawa, T., Matsui, M., Nakanishi, H., and Miyagishima, S. (2009). The Pdv1 and Pdv2 components of the chloroplast division machinery determine the rate of chloroplast division in land plant cell differentiation. *Plant Cell* **21**, 1769-1780.

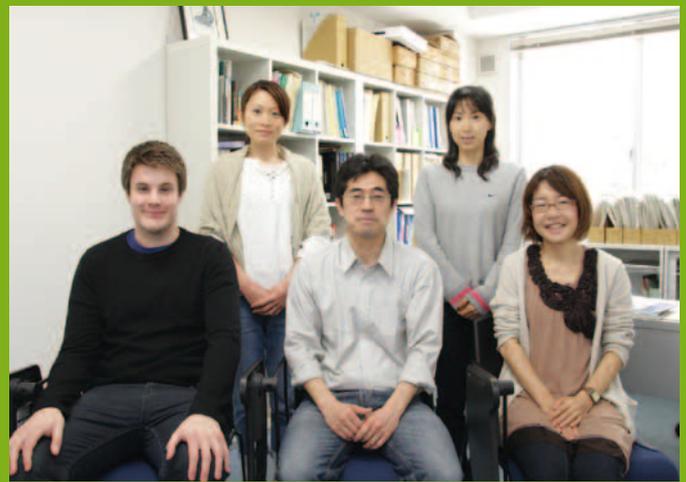
Nakanishi, H., Suzuki, K., Kabeya, Y., and Miyagishima, S. (2009). The plant-specific protein MCD1 determines the site of chloroplast division in concert with bacteria-derived MinD. *Curr Biol* **19**, 151-156.

北野研究室 Kitano Group

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



北野 潤
特任准教授 博(医)
KITANO, Jun
D. Med., Project Associate Professor

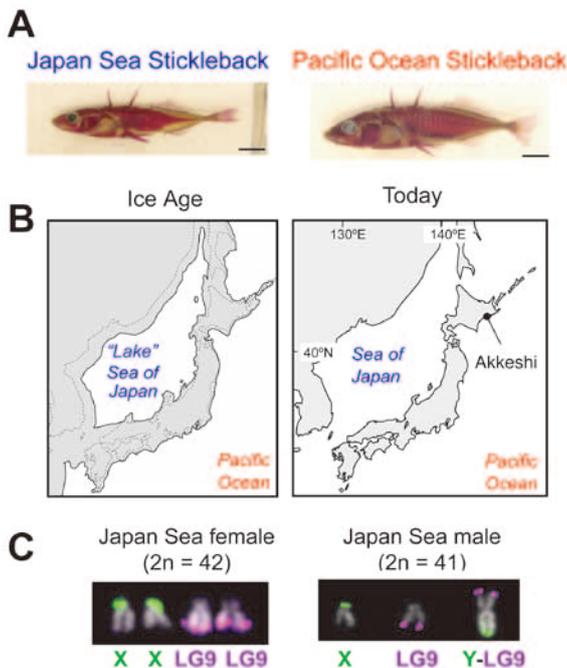


種分化と適応進化の遺伝機構を解明する

どうやって新たな種が生まれるのか。生き物がどのようにして新たな環境に適応していくのか。生物多様性進化を巡るこれらの問いに対して、トゲウオ科魚類をモデルとして用いながら迫ります。

トゲウオ科魚類は、わずか数百万年の間に適応放散を遂げたことから、進化研究の格好のモデル系です。生態学、生理学、ゲノミクスなどの種々の手法を統合して以下の研究を行っています。

- 種分化のメカニズム
近縁種間の交雑を妨げる生殖隔離機構の進化機構の解明を目指します。
- 適応進化と表現型可塑性のメカニズム
新規環境への適応進化、及び、可塑的变化の分子遺伝機構について追求します。
- 人為的急速進化のメカニズム
人為的な環境変化が生物の進化に与える影響について、生息環境が改変させられた集団や異なる環境へ移植された集団を用いて解明します。



図一 (A) 日本に生息するイトヨリ型。(B) 氷河期の地理的隔離が二型の種分化に関わっていると考えられている。現在、北海道東部で2型は同所に存在する。(C) 日本海オスではY染色体(連鎖群19)と連鎖群9が融合している。

Figure - (A) Two Japanese marine sticklebacks, stained with alizarin red. Scale bar = 1cm. (B) Geographical isolation of the Sea of Japan during the ice age gave rise to Japan Sea sticklebacks. In Akkeshi, Japan Sea and Pacific Ocean forms co-occur. (C) Fluorescence in situ hybridization of Japan Sea chromosome. In the Japan Sea male, LG9 and Y chromosome are fused. Purple = LG9, green = LG19.

Genetic mechanisms of adaptation and speciation

How are new species formed? How do animals adapt to novel environments? We investigate the genetic mechanisms underlying adaptation and speciation using stickleback fishes as a model. Stickleback fishes have achieved tremendous diversification during the last few million years, resulting in the evolution of divergent morphs. We use integrative approaches to investigate the following topics.

- Genetic mechanisms of speciation
We are investigating the molecular mechanisms of reproductive isolation between sympatric morphs of sticklebacks.
- Genetic mechanisms of adaptation and phenotypic plasticity
Both genetic changes and phenotypic plasticity contribute to phenotypic changes that occur after colonization of novel environments. We are investigating the molecular mechanisms underlying adaptive evolution and plastic changes.
- Mechanisms of anthropogenic evolution
Our third project is aimed at applying the knowledge of evolutionary genetics to animal conservation and ecological management. We are investigating the genetic and ecological mechanisms by which invasive stickleback populations adapt to novel environments.

Adachi, T., Ishikawa, A., Mori, S., Makino, W., Kume, M., Kawata, M., and Kitano, J. (2012). Shifts in morphology and diet of non-native sticklebacks introduced into Japanese crater lakes. *Ecology and Evolution* *in press*

Kitano, J., Kawagishi, Y., Mori, S., Peichel, C. L., Makino, T., Kawata, M., and Kusakabe, M. (2011) Divergence in sex steroid hormone signaling between sympatric species of Japanese threespine stickleback. *PLoS One* *6*, e29253.

Kitano, J., Lema, S. C., Luckenbach, J. A., Mori, S., Kawagishi, Y., Kusakabe, M., Swanson, P., and Peichel, C. L. (2010). Adaptive divergence in the thyroid hormone signaling pathway in the stickleback radiation. *Curr. Biol.* *20*, 2124-2130.

Kitano, J., Ross, J. A., Mori, S., Kume, M., Jones, F. C., Chan, Y. F., Absher, D. M., Grimwood, J., Schmutz, J., Myers, R. M., Kingsley, D. M., and Peichel, C. L. (2009). A role for a neo-sex chromosome in stickleback speciation. *Nature* *461*, 1079-1083.

Kitano, J., Bolnick, D. I., Beauchamp, D. A., Mazur, M. M., Mori, S., Nakano, T., and Peichel, C. L. (2008). Reverse evolution of armor plates in threespine stickleback. *Curr. Biol.* *18*, 769-774.

北川研究室 Kitagawa Group

http://www.nig.ac.jp/labs/CentrBio/Centrosome_Laboratory_web_Site/Welcom.html



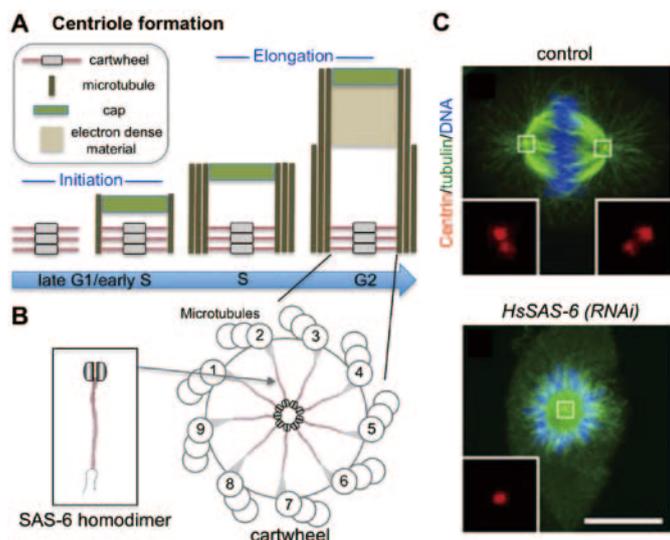
北川大樹
特任准教授 博(薬)
KITAGAWA, Daisuke
D. Pha., Project Associate Professor



複合的アプローチを用いた中心体複製の分子メカニズムの解明

中心体は染色体のように細胞周期ごとに一度だけ複製されます。中心体は紡錘体の形成に重要な役割を担っており、その複製は正常な染色体分配、細胞分裂に必須であるばかりでなく、ゲノム安定性維持にも深く関与しています。中心小体は中心体の核として機能し、また精子鞭毛や繊毛の形成を調節しています。中心小体が正常に機能しないと鞭毛や繊毛が形成されず、様々な疾病が起きることが知られています(ciliopathy、男性不妊症など)。中心小体は9回対称性を有した円筒状の構造体で、その不思議な自己複製機構は未解明な部分が多く、生物学の最大の謎の一つとされています。本研究室では細胞生物学、生化学、遺伝学、生物物理学、構造生物学的解析を駆使した複合的アプローチにより中心体構築の分子メカニズムを理解することを目指しています。主に線虫及びヒト培養細胞を用いて以下の研究課題に取り組んでいます。

1. 新規中心小体構成因子の同定
2. 中心体構成因子間のインタラクトーム解析
3. In vitro再構成による中心小体構築のモデリング
4. 発生過程における中心体動態及びその生理的意義の解明



(A)細胞周期に依存した中心小体の構築。(B)SAS-6二量体がカートホイール構造の中心部分を形成し、9回対称性を規定する。(C)SAS-6は中心小体複製に必要である。ヒト培養細胞においてRNAi法によりSAS-6を発現抑制すると中心小体複製が阻害される。Centrin: 中心小体マーカー。

(A) Cell cycle-dependent centriole formation. (B) SAS-6 homodimers dictate the universal 9-fold symmetry of centrioles. (C) HsSAS-6, human SAS-6, is required for centriole formation in human cells. Centrin: centriole marker.

The mechanisms of centrosome duplication

The mechanisms of centrosome duplication have been a long-standing mystery in biology. Like the genetic material, centrosome duplication must occur once per cell cycle, such that the two resulting centrosomes assemble a bipolar mitotic spindle, ensuring proper chromosome segregation. The centrosome is composed of a pair of centrioles surrounded by pericentriolar material. Centrioles also have the capacity to act as basal bodies that generate cilia and flagella. Despite being essential for centrosome duplication, the mechanisms governing centriole formation remain poorly understood.

Our laboratory mainly focuses on understanding the mechanisms of centrosome duplication, with a particular emphasis on the molecular basis of centriole formation. We are currently using the combination of innovative and multi-disciplinary approaches including biophysics, biochemistry, structural biology, genetics and cell biology. We are investigating the following specific aims primarily by using *C. elegans* embryos and human cells as model systems.

1. Identification of new players for centriole formation
2. Analysis of centrosomal interactome network
3. In vitro reconstitution of centriole intermediates
4. Centrosome dynamics and function in the context of development

Kitagawa, D., Vakonakis, I., Olieric, N., Hilbert, M., Keller, D., Olieric, V., Bortfeld, M., Erat, M.C., Flückiger, I., Gönczy, P. and Steinmetz, M.O. (2011) Structural basis of the 9-fold symmetry of centrioles. *Cell* **144**, 364-375.

Kitagawa, D., Flückiger, I., Polanowska, J., Keller, D., Reboul, J. and Gönczy, P. (2011) PP2A phosphatase acts upon SAS-5 to ensure centriole formation in *C. elegans* embryos. *Dev Cell* **20**, 550-562.

Kitagawa, D., Kohlmaier, G., Keller, D., Strnad, P., Balestra, F.R., Flückiger, I. and Gönczy, P. (2011) Spindle positioning in human cells relies on proper centriole formation and on the microcephaly proteins CPAP and STIL. *J. Cell Sci.* **124**, 3884-93.

Kitagawa, D., Busso, C., Flückiger, I., and Gönczy, P. (2009). Phosphorylation of SAS-6 by ZYG-1 is critical for centriole formation in *C. elegans* embryos. *Dev Cell* **17**, 900-907.

北川大樹, Michel O. Steinmetz, Pierre Gönczy (2011)
中心小体複製開始の分子メカニズム. 実験医学 **29**, No.11, 1777-1780.

北川大樹, Michel O. Steinmetz, Pierre Gönczy (2011)
進化上保存された中心小体の9回対称構造の謎を解く. 細胞工学 **30**, No.5, 534-535.

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
- 骨形態形成における遺伝子量効果の遺伝解析

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

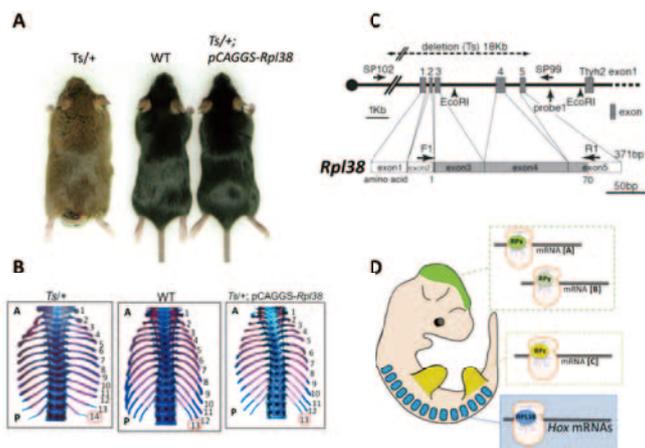


図 1 リボソーム蛋白質による選択的翻訳制御。A. Tail short (Ts) 変異ヘテロ個体(左)は短尾を示す。ヘテロ個体に野生型の *Rpl38* 遺伝子を導入したトランスジェニックマウス(右)では、短尾表現型が改善される。B. *Ts/+* 個体では第1腰椎が肋骨に変化する前方ホメオティック転写因子発現が認められる(左)。この表現型も野生型 *Rpl38* 遺伝子の導入によって改善される(右)。C. ポジショナルクローニングの結果、*Ts* 変異の原因がリボソーム蛋白質をコードする *Rpl38* 遺伝子の欠失であることがわかった。D. リボソームによる翻訳制御のモデル。リボソーム複合体に含まれるリボソーム蛋白質の構成成分は発生の時期と部位によって異なる。個々の成分は特定の mRNA に対して選択的に翻訳効率をコントロールし、リボソームによる転写産物選択的翻訳という発現制御に関与する。

Figure 1 - Ribosome-mediated translational control. A, the tail length of *Ts/+* mouse (left) is significantly shorter than that of wild-type mouse (middle). *Rpl38* transgene restores tail length of the *Ts/+* mouse (right). B, *Ts/+* mouse (left) shows anterior homeotic transformation (the 1st lumbar is transformed into the thoracic vertebra). *Rpl38* transgene completely abolishes the homeotic transformation (right). C, Positional cloning revealed that the causative gene of *Ts* mutation encodes ribosomal protein large subunit 38 (*Rpl38*). D, *Rpl38* facilitates 80S complex formation on *Hox* mRNAs as a regulatory component of the ribosome to confer transcript-specific translational control.

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
 - Genetics of gene dose effects on skeletal morphogenesis
- 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

Kondrashov N, Pusic A, Stumpf CR, Shimizu K, Hsieh AC, Xue S, Ishijima J, Shiroishi T, Barna M. (2011). Ribosome-mediated specificity in hox mRNA translation and vertebrate tissue patterning. *Cell*. **145**, 383-397.

Oka, A., Mita, A., Takada, Y., Koseki, H. and Shiroishi, T. (2010). Reproductive isolation in hybrid mice due to spermatogenesis defects at three meiotic stages. *Genetics*. **186**, 339-51.

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, 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.

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



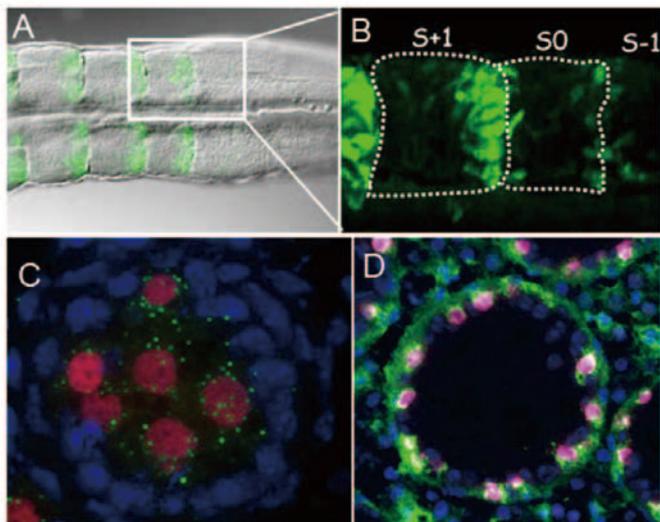
森本 充
助教 博(生命)
MORIMOTO, Mitsuru
D. Sc., Assistant Professor



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RNA制御
- Notch シグナルを介した細胞間相互作用の解析



図一 A-B. 体節におけるNotchシグナルの活性をGFPレポーターで可視化した。Notchシグナルは体節の後方部でのみ活性化している。
C. 胎生期の雄生殖細胞(赤)におけるNanos2タンパク質(緑)の局在。D. Nanos2は生後の精子幹細胞にも発現する。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(マゼンタ)が増加する。生後6週の精細管。

Figure - A-B. Visualization of Notch activity in mouse somites. Notch signaling is activated only in the caudal part of each somite.
C. Nanos2 proteins (green) are localized in the P-bodies in cytoplasm of embryonic male germ cells (red).
D. 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, somitogenesis and lung development. 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. Since Nanos2 is an RNA binding protein and involved in the RNA degradation pathway, we aim to elucidate Nanos2 targets and the molecular events associated with the RNA regulation

Sada, A., Hasegawa, K., Pin, P.H., and Saga, Y. (2012). NANOS2 acts downstream of glial cell line-derived neurotrophic factor signaling to suppress differentiation of spermatogonial stem cells. *Stem Cells* 30:280-91.

Sakabe, M., Kokubo, H., Nakajima, Y., and Saga, Y. (2012). Ectopic retinoic acid signaling affects outflow tract cushion development through suppression of the myocardial Tbx2-Tgfβ2 pathway. *Development* 139:385-95

Sasaki, N., Kiso, M., Kitagawa, M., and Saga, Y. (2011). The repression of Notch signaling occurs via the destabilization of mastermind-like 1 by Mesp2 and is essential for somitogenesis. *Development* 138:55-64.

Suzuki, A., Igarashi, K., Aisaki, K., Kanno, J., and Saga, Y. (2010). NANOS2 interacts with the CCR4-NOT deadenylation complex and leads to suppression of specific RNAs. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 107:3594-9.

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.

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, 9292-9297.

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, 2555-2562

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



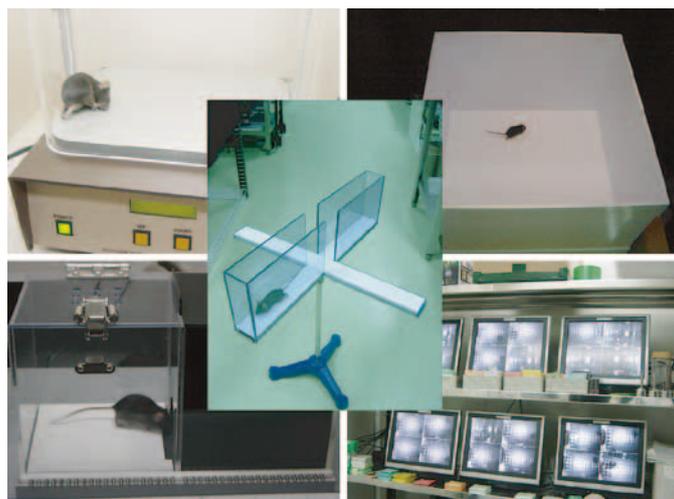
高橋阿貴
助教 博(理)
TAKAHASHI, Aki
D. Sc., Assistant Professor



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
- 過剰な攻撃行動に関わる神経メカニズムの解析



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 have 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
- Neurobiological analysis of escalated aggression

Takahashi, A., Schilit, A.N., Kim, J., DeBold, J.F., Koide, T., Miczek, K.A. (2012). Behavioral characterization of escalated aggression induced by GABAB receptor activation in the dorsal raphe nucleus. *Psychopharmacology, Epub ahead of print.*

Sugimoto, H., Okabe, S., Kato, M., Koshida, N., Shiroishi, T., Mogi, K., Kikusui, T., Koide, T. (2011). A role for strain differences in waveforms of ultrasonic vocalizations during male-female interaction. *PLoS ONE* 6, e22093.

Ishii, A., Koide, T., Takahashi, A., Shiroishi, T., Hettinger, T.P., Frank, M.E., Savoy, L.D., Formaker, B.K., Yertutanol, S., Lionikas, A. and Blizard, D.A. (2011). B6-MSM consomic mouse strains reveal multiple loci for genetic variation in sucrose octaacetate aversion. *Behavior Genetics* 41, 716-723.

Nishi, A., Ishii, A., Takahashi, A., Shiroishi, T., Koide, T. (2010). QTL analysis of measures of mouse home-cage activity using B6/MSM consomic strains. *Mamm Genome* 21, 477-85.

Takahashi, A., Tomihara, K., Shiroishi, T., and Koide, T. (2010). Genetic mapping of social interaction behavior in B6/MSM consomic mouse strains. *Behavior Genet* 40, 366-376.

Dowse H, Umemori J, Koide T. (2010). Ultradian components in the locomotor activity rhythms of the genetically normal mouse, *Mus musculus*. *J Exp Biol* 213, 1788-1795.

小出剛, 山元大輔 編 (2011) 行動遺伝学入門 ~動物とヒトの"こころ"の科学~(裳華房)

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



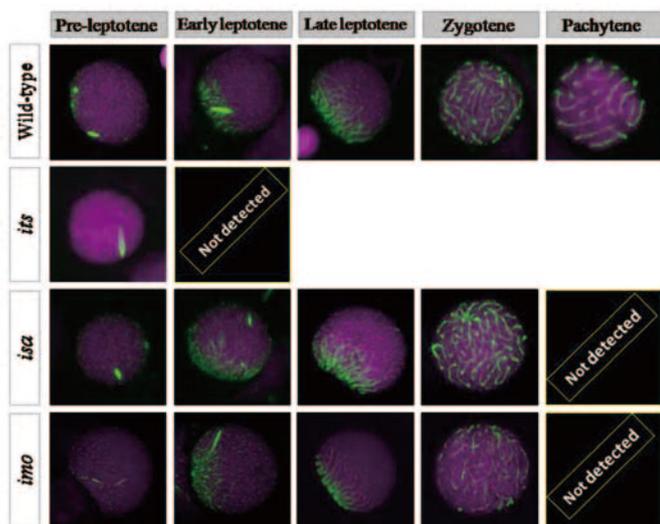
新屋みのり
助教 博(理)
SHINYA, Minoru
D. Sc., Assistant Professor



ゼブラフィッシュの精子を用いた遺伝子改変と近交系

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成する技術、さらに最近、精子のもととなる精原幹細胞の培養系を確立しました。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、遺伝子改変した精子による逆遺伝学的手法の確立を進めています。一方で、これらの雄生殖細胞培養系は精子形成を制御する分子機構の解析にも優れています。精子形成が異常となる突然変異体と *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、私たちはゼブラフィッシュで初めての近交系を樹立しました。兄妹交配を繰り返して作成される近交系は、均一な遺伝的背景を持ちます。このため、遺伝学的解析に非常に適しています。現在、この系統を利用した量的形質の統計遺伝学的解析を進めると共に、変異導入系の検討など、樹立した系統を有効に利用するための基盤作りにも着手しています。



図一 第一減数分裂が異常となるゼブラフィッシュ突然変異体の表現型。シナプトネマ構造タンパク(Sycp3)を認識する抗体による免疫組織化学から、*its* 変異体はレプトテン期、*isa* 変異体と *imo* 変異体はサイゴテン-パキテン期に異常があることが認められる。緑色が Sycp3 を示す。

Figure - Phenotypes of zebrafish meiotic prophase I mutants. Immunocytochemistry with zebrafish Sycp3 antibody shows that *its* has defects at the onset of leptotene stage, and that *isa* and *imo* spermatocytes fail to progress past the zygotene stage. Green indicates Sycp3.

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* and to culture spermatogonial stem cells recently. Genetic modification in sperm 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, these male germ cell culture systems should prove useful not only in producing transfected sperm, but also in analyzing the spermatogenesis. Using spermatogenic mutants recently identified in zebrafish and *in vitro* culture systems 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 had been no inbred strains. We have established the first inbred strain in zebrafish by sib-pair mating. At the present, we are preparing for the statistical genetic study of quantitative traits, and also arranging the condition for inducing mutations in the strain using a chemical.

Kawasaki T., Saito K., Sakai C., Shinya M., and Sakai N. (2012) Production of zebrafish offspring from cultured spermatogonial stem cells. *Genes Cells* **17**, 316-325.

Shinya M., and Sakai N. (2011) Generation of highly homogeneous strains of zebrafish through full sib-pair mating. *G3* **1**, 377-386.

Saito K., Siegfried K.R., Nusslein-Volhard C., and Sakai N. (2011) Isolation and cytogenetic characterization of zebrafish meiotic prophase I mutants. *Dev. Dyn.* **240**, 1779-1792.

Ozaki Y., Saito K., Shinya M., Kawasaki T., and Sakai N. (2011) Evaluation of Sycp3, Plzf and Cyclin B3 expression and suitability as spermatogonia and spermatocyte markers in zebrafish. *Gene Expr. Patterns* **11**, 309-315.

Kawasaki T., Saito K., Shinya M., L. Olsen LC., and Sakai N. (2010) Regeneration of spermatogenesis and production of functional sperm by grafting of testicular cell aggregates in zebrafish. *Biol. Reprod.* **83**, 533-539

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.

倉田研究室 Kurata Group

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



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



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

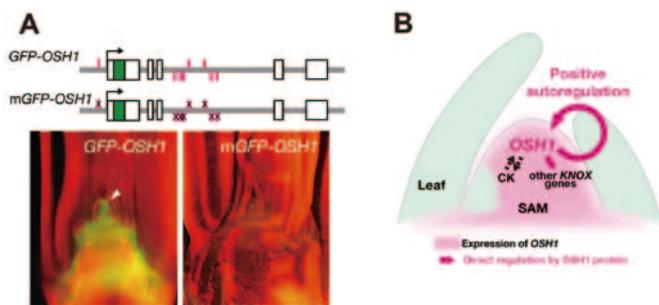


イネ属の種・ゲノム多様性および生殖隔離メカニズムの研究

本研究室では、野生イネと栽培イネのゲノム多様性研究および比較ゲノム解析を進めています。次世代シーケンサーを用いた多数系統ゲノムの解析、および発現遺伝子大量解析と表現型との遺伝的相関解析をテーマとしています。ここから種の多様性や進化を紐解くと同時に、種や形質の分化に関わる遺伝子を同定するものです。この中で、栽培イネの垂種間交雑や野生イネとの種間交雑にみられる生殖的隔離障壁の分子メカニズムの解明も進めています。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、多様性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。イネ遺伝資源事業として、突然変異系統の選抜、野生イネ系統の特性解析などの研究、開発、分譲も行っています。

現在進めている研究課題:

- 野生イネ遺伝的多様性、比較ゲノム学および進化解析
- 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



図一 (A) 茎頂分裂組織の形成・維持に関わるイネKNOX 遺伝子 OSH1 の発現(左)。自己制御に必要なシスエレメントを破壊すると GFP-OSH1 レポーター遺伝子の発現は失われる(右)。矢頭は茎頂分裂組織。(B) 茎頂分裂組織における KNOX 遺伝子の発現制御モデル。

Figure - (A) Expression of OSH1 gene responsible for shoot apical meristem maintenance (left). Mutation in OSH1 binding site on OSH1 locus resulted in the loss of its expression (right). (B) A model of the regulatory mechanism of KNOX genes in the SAM.

Studies on genetic diversity of *Oryza* genomes/ species and mechanisms in reproductive isolation.

We are carrying out two major research subjects. One is analysis of genetic diversity of *Oryza* species in genome structure and phenotype by sequencing and phenotyping of a large number of strains. Genetic association studies will be done to identify responsible genes for genome and phenotype differentiation. The other is analysis of genetic factors playing roles in the reproductive isolation mechanism. This is performed by combining with the analysis of genetic programs underlying the processes from gametogenesis to embryogenesis ~ shoot formation in rice. We are also responsible for the research, generation and management of rice genetic resources of wild rice species collected in the NIG under the NBRP.

Ongoing research topics:

- Analysis of genetic diversity of wild species of rice for comparative genomics and speciation studies
- Analysis of genetic factors working in the reproductive isolation mechanism for speciation
- 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

Tsuda, K., Ito, Y., Sato, Y., and Kurata, N. (2011). Positive autoregulation of a KNOX gene is essential for shoot apical meristem maintenance in rice. *Plant Cell*, 23: 4368-4381.

Kubo, T., Yoshimura, A., Kurata, N. (2011). Hybrid male sterility in rice is due to epistatic interactions with a pollen killer locus. *Genetics* 189, 1083-1092.

Ito, Y., Kimura, F., Hirakata, K., Tsuda, K., Takasugi, T., Eiguchi, M., Nakagawa, K. and Kurata, N. (2011). Fatty acid elongase is required for shoot development in rice. *Plant J* 66, 680-688.

Nonomura, K-I, Eiguchi, M., Nakano, M., Takashima, K., Komeda, N., Fukuchi, S., Miyazaki, S., Miyao, A., Hirochika, H., and Kurata, N. (2011). A novel RNA-recognition-motif protein is required for premeiotic G1/S-phase transition in rice (*Oryza sativa* L.). *PLoS Genetics* 7, e1001265.

Ishikawa, R., Ohnishi, T., Kinoshita, Y., Eiguchi, M., Kurata, N., Kinoshita, T. (2011). Rice interspecies hybrids show precocious or delayed developmental transitions in the endosperm without change to the rate of syncytial nuclear division. *Plant J* 65, 798-806.

Mizuta, Y., Harushima, Y., and Kurata, N. (2010). Rice pollen hybrid incompatibility caused by reciprocal gene loss of duplicated genes. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 107: 20417- 20422.

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



青木敬太
助教 博(生命)
AOKI, Keita
D. Sc., Assistant Professor

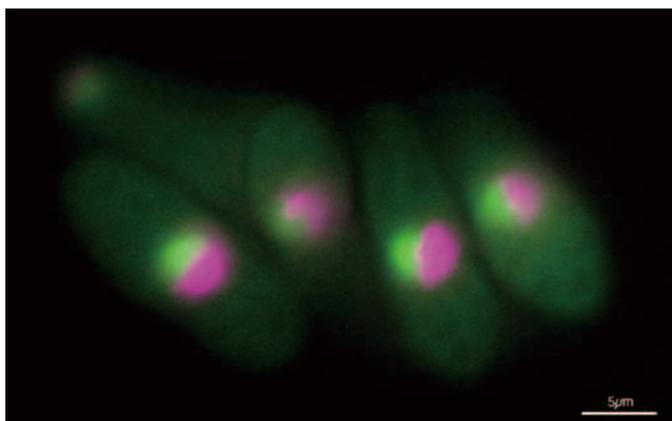


モデル単細胞を使った細胞分裂の遺伝制御のメカニズム

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を発見してきました。特に、このような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



図一 ジャポニカス分裂酵母。ヒストンと核小体タンパク質にそれぞれ異なる蛍光タンパク質を融合させることで、染色体(マゼンタ)と核小体(緑)の動きを生細胞内で同時に観察することが可能となった。

Figure - Image of *Sz. japonicus* cell. Histone and a nucleolar protein were fused to different fluorescent proteins in a cell. This made it possible to observe dynamics of chromosomes (magenta) and nucleoli (green) in living cells simultaneously.

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 novel observations in cell proliferation mechanism by using fluorescent-based protein or DNA imaging. Especially *Sz. japonicus* yeast suits for those cell biological analyses, and hyphal growth and hyphal cell cycle add special value on this organism. Our ongoing projects are 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.

Shiomi, D., and Niki, H. (2011). A mutation of *ispA* that is involved in isoprenoid biogenesis can improve growth of *Escherichia coli* at low temperatures. *Microbiol. Immunol.* **55**, 885-888.

Yanagihara, K., Niki, H., and Baba, T. (2011). Direct PCR amplification of the 16S rRNA gene from single microbial cells from an Antarctic iceberg using laser microdissection microscopy. *Polar Science* **5** (3), 375-382

Aoki, K., Hayashi, H., Furuya, K., Sato, M., Takagi, T., Osumi, M., Kimura, A., and Niki, H. (2011). Breakage of the nuclear envelope by an extending mitotic nucleus occurs during anaphase in *Schizosaccharomyces japonicus*. *Genes Cells* **16**, 911-926.

Furuya, K., and Niki, H. (2010). The DNA damage checkpoint regulates a transition between yeast and hyphal growth in *Schizosaccharomyces japonicus*. *Mol. Cell. Biol.* **30**, 2909-2917.

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**, 4807-4814.

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

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, Ryu
D. Sc., Professor



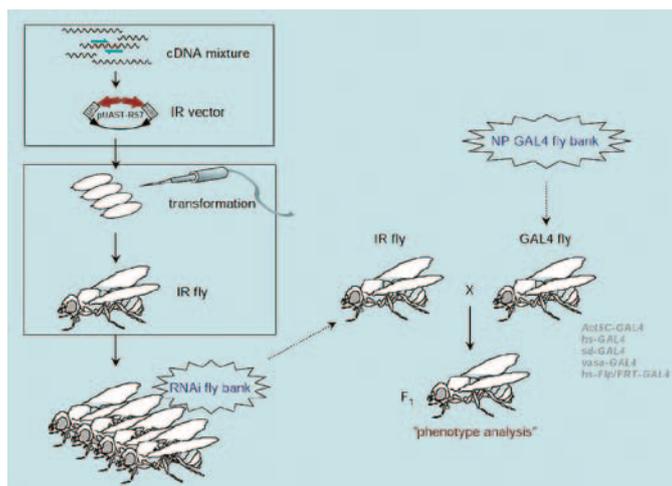
近藤 周
助教 理博
KONDO, Shu
D. Sc., Assistant Professor



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%はヒト遺伝子と相同です。これらの遺伝子を壊す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。

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が細胞内で配列特異的に遺伝子の機能を阻害する現象です。ターゲット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15,000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.

Kondo S., and Perrimon N. (2011). A genome-wide RNAi screen identifies core components of the G2-M DNA damage checkpoint. *Sci Signal* **4**, rs1.

Yamamoto-Hino, M., Kanie, Y., Awano, W., Aoki-Kinoshita, K. F., Yano, H., Nishihara, S., Okano, H., Ueda, R., Kanie, O., and Goto, S. (2010). Identification of Genes Required for Neural-Specific Glycosylation Using Functional Genomics. *PLoS Genet* **6**, e1001254.

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

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 β 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.

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

生物科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。

当研究室では遺伝資源情報データバンク研究事業(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をしています。



図一 ナショナルバイオリソースプロジェクト 総合検索サイト(BRW)-約550万件の全リソースをkeyword, sequence, gene ontology, referenceなどで検索することができる。

Figure - National BioResource Project - Integrated BioResource Database (BRW)- The BRW provides access to a collection of 5.5-million records on bioresources and supports summary browsing, keyword searching, and searching by DNA sequences, gene ontology or references.

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.

Rice WRKY Working Group (2012). Nomenclature report on rice WRKY's - Conflict regarding gene names and its solution. *Rice*. 5:3 Doi:10.1186/1939-8433-5-3

Saito, T., Ariizumi, T., Okabe, Y., Asamizu, E., Tanase, K., Yamazaki, Y., Fukuda, N., Aoki, K. and Ezura, H.(2011). "TOMATOMA": A Novel Tomato Mutant Database Distributing Micro-Tom Mutant Collections. *Plant and Cell Physiology* 52(2), 283-296.

Yamazaki, Y., Sakaniwa, S., Tsuchiya, R., Nonomura, K. and Kurata, N. (2010). Oryzabase: an integrated information resource for rice science. *Breeding Science* 60, 544-548.

Kurata, N., Satoh, H., Kitano, H., Nagato, Y., Endo, T., Sato, K., Akashi, R., Ezura, H., Kusaba, M., Kobayashi, M., Nitasaka, E., Kasai, R., Yamazaki, Y., and Yoshimura, A., (2010). NBRP, National Bioresource Project of Japan and plant bioresource management. *Breeding Science* 60, 461-468.

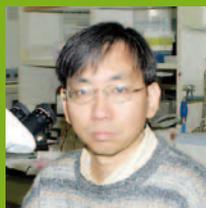
Yamazaki, Y. et al. (2010). NBRP databases: databases of biological resources in Japan. *Nucleic Acid Res.* 38, D26-D32.

小原研究室 Kohara Group

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



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



安達佳樹
助教 理博
ANDACHI, Yoshiaki
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。

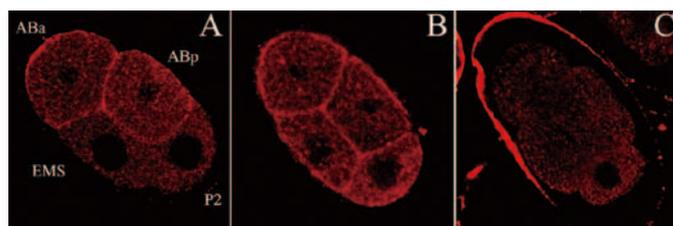


図 1 母性遺伝子 *glp-1* (Notch ホモログ) の *pos-1*, *spn-4* 遺伝子による翻訳調節。A) 野生型胚, B) *pos-1* 変異体, C) *spn-4* 変異体の 4 細胞期胚の GLP-1 抗体による染色。野生型では全割球に mRNA が存在するが、前側割球 *ABa*, *ABp* の細胞膜のみに GLP-1 タンパク質が見られる。変異体での発現パターンから *pos-1* と *spn-4* 遺伝子が逆向きの翻訳制御をおこなっていることがわかる。

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 a supporting system for large-scale genome analysis in the academic domain.

Sumiyoshi, E., Takahashi, S., Obata, H., Sugimoto A., and Kohara, Y. (2011). The beta-catenin HMP-2 functions downstream of Src in parallel with the Wnt pathway in early embryogenesis of *C. elegans*. *Developmental Biology* **355**, 302-312.

Mangone, M. Manoharan, A., Thierry-Mieg, D., Thierry-Mieg, J., Han, T., Mackowiak, S., Mis, E., Zegar, C., Gutwein, M.R., Khivansara, V., Attie, O., Chen, K., Salehi-Ashtiani, K., Vidal, M., Harkins, T.T., Bouffard, P., Suzuki, Y., Sugano, S., Kohara, Y., Rajewsky, N., Piano, F., Gunsalus, K.C., and Kim, J.K. (2010). The Landscape of *C. elegans* 3'UTRs. *Science* **329**, 432-435.

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.

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)
HIRATANI, Ichiro
D. Sci., Assistant Professor

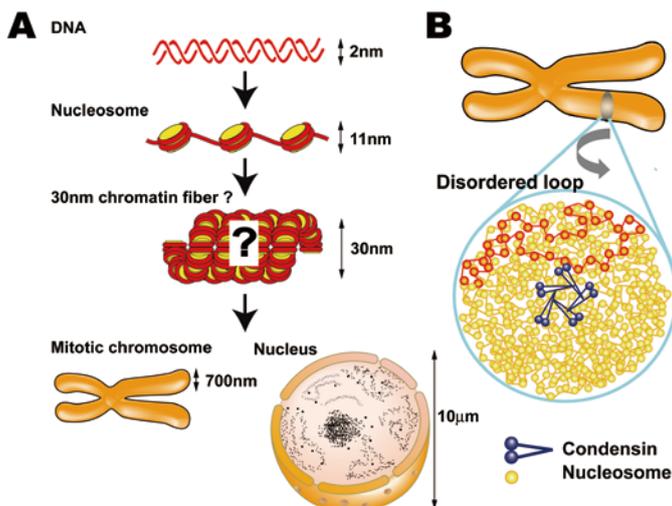


ゲノムクロマチンの折り畳み構造とダイナミクス

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、さらにはマウス細胞を用いた発生分化・エピジェネティクスなど、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、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
- マウス細胞をつかった細胞分化におけるクロマチンの高次構造変化(エピジェネティクス)
- ゲノムDNAの凝縮が放射線耐性を生み出す新しいメカニズム



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クロマチン線維が存在せず(A)、11nmのヌクレオソーム線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 and X-ray scattering, 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 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
- Genome-wide study of higher-order chromatin change(s) during mouse cell differentiation (Epigenetics)
- Novel mechanism to protect genome DNA from irradiation damage

Nishino, Y., Eltsov, M., Joti, Y., Ito, K., Takata, H., Takahashi, Y., Hihara, S., Frangakis, A.S., Imamoto, N., Ishikawa, T., et al. (2012). Human mitotic chromosomes consist predominantly of irregularly folded nucleosome fibres without a 30-nm chromatin structure. *EMBO J.* in press.

Takata, H., Nishijima, H., Maeshima, K., and Shibahara, K. (2012). The integrator complex is required for integrity of Cajal bodies. *J Cell Sci* 125, 166-175.

Maeshima, K., Hihara, S., and Takata, H. (2010). New insight into the mitotic chromosome structure: irregular folding of nucleosome fibers without 30-nm chromatin structure. *Cold Spring Harb Symp Quant Biol* 75, 439-444.

Hiratani, I., Ryba, T., Itoh, M., Rathjen, J., Kulik, M., Papp, B., Fussner, E., Bazett-Jones, D.P., Plath, K., Dalton, S., et al. (2010). Genome-wide dynamics of replication timing revealed by in vitro models of mouse embryogenesis. *Genome Res* 20, 155-169.

Maeshima, K., Iino, H., Hihara, S., Funakoshi, T., Watanabe, A., Nishimura, M., Nakatomi, R., Yahata, K., Imamoto, F., Hashikawa, T., et al. (2010). Nuclear pore formation but not nuclear growth is governed by cyclin-dependent kinases (Cdks) during interphase. *Nat Struct Mol Biol* 17, 1065-1071.

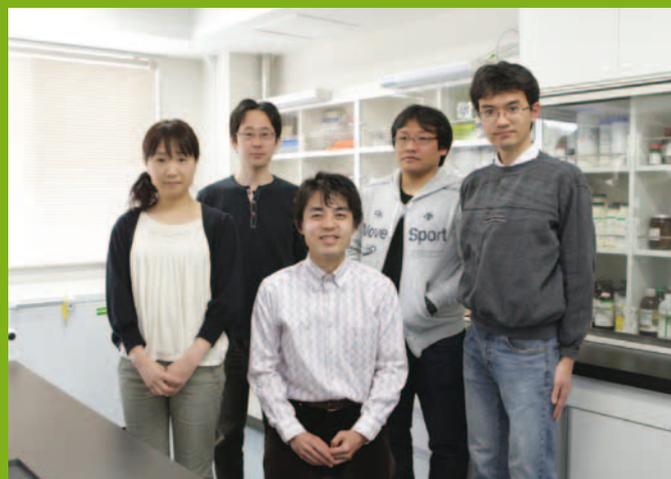
Maeshima, K., Hihara, S., and Eltsov, M. (2010). Chromatin structure: does the 30-nm fibre exist in vivo? *Curr Opin Cell Biol* 22, 291-297.

木村研究室 Kimura Group

http://www.nig.ac.jp/labs/CelArchi/cell_archi_home.html



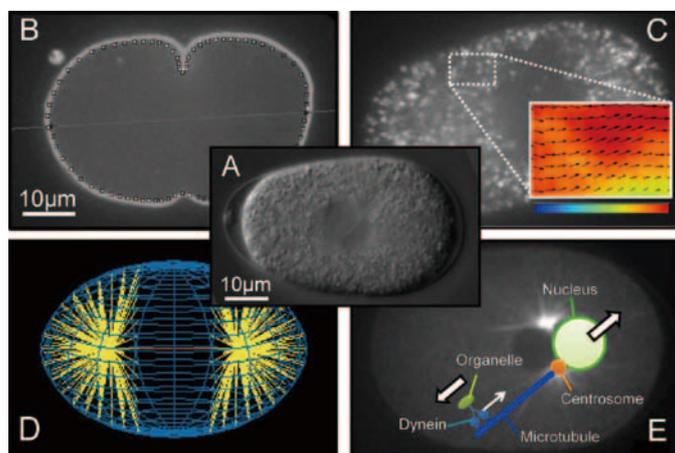
木村 暁
准教授 博(理)
KIMURA, Akatsuki
D. Sc., Associate Professor



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

細胞をあらわす「Cell」という英単語には「小さな部屋」という意味もあります。私たちが部屋の内装を考えるように、細胞も核など細胞内の構造体を適切なサイズに調節し適切な場所へと配置しています。また部屋のデザインによって快適性や機能が異なるように、細胞内構造体の空間配置の制御は細胞の機能発揮に重要です。本研究室では細胞を空間的に組織化された建築物と捉え、「細胞内にどのようなデザイン原理が存在するのか」、「デザインを決定する力学的な基盤は何か」について理解することをめざして研究をすすめています。現在、線虫 *C. elegans* の初期胚を主な対象として、定量的な計測・コンピュータシミュレーションなども取り入れながら、以下の研究課題に取り組んでいます。

1. 細胞内の核と紡錘体の配置や形づくりの解析
2. 染色体の動きと形づくりの解析
3. 細胞内流動や細胞分裂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) 細胞膜の形状の抽出。(C) 細胞内の流れの計測。(D) 細胞分裂に伴う中心体の分配のシミュレーション。(E) 細胞核移動の原動力のモデル。

Figure - (A) A *Caenorhabditis elegans* embryo. (B) Quantitative extraction of the cell shape. (C) Quantitative measurement of the cytoplasmic flow. (D) Computer simulation of the centrosome movements during cell division. (E) A proposed mechanism to move the cell nucleus.

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

The word “cell” means “a small room”, as well as the basic structural unit of living organisms. Just as we design the interior of our room, inside the living cell, intracellular structures 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 such principles. We are using the nematode *Caenorhabditis elegans* embryo as a model system. In addition to molecular biology and cell biology approaches, we exploit quantitative measurements and computer simulation to investigate the physical bases of the construction of Cell Architecture.

Our research subjects include,

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

Hayashi, H., Kimura, K., and Kimura, (2012) A. Localized accumulation of tubulin during semi-open mitosis in the *Caenorhabditis elegans* embryo. *Mol Biol Cell*, **23**, 1688-1699.

Koyama, H., Umeda, T., Nakamura, K., Higuchi, T., and Kimura, A. (2012). A high-resolution shape fitting and simulation demonstrated equatorial cell surface softening during cytokinesis and its promotive role in cytokinesis. *PLoS ONE* **7**, e31607.

Niwayama, R., Shinohara, K., and Kimura, A. (2011). The hydrodynamic property of the cytoplasm is sufficient to mediate cytoplasmic streaming in the *Caenorhabditis elegans* embryo. *Proc Natl Acad Sci USA* **108**, 11900-11905.

Kimura, K., and Kimura, A. (2011). Intracellular organelles mediate cytoplasmic pulling force for centrosome centration in the *Caenorhabditis elegans* early embryo. *Proc Natl Acad Sci USA* **108**, 137-142.

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

Niwayama, R., and Kimura, A. (2012). A cellular funicular: a hydrodynamic coupling between the anterior- and posterior-directed cytoplasmic flows. *Worm* **7**, 71-75.

Kimura, K., and Kimura, A. (2011). A novel mechanism of microtubule length-dependent force to pull centrosomes toward the cell center. *BioArchitecture* **7**, 74-79

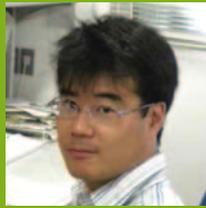
Hara, Y., and Kimura, A. (2011). Cell-size-dependent control of organelle sizes during development. *Results Probl Cell Differ*. **53**, 93-108.

木村暁 (2010) 細胞サイズの定量生物学. *生化学* **82**, 302-305.

澤 研究室 Sawa Group

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

澤 斉
教授 博士(医学)
SAWA, Hitoshi
D. Sci., Professor

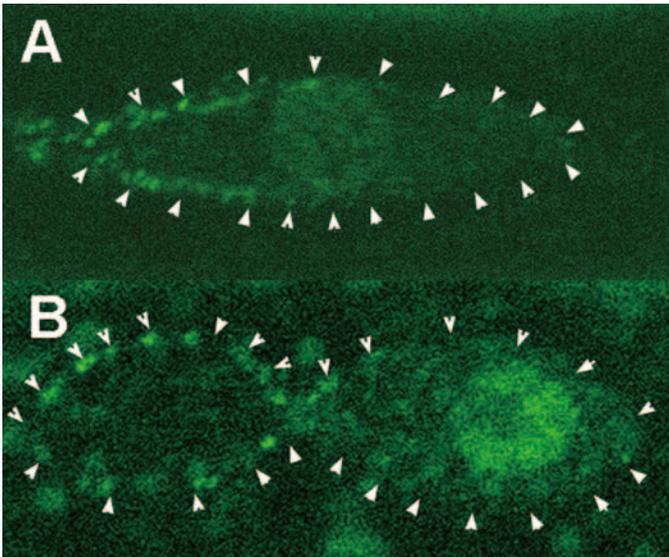


伊原伸治
助教 博(理)
IHARA, Shinji
D. Sci., Assistant Professor



線虫を用いた非対称細胞分裂機構の研究

多細胞生物体を正しく構築するには多種多様な細胞を秩序だてて作り出す必要があります。一つの細胞が分裂して生じた二つの娘細胞が異なる運命(その後の分化、分裂、移動、死など細胞のふるまい)を持つ非対称細胞分裂は細胞の多様性を生み出す基本的な機構です。例えば幹細胞は、非対称に分裂して幹細胞自身と、より分化した細胞を作り出すことが知られています。しかし、高等動物においては、個々の細胞の親子、姉妹の関係(細胞系譜)が不明なため、非対称分裂を研究することは困難です。線虫(*C. elegans*)は体が透明で、生きている状態で細胞系譜を簡単に観察することができます。われわれは線虫をモデルとして用い、細胞系譜の観察と遺伝学を組み合わせることで、細胞分裂が非対称になるメカニズムを研究しています。われわれは*C. elegans*のほとんどの細胞分裂の非対称性が β カテニンを介したWntシグナル伝達機構によって制御されていることを明らかにしています。数多くの細胞分裂の非対称性がどのように協調的に制御され、機能的な細胞集団を作り出すのか研究していきます。



図一 非対称分裂中の β カテニンの非対称な局在 (A)分裂前の局在 (B) 分裂終期での局在 矢印は細胞の輪郭を示す。同様の局在は線虫のほとんどの細胞分裂時に観察される。

Figure - Asymmetric localization of β -catenin during an asymmetric division. The localization before the division (A) and at telophase of division (B). Arrowheads indicate cell boundary. Similar localization can be observed during most cell divisions in *C. elegans*.

Mechanisms of asymmetric division in *C. elegans*

Proper development of multicellular organisms requires organized production of a variety of cell types. Asymmetric cell division that produces daughter cells with distinct cell fates is a fundamental mechanism by which cellular diversity is produced. For example, a variety of stem cells undergo self-renewing asymmetric divisions to produce differentiated cells and stem cells themselves. In higher animals, however, it is difficult to study asymmetric division due to lack of cell-lineage information. The nematode *C. elegans* is best-suited to study asymmetric division, because we can easily analyze cell lineages. By combining genetic and cell lineage analyses in *C. elegans*, we showed that asymmetries of a number of cell divisions that occur during development are controlled by Wnt signaling. We will elucidate how asymmetries of divisions are coordinately regulated to produce functional tissues and organs.

Shibata, Y., Uchida, M., Takeshita, H., Nishiwaki, K. & Sawa, H. (2012) Multiple functions of PBRM-1/Polybromo- and LET-526/Osa-containing chromatin remodeling complexes in *C. elegans* development. *Dev. Biol.* **361**, 349-357

Ihara, S., Hagedorn E. J., Morrissey M. A., Chi Q., Motegi, F., Kramer J. M. and Sherwood D. R. (2011) Basement membrane sliding and targeted adhesion remodels tissue boundaries during uterine vulval attachment in *C. elegans*. *Nature Cell Biology* **13**, 641-51

Sugioka, K., Mizumoto, K. & Sawa, H. (2011) Wnt regulates spindle asymmetry to generate asymmetric nuclear β -catenin in *C. elegans*. *Cell* **146**, 942-954

Yamamoto, Y., Takeshita, H. & Sawa, H. (2011) Multiple Wnts redundantly control polarity orientation in *Caenorhabditis elegans* epithelial stem cells. *PLoS Genetics* **7**, e1002308

Shibata, Y., Takeshita, H., Sasakawa, N., and Sawa, H. (2010) Double bromodomain protein BET-1 and MYST HATs establish and maintain stable cell fates in *C. elegans*. *Development* **137**, 1045-1053.

Arata, Y., Lee, J. Y., Goldstein, B., and Sawa, H. (2010) Extracellular control of PAR protein localization during asymmetric cell division in the *C. elegans* embryo. *Development* **137**, 3337-3345.

Mizumoto, K., and Sawa, H. (2007) Cortical β -catenin and APC regulate asymmetric nuclear β -catenin localization during asymmetric cell division in *C. elegans*. *Developmental Cell* **12**, 287-299.

Goldstein, B., Takeshita, H., Mizumoto, K. and Sawa, H. (2006) Wnt signals can function as positional cues in establishing cell polarity. *Developmental Cell* **10**, 391-396.

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

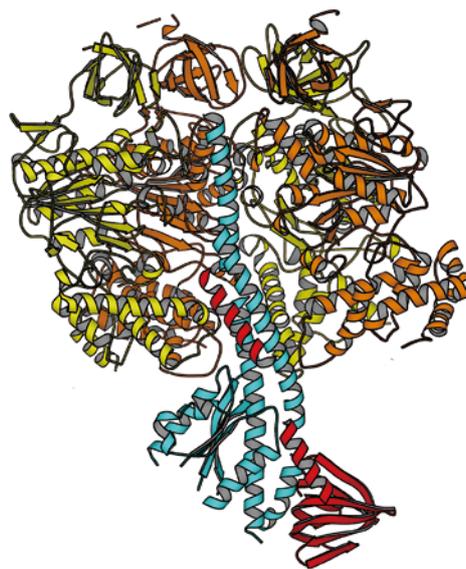
構造生物学の立場から見て重要なタンパク質、その集合体(超分子)の立体構造を決定します。生命を支える様々な機構を分子レベルで理解するためには、そこで働くタンパク質を中心とした分子の立体構造の知識が重要な役割を果たすからです。更に、例えばリガンドが結合してタンパク質の状態が変化した時に起こる構造変化を追跡することによって、作用機序の直接の理解することも目指します。

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。 β サブユニットは黄色、 α オレンジ、 γ 青、 ϵ 赤で示す。新規の、ヌクレオチド結合状態と ϵ 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. β -subunits are shown in yellow, α -subunits red, γ cyan and ϵ magenta. The structure shows a novel nucleotide occupancy and a novel conformation of the ϵ -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 β - δ $\nu\nu\iota\tau$ 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

Itou, H., Watanabe, N., Yao, M., Shirakihara, Y., and Tanaka, I. (2010). Crystal structures of the multidrug binding repressor *Corynebacterium glutamicum* CgmR in complex with inducers and with an operator. *J Mol Biol.* 403, 174-184

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., Chantawanakul, P., and 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.

鈴木研究室 Suzuki Group

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

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



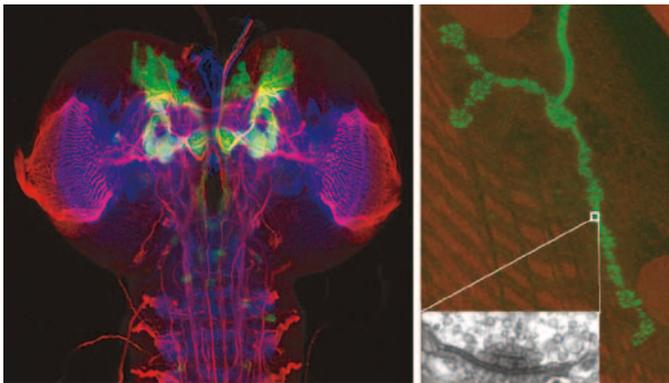
來栖 光彦
助教 博(理)
KURUSU, Mitsuhiro
D. Sc., Assistant Professor



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。



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: Laminar 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.

Suzuki, E., Masai, I., and Inoue, H. (2012). Phosphoinositide metabolism in *Drosophila* phototransduction: A coffee break discussion leads to 30 years of history. *J. Neurogen.* **26**, 34-42.

Yasunaga, K., Kanamori, T., Morikawa, R., Suzuki, E., and Emoto, K. (2010). Dendrite reshaping of adult *Drosophila* sensory neurons requires matrix metalloproteinase-mediated modification of the basement membranes. *Dev. Cell.* **18**, 621-632.

Kurusu, M., Maruyama, Y., Adachi, Y., Okabe, M., Suzuki, E., and Furu-kubo-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.

五條堀研究室 Gojobori Group

<http://night.nig.ac.jp/labs/DnaData/>



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



野澤昌文
助教 博士(理学)
NOZAWA, Masafumi
D.Sc., Assistant Professor



ゲノム配列と遺伝子発現からみた分子進化学

本研究室では、生物が新規の形質や特性を獲得するための分子基盤とその進化過程の解明を目指して、細菌やウイルス、動物を材料としてゲノム配列や遺伝子発現情報の比較解析を行っています。近年は特に(1)次世代シーケンサーから得られた配列情報の解析および解析技法の開発、(2)中枢神経系や感覚器の進化に伴う遺伝子発現変化の解明を中心に、以下の研究を進めております。

- 蛋白質の翻訳開始機構の比較ゲノム解析
- 次世代シーケンサーを用いたウニ幼生神経系の遺伝子発現解析
- 渦鞭毛藻ワルノピアのもつオセルス型眼点の進化的起源
- 刺胞動物における眼の進化—眼形成関連遺伝子の比較発現解析
- メタゲノム解析による赤潮の海洋生態遺伝研究
- 全ゲノム重複によるゲノムや生物の進化
- 生物情報学的手法を用いた候補種分化遺伝子の同定
- ショウジョウバエにおけるmicroRNAとその標的遺伝子の共進化
- 感覚器形成に関わる遺伝子ネットワークの進化
- セルイノベーションとその情報プラットフォームの構築
- 次世代ペタコン「京」を利用した比較ゲノム解析
- 新型シーケンサーによる比較ゲノム解析

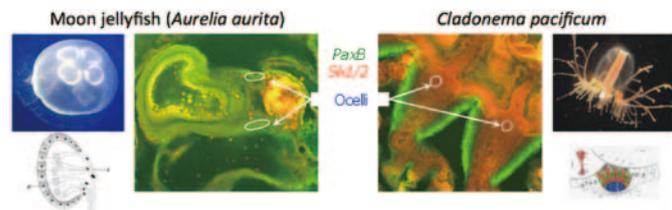


図 1 2種の刺胞動物(クラゲ)における *paxB* (緑色)および *six1/2* (赤色)遺伝子の発現を示した。(左)ミスクラゲ、(右)エダアシクラゲ(共にメデューサ期)、Ocelli: 眼(眼点)。刺胞動物には様々なタイプの眼がみられる。ミスクラゲはレンズのないカップ型の眼、エダアシクラゲはレンズを伴う眼をもち、眼の多様化を研究する良いモデルとなる。*pax6* (*paxB*)は動物全般において眼の形成を司るマスター遺伝子であると考えられているが、刺胞動物においては *six1/2* がより眼の近傍に発現しており、眼形成において重要な役割を果たしている可能性が考えられる。

Figure 1 - Expression of eye patterning genes, *paxB* (green) and *six1/2* (red) in two species of jellyfish. While *pax6* (*paxB* in jellyfish) is well known as a master control gene for eye formation, *six1/2* is also expressed in the area adjacent to ocellus and possibly takes a major role in jellyfishes.

Study for molecular evolution using genomic sequence and gene expression profile

We study the evolutionary process for acquisition of novel features by comparative genomics and molecular evolutionary approaches, using virus, bacteria and higher animals. Recently, we focus more upon (1) Analysis of data obtained from Next-generation sequencer and its related analytic tool developments and (2) Evolutionary dynamics of gene expression profiles underlying the evolution of central nervous system and sensory organs. Currently ongoing studies are as follows:

- Dynamic evolution of translation initiation mechanisms
- Gene expression profile in sea urchin nervous system
- Search for the evolutionary origin of protozoan lens-eye
- Evolution of jellyfish eye – Comparative gene expression analysis
- Marine ecological genetics of red tide by metagenomic approach
- Evolution of genomes and organisms through whole genome duplications
- Identification of candidate speciation genes by using bioinformatic approach
- Testing the coevolution between microRNAs and their target genes in *Drosophila* species
- Construction of bio-platform for the cell innovation project
- Comparative genome analysis on the "K computer"
- Comparative genome analysis using the Next Generation Sequencers

Taniya, T., Tanaka, S., Yamaguchi-Kabata, Y., Imanishi, T., Gojobori, T. (2012). A prioritization analysis of disease association by data-mining of functional annotation of human genes. *Genomics* **99**, 1-9.

Wang, C., Kazuki, Y., Oshimura, M., Ikeo, K., Gojobori, T. (2011). Gene dosage imbalance of human chromosome 21 in mouse embryonic stem cells differentiating to neurons. *GENE* **481**, 93-101.

Hwang, J. S., Takaku, Y., Momose, T., Adamczyk, P., Özbek, S., Ikeo, K., Khalturin, K., Hemmrich, G., Bosch, T. C., Holstein, T. W., David, C. N., Gojobori, T. (2010). Nematogalectin, a nematocyst protein with GlyXY and galectin domains, demonstrates nematocyte-specific alternative splicing in *Hydra*. *Proc Natl Acad Sci USA*. **107**, 18539-18544.

Nakagawa, S., Niimura, Y., Miura, K., Gojobori, T. (2010). Dynamic evolution of translation initiation mechanisms in prokaryotes. *Proc Natl Acad Sci USA* **107**, 6382-6387.

Chapman, J. A., ..., Hayakawa, S., Hirose, M., Hwang, J.S., Ikeo, K., Nishimiya-Fujisawa, C., Ogura, A., Gojobori, T., Fujisawa, T., Steele, R.E. et al. (2010). The Dynamic Genome of *Hydra*. *Nature* **464**, 592-596.

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

中村研究室 Nakamura Group

http://charles.genes.nig.ac.jp/



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



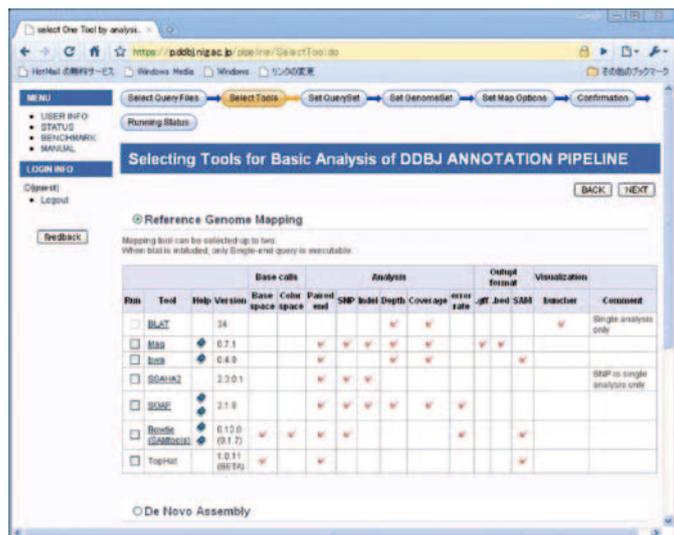
神沼英里
助教 博士(工)
KAMINUMA, Eri
D. Eng., Assistant Professor



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。中村研究室は、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めます。

- 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), Nakamura laboratory attempts 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.

Kodama, Y., Mashima, J., Kaminuma, E., Gojobori, T., Ogasawara, O., Takagi, T., Okubo, K., and Nakamura, Y. The DNA Data Bank of Japan launches a new resource, the DDBJ Omics Archive of functional genomics experiments. *Nucleic Acids Research*:40 (*Database issue*): D38-42

Cochrane, G., Karsch-Mizrachi, I., and Nakamura, Y.; On behalf of the International Nucleotide Sequence Database Collaboration. (2011). The International Nucleotide Sequence Database Collaboration. *Nucleic Acids Res* 39 (*Database issue*), D15-8.

Kaminuma, E., Kosuge, T., Kodama, Y., Aono, H., Mashima, J., Gojobori, T., Sugawara, H., Ogasawara, O., Takagi, T., Okubo, K., and Nakamura, Y. (2010). DDBJ progress report. *Nucleic Acids Res.* 39 (*Database issue*), D22-7.

Inagaki, S., Miura-Kamio, A., Nakamura, Y., Lu, F., Cui, X., Cao, X., Kimura, H., Saze, H., and Kakutani, T. (2010). Autocatalytic differentiation of epigenetic modifications within the Arabidopsis genome. *EMBO J* 29(20), 3496-506.

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.* 38 (*Database issue*), D379-381.

Kaminuma, E., Mashima, J., Kodama, Y., Gojobori, 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.

高木研究室

Takagi Group

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

高木利久
教授 博士(理)
TAKAGI, Toshihisa
D. Sc., Professor



並列分散処理技術のゲノム情報処理への適用研究

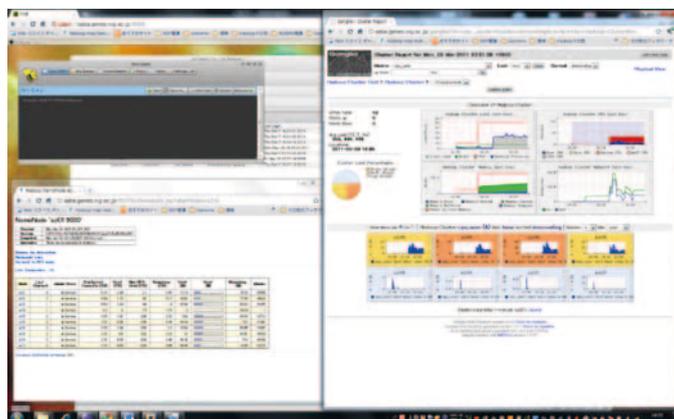
遺伝研スーパーコンピュータシステムを利用したゲノム情報処理への並列分散コンピューティング技術、広域分散処理技術の適用研究を行っています。

● 並列分散処理技術のゲノム情報処理への適用研究

急激に容量が増大する各種遺伝子情報解析データを処理する為の技術として、ビッグデータをハンドリングする為の各種並列分散処理技術(Hadoop、分散KeyValueStore等)の適用研究を行っています。また、従来大型計算機で処理していた各種大規模DBデータを、データ量の増大に対応が容易なコストパフォーマンスの高いクラスター型並列計算機上で高速処理する為の研究を行っています。

● 現広域分散コンピューティング技術のゲノムデータ共有環境への適用研究

次世代シーケンサー登場以降の解析データの加速度的増大により、DDBJが外部研究機関と交換しなければならないゲノムデータ容量は加速度的に増加し、公開、交換、共有が次第に困難になってきています。これらの困難を克服し、今後の国内、海外研究機関との広域分散環境下でのデータ交換、共有の必要性に対応する為に、グリッドコンピューティング分野、クラウドコンピューティング分野の各種技術の遺伝研スーパーコンピュータシステムへの適用研究を行っています。



図一 Hadoopを利用した分散データ処理のテスト

Figure - Data processing tests using Hadoop distributed environment

Application study of parallel-distributed computing technology to genome data processing

We have been conducting application study of parallel-distributed computing technology and wide area distributed computing technology to genome data processing.

● Application study of parallel-distributed computing to genome data processing

We conduct feasibility study for applying new parallel-distributed computing technology such as Hadoop and distributed key-value store to genome data processing. We conduct research to handle large genome data in parallel cluster computer which has elasticity for rapid data growth in bioinformatics.

● Application study of wide-area distributed computing technology to large genome data exchange service

In the NGS era, we have been facing the difficulty to exchange, deposit and share a large amount of data among external researchers. To overcome this difficulty, we have been conducting application study of current grid computing technology and cloud computing technology to the large genome data processing in NIG supercomputing environment.

Kaminuma, E., Kosuge, T., Kodama, Y., Aono, H., Mashima, J., Gojobori, T., Sugawara, H., Ogasawara, O., Takagi, T., Okubo, K., and Nakamura, Y. (2011). DDBJ progress report. *Nucl. Acids Res.* **39** (suppl 1): D22-D27

Kodama, Y., Mashima, J., Kaminuma, E., Gojobori, T., Ogasawara, O., Takagi, T., Okubo, K., and Nakamura, Y. (2012). The DNA Data Bank of Japan launches a new resource, the DDBJ Omics Archive of functional genomics experiments. *Nucl. Acids Res.* **40**: D38-D42; doi:10.1093/nar/gkr994.

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.

The DNA Data Bank of Japan launches a new resource, the DDBJ Omics Archive of functional genomics experiments.

Kodama Y, Mashima J, Kaminuma E, Gojobori T, Ogasawara O, Takagi T, Okubo K, Nakamura Y. (2012) *Nucleic Acids Res.* 40(Database issue):D38-42.

DDBJ progress report.

Kaminuma E, Kosuge T, Kodama Y, Aono H, Mashima J, Gojobori T, Sugawara H, Ogasawara O, Takagi T, Okubo K, Nakamura Y. (2011) *Nucleic Acids Res.* 39(Database issue):D22-27.

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., Gojobori 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., Gojobori 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

藤山研究室 Fujiyama Group

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



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



豊田 敦
特任准教授 理博
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

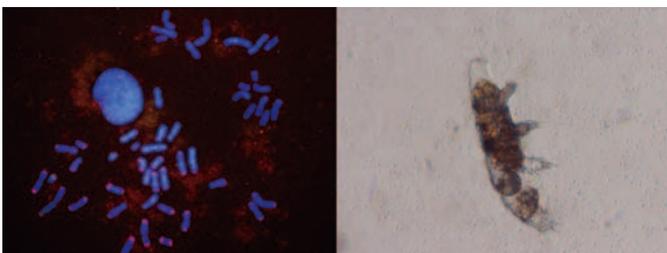
ゲノム研究から得られる多様な遺伝情報は、現代の生命科学研究にとって欠くべからざるものとなっています。ゲノムに書き込まれた情報を、さまざまな生命現象と照らし合わせながら解読することにより、生命原理の探求を進める基礎生物学だけではなく、医療、創薬、育種、環境保全、物質生産などさまざまな応用研究の基盤となる「遺伝情報」を得られることが期待されています。

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、ゲノム構造多様性の徹底的な解読を通じて生命現象の原理原則を理解することを目標に、日々の研究活動を行っています。(図を参照)。

また、当研究室は、今年度に発足した先端ゲノミクス推進センターとともに、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先端ゲノミクス研究を進めており、多くの外部研究機関との共同研究を積極的に進めています。

当面の課題として、以下のテーマに取り組んでいます。

- 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



図一 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
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 bearing eggs in its belly

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 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.

Takami H, Noguchi H, Takaki Y, Uchiyama I, Toyoda A, Nishi S, Chee GJ, Arai W, Nunoura T, Itoh T, Hattori M, Takai K. (2012). A Deeply Branching Thermophilic Bacterium with an Ancient Acetyl-CoA Pathway Dominates a Subsurface Ecosystem. *PLoS One*. 7, e30559.

Murtagh V, O'meally D, Sankovic N, Delbridge ML, Kuroki Y, Boore JL, Toyoda A, Jordan KS, Pask AJ, Renfree MB, Fujiyama A, Graves JA, Waters PD. (2011). Evolutionary history of novel genes on the tammar wallaby Y chromosome: Implications for sex chromosome evolution. *Genome Res*. Nov 29, Epub

Renfree MB, ...Kuroki Y, ...Toyoda A, ... Fujiyama A, et al. (2011). Genome sequence of an Australian kangaroo, *Macropus eugenii*, provides insight into the evolution of mammalian reproduction and development. *Genome Biol*. 12, 414

Shinzato C, Shoguchi E, Kawashima T, Hamada M, Hisata K, Tanaka M, Fujie M, Fujiwara M, Koyanagi R, Ikuta T, Fujiyama A, Miller DJ, Satoh N (2011). Using the *Acropora digitifera* genome to understand coral responses to environmental change. *Nature*. 476, 320-323.

Takahashi S, Toyoda A, Sekiyama Y, Takagi H, Nogawa T, Uramoto M, Suzuki R, Koshino H, Kumano T, Panthee S, Dairi T, Ishikawa J, Ikeda H, Sakaki Y, Osada H (2011). Reveromycin A biosynthesis uses RevG and RevJ for stereospecific spiroacetal formation. *Nat Chem Biol*. 7, 461-468.

Watanabe T, Tomizawa S, Mitsuya K, Totoki Y, Yamamoto Y, Kuramochi-Miyagawa S, Iida N, Hoki Y, Murphy PJ, Toyoda A, Gotoh K, Hiura H, Arima T, Fujiyama A, Sado T, Shibata T, Nakano T, Lin H, Ichiyanagi K, Soloway PD, Sasaki H (2011). Role for piRNAs and non-coding RNA in de novo DNA methylation of the imprinted mouse *Rasgr1* locus. *Science*. 332, 848-852.

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分化します。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を形成します。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分化・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。

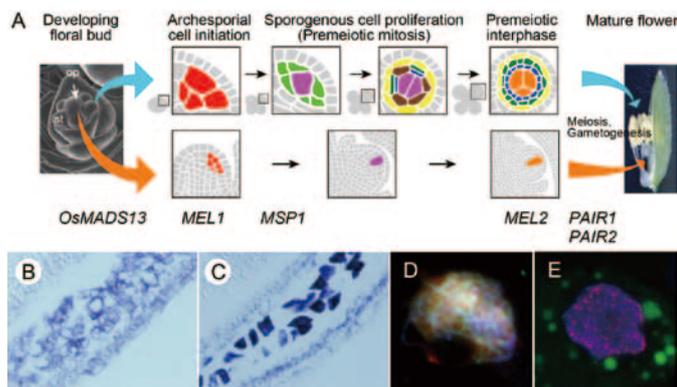


図 1 イネの生殖細胞発生過程の分子細胞遺伝学的解析。(A) イネの始原生殖細胞の分化から減数分裂に至る過程の模式図。上段は1つの葯室の横断面、下段は胚珠原基の縦断面。赤が始原生殖細胞、オレンジが減数分裂細胞を表す。当研究室が単同定したイネ生殖関連遺伝子名を最下段に示す。(B-E) イネ *mel2* 突然変異体の解析。(B, C) 減数分裂前生殖細胞で特異的に発現する *MEL1* 遺伝子の発現(青色)。正常型 (B) では減数分裂期に *MEL1* 発現が低下するが、*mel2* 変異体 (C) では低下しない。(D, E) 減数分裂第一前期の花粉母細胞の抗体染色。正常型 (D) では相同染色体の対合に必須の蛋白質 *PAIR2*(紫)と *ZIP1*(緑)が核に蓄積し、特に *ZIP1*が相同染色体間の結合を強固にするが、*mel2* 変異体 (E) のほとんどの細胞で *ZIP1*の染色体へのローディングが異常になる。染色体は DAPI(青)で対比染色した。

Figure - Molecular cytogenetic analyses of germ-cell development in rice. (A) A schematic illustration of reproductive-cell development from initiation of primordial germ cells to meiosis in rice. Top and bottom drawings indicate the cross sections of an anther lobe and the longitudinal sections of ovule primordium, respectively. Red indicates primordial germ cells, orange; meiocytes. Beneath the pictures, reproduction-related genes that we have identified so far are shown. (B-E) Molecular cytogenetic analyses of *mel2* mutant. (B, C) *In situ* hybridization of *MEL1* gene, the marker specific for premeiotic germ cells, to anthers at meiotic prophase I. In the wild type (B), *MEL1* expression has been downregulated, and in contrast in the *mel2* mutant (C), it has been expressed strongly, indicating that *mel2* germ cells fail to enter meiosis. (D, E) Immunofluorescent staining of meiotic proteins for pollen mother cells at zygotene. In the wild type (D), meiotic proteins *PAIR2* (purple) and *ZIP1* (green) are accumulated and loaded on homologous chromosomes, and in contrast in *mel2* mutant (E), both proteins fail to load normally on chromosomes. Chromosomes are counter-stained with DAPI (blue).

Molecular cytogenetics of plant germ-cell development

Primordial germ cell is differentiated from hypodermis of stamen (male) and pistil (female) primordia in angiosperm species. Primordial germ cells are divided mitotically several times, and produce 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 conducted 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).

Nonomura, K. I., Eiguchi, M., Nakano, M., Takashima, K., Komeda, N., Fukuchi, S., Miyazaki, S., Miyao, A., Hirochika, H. and Kurata N. (2011) A novel RNA-recognition-motif protein is required for premeiotic G1/S-phase transition in rice (*Oryza sativa* L.). *PLoS Genet.* 7, e1001265 (PMID: 21253568).

Yamaki, S., Nagato, Y., Kurata, N. and Nonomura, K. I. (2011) Ovule is a lateral organ finally differentiated from the terminating floral meristem in rice. *Dev. Biol.*, 351: 208-216.

Yamaki, S., Miyabayashi, T., Eiguchi, M., Kitano, H., Nonomura, K. I. and Kurata, N. (2010) Diversity of panicle branching patterns in wild relatives of rice. *Breed. Sci.* 60, 586-596.

Nonomura, K. I., Morishima, H., Miyabayashi, T., Yamaki, S., Eiguchi, M., Kubo, T. and Kurata, N. (2010) The wild *Oryza* collection in National BioResource Project (NBRP) of Japan: History, biodiversity and utility. *Breed. Sci.* 60, 502-508.

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.

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., Kurata N. (2007) A germ cell-specific gene of *ARGONAUTE* family is essential for the progression of premeiotic mitosis and meiosis during sporogenesis in rice. *Plant Cell* 19, 2583-2594.

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



研究成果の社会発信と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。

さらに、近年、研究の場においても、国際的な条約の対応の必要性が顕在化しています。特に、生物分野において、遺伝資源に関する、生物多様性条約に関する名古屋議定書に対するその対応が必要となってきました。知財室では、遺伝資源の適切な取り扱い方についての啓蒙活動、相談についても対応を今年度から始めました。

知的財産 IP	件数 QUANTITY
特許出願 (国内) Patent application (domestic)	3
特許登録 (国内) Patent registration (domestic)	10
特許登録 (海外) Patent registration (Foreign country)	3
ライセンス契約 Licensing	2
国際共同研究契約 (企業) Collaboration research contract (international, industry)	1
MTA Material Transfer Agreement	1,232
その他 Others	3

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 its mission to contribute to the advancement of fundamental science by aiming to produce innovation with research results from NIG.

〈招待講演〉

- ・AUTM Annual meeting 2012 Anaheim, MTA SIG: Lowering international barrier of material transfer. (2012.3)
- ・豊橋技術科学大学 MTA セミナー (2011.2)
- ・静岡県立大学 MTA セミナー (2011.7)
- ・AUTM-ASIA 2011 in Beijing, Technology transfer of Agriculture in Japan 2011. (2011.4)
- ・遺伝資源国際シンポジウム (九州大学 2011.02)
- ・国際シンポジウム: 国際的な産学官連携活動の推進 (東京医科歯科大学 2011.01)
- ・MTA セミナー ～研究サンプルの受領・提供に関する留意点～ (浜松医科大学 2011.01)
- ・The 10th Anniversary of Fundamental Science and Technology Act (National Chengchi University, Taiwan 2010.11)
- ・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」(東京医科歯科大学 2010.1) Intellectual Property International Conference (AIPPI, LES, Seoul, KOREA 2009.11) Current status of Technology Transfer in Japan
- ・第6回 UNITT 大学技術移転者実務ネットワーク (慶應義塾大学 2009.09) 企業への有体物移転
- ・AUTM2009 Western Region Meeting (Vancouver, CANADA 2009.09) Current status of Japanese Academia-Industry collaboration
- ・Intellectual Property International Conference (AIPPI, LES, Seoul, KOREA 2008.11) Open Innovation in Japan
- ・AUTM2008 Western Region Meeting (Hawaii 2008.08) Open Innovation of Life science

〈著書〉

- ・COP10報告と大学知財本部が注意すべきこと 後編(産学官連携ジャーナル 12月号 P.41-43 2010.12)
- ・COP10報告と大学知財本部が注意すべきこと 前編(産学官連携ジャーナル 11月号 P.50-51 2010.11)
- ・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)
- ・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 (平成19年度知的財産学術研究助成採択 財団法人機械産業記念事業財団 2007.11)

先端ゲノミクス推進センター

Advanced Genomics Center

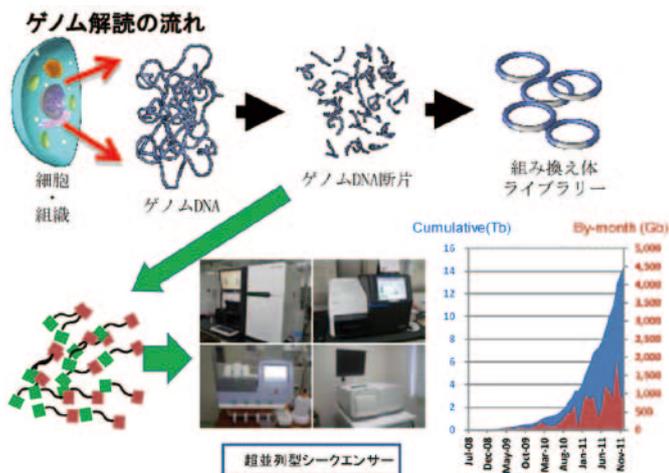
国立遺伝学研究所は、学術コミュニティからの大規模ゲノム解析の要望に応え、国内唯一のアカデミアDNAシーケンシングセンターを運用してきました。この間、メダカゲノム、ホヤゲノム、原始紅藻ゲノムの構造決定や、各種の生物を対象としたcDNA解析など多くの成果を上げています。

先端ゲノミクス推進センターは、コミュニティからの高度な次世代シーケンシング要請に随時応えることを可能にすべく、次世代ゲノム解析技術を基盤とする先端的ゲノム科学研究の共同利用・共同研究拠点として、2011年10月に設立されたものです。

先端ゲノミクス推進センターの活動

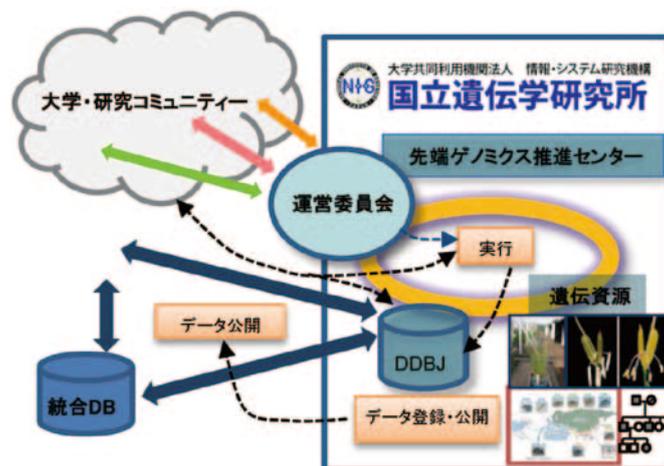
- 次世代型ゲノム情報解析パイプラインの開発と提供
- 所内外との連携による共同利用・共同研究の推進
- 情報共有と情報セキュリティ体制の確立
- 生命研究各分野への先端ゲノミクスの応用と支援
- 先端ゲノミクス分野の人材育成

大学や他の研究機関と連携して、さまざまな生物種のゲノムや遺伝子の配列解析を行っています



NIG Advanced Genomics Center was established October 1st, 2011, with the aim to combine the latest genomics technology, i.e., next generation sequencing, for example, and the genetic resources, that have been collected and constructed throughout the history of this institute, to create resources for new-generation genetics. Since such resources should have links among biological (phenotypic) annotations, data from genetic as well as genomic researches, this center will work closely with other laboratories of Genetic Strains Research Center, and research communities around the country. This center is also expected to become core facility for research communities to provide latest technologies and tools of the present-day genomics. To answer the expectations and heavy demand of genome analyses from the universities and research communities, the target projects that will be conducted in this center will be chosen through NIG's Collaborative Research Program that is open to researchers outside of NIG

共同研究・共同利用の流れ



先端ゲノミクス推進センターは、常に最先端の技術と情報をコミュニティに提供できるよう施設の整備を進めています。

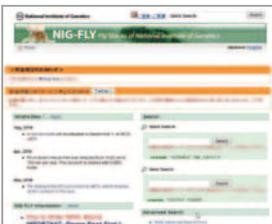
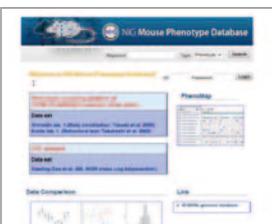


生物遺伝資源センター

Genetic Resource Center

生物遺伝資源センターでは、大腸菌／枯草菌、イネ、マウス、ショウジョウバエ、ゼブラフィッシュ、線虫、ヒドラなどの生物種について、生命科学を先導する様々な有用実験生物系統を開発し、それらの安定維持と国内外の大学や研究機関への分譲サービスを行っています。これらのバイオリソースに関する情報は、関連する知識情報とともに下記公開サイトから世界中に発信しています。また、大腸菌／枯草菌、イネ、ショウジョウバエ、ゼブラフィッシュでは、文部科学省のナショナルバイオリソースプロジェクト(NBRP)に参画し、各生物種の中核またはサブ機関として活動しています。さらに、NBRPの情報センターとして、国内のバイオリソース関連情報発信の中核として活動しています。

The Genetic Resource Center (GRC) has taken responsibility for development, preservation and distribution of forefront bioresources of various organisms including *E. coli/B. subtilis*, Rice, Mouse, and *Drosophila*, Zebrafish, *C. elegans* and Hydra. The above information is open to the public through the following web sites. The GRC participates actively in "National BioResource Project (NBRP)" of MEXT for *E. coli/B. subtilis*, Rice, *Drosophila* and Zebrafish as central or sub-central organization for each organism in the project. Furthermore, the GRC also contributes to NBRP as the national center of bioresource information, taking responsibility for supporting development and management of the relevant databases.

- | | | |
|---|--|--|
| <p>1 遺伝研のマウス系統</p> <p>NIG Mouse Genetic Resources
www.shigen.nig.ac.jp/mouse/nig/</p>  | <p>5 遺伝研のヒドラ系統</p> <p>Hydra Genetic Resources
www.nig.ac.jp/labs/OntoGen/overall.html</p>  | <p>9 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 & enhancer trap DB
kawakami.lab.nig.ac.jp/</p>  |
| <p>2 マウスマイクロサテライトデータベース</p> <p>Mouse Microsatellite DB
http://www.shigen.nig.ac.jp/mouse/mmdbj/</p>  | <p>6 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
www.nbrp.jp</p>  | <p>10 イネ総合データベース</p> <p>Integrated Rice Science Database
www.shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabaseV4/</p>  |
| <p>3 日本のマウス系統</p> <p>Japan Mouse/Rat Strain Resources Database
www.shigen.nig.ac.jp/mouse/jmsr/</p>  | <p>7 遺伝研のショウジョウバエ系統</p> <p>NIG Fly Stocks
www.shigen.nig.ac.jp/fly/nigfly/</p>  | <p>11 遺伝研の大腸菌リソース</p> <p>NBRP E.coli Strain
www.shigen.nig.ac.jp/ecoli/strain/</p>  |
| <p>4 マウス系統間SNP情報</p> <p>NIG Mouse Genome Database
molossinus.lab.nig.ac.jp/msmdb/</p>  | <p>8 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
www.nig.ac.jp/labs/DevGen/segmentation/</p>  | <p>12 遺伝研のマウス形質データベース</p> <p>NIG Mouse Phenotype Database
molossinus.lab.nig.ac.jp/phenotype/</p>  |



ナショナルバイオリソースプロジェクト

National BioResource Project (NBRP)

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



<http://www.nbrp.jp/office/>

日本のバイオリソース(生物遺伝資源)整備事業

●ナショナルバイオリソースプロジェクト(NBRP)とは

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、細胞及び遺伝子材料等のバイオリソース(生物遺伝資源)を、国として戦略的に整備する文部科学省の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5年間のプロジェクトとして開始されました。2007年度からは第2期のプロジェクトが実施され、2012年度からは第3期のプロジェクトへと引き継がれています。第1期、第2期のプロジェクトの遂行を通して、ほとんどのバイオリソースにおいて収集数、保存数及び提供数の目標が達成され質・量ともに充実してきました。一部のバイオリソースについては世界最高水準に達していると評価されています。第3期ではバイオリソースの質・量・使い易さをさらに高めるとともに、リソースのゲノム配列情報の整備、胚や配偶子の凍結保存技術等の基盤技術の開発にも努め、日本のみならず世界の生命科学の発展の礎となるよう貢献してまいります。

●体制と運営

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整備を行うとともに、バイオリソースの付加価値を高め、さらにバイオリソースに係る情報の整備を達成するため、(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。プロジェクトに参画している研究機関は、全国大学20機関超、理化学研究所、国立遺伝学研究所、国立環境研究所、基礎生物学研究所、生理学研究所、かずさDNA研究所、農業生物資源研究所、産業技術総合研究所、国立科学博物館等です。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コミュニティの指導や支援をいただいております。NBRP事務局は2009年度に国立遺伝学研究所内に設置され、プロジェクトを総合的に推進するため、必要な事務局業務を行っています。1)関係会議の開催実務 2)広報活動 3)プロジェクト推進のための支援業務 4)国際連携

●NBRPのリソースと実施プログラム



Introduction of national Bio Resource Project (NBRP)

The National BioResource Project (NBRP) is a national project designed and strategically established to secure biological genetic resources (bioresources) 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 bioresources 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 bioresources 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. The mission of the secretariat of NBRP is the following subjects; arrangement to hold relevant meetings, public relations activity, operational assistance to promote the project and international partnerships.

●NBRPの活動



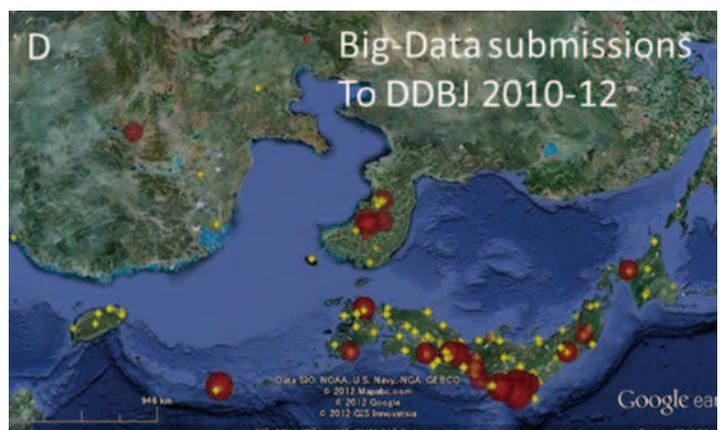
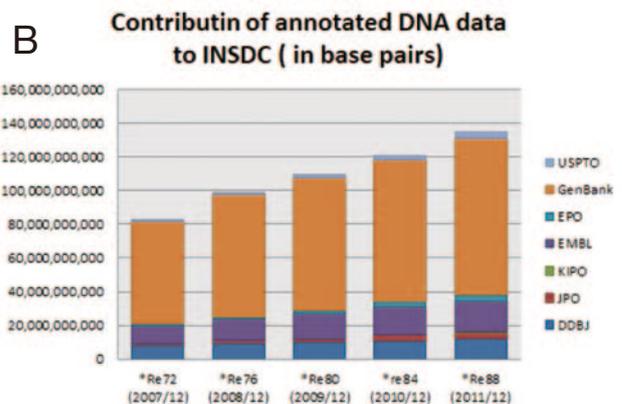
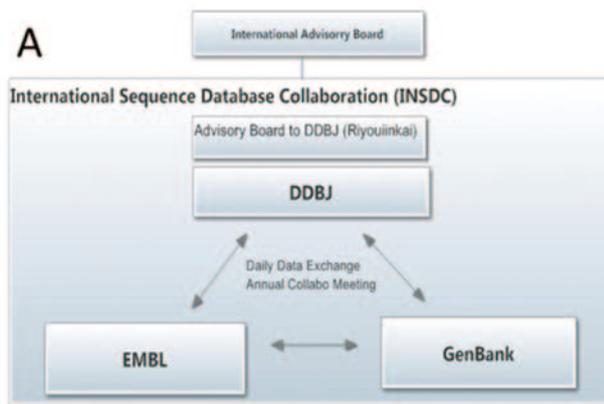
DDBJセンター

DDBJ Center

DDBJ(DNA Data Bank of Japan)は1987年に設立され学術論文や特許公報等を通じて公知にされるDNAデータをすべて網羅し、世界の公共財として維持管理する国際学術事業を行っています。

- この事業は過去25年間、欧州のEBI/EMBLおよび米国のNCBI/GenBankとの3者の協力体制で行われており、3者の間では受付後公開されるデータは毎日交換され、世界共通のデータベース「INSD 国際塩基配列データベース」が作られます。3者のどこで登録を受けても世界で同時に公開されます。
- またDDBJ事業は所外委員会であるDNAデータ利用委員会に加えてEBI,NCBI,DDBJがそれぞれ委嘱する外部委員会である国際諮問委員会によって監督されています(パネルA)。
- DDBJの日々の事業は、受付査定・データ交換・データ更新・データ提供の4つの柱からなり教員の指導下で約10名ずつのエンジニアとアナテーターを中心に行われています。(パネルB) DDBJへは毎年3000~4000の研究グループがデータ登録し、件数では全INSDの10%強を占めています。また日本・米国・欧州の特許庁の協力による特許配列の公開事業でも集積交換公開に国際塩基配列データベースが利用されており、日本に加えて韓国特許庁由来のデータも韓国バイオインフォマティック研究所(KOBIC)の協力でDDBJに登録されます。(パネルC)。DDBJへデータ登録する研究者は事業開始依頼国内の研究者が中心ですがアジア諸国や中近東の研究者も含まれます。(パネルD) 2007年には文部省統合データベースプロジェクトでDDBJに生データアーカイブ(DRA)が設置され、2010年には理研から初の日本人全ゲノムデータの登録を受けました。

- DDBJ(DNA DataBankJapan)was established in 1987 and joined international DNA data exchange and archiving scheme between GenBank and EMBL. This tripartite collaboration is called INSDC (International Sequence Database Collaboration).
- DDBJ, as well as GenBank and EMBL is serving as one of three data inlet and outlet to the "INSD".
- DDBJ is reviewed and advised by its own advisory board and also by international advisory board to INSDC.
- Daily operation of DDBJ is performed by 10 bio-annotators and 10 system engineers under staffs' supervision.
- Every year increasing amount of DNA sequence are submitted to DDBJ by almost constant numbers of groups, 3,000~4000, for the last 10 years. It always consists about 10% of INSD records.
- Since 1993, Patent claimed DNA sequence are also submitted to DDBJ by Japan Patent Office because INSD is used as a framework of sequence data exchange among JPO,USTPO,and EPO. Recently, KPO started to join this data sharing though DDBJ with help of Korean Bioinformatics Institute.
- Reserchers who use DDBJ to add their data in INSD has been mostly Japanese (>90% of Japanese submit the data to DDBJ), but recently researchers in neighboring countries countries also uses DDBJ to some extent.
- In 2007, MEXT database integration project started Raw sequence data archive (DRA) to be maintained in DDBJ.
- In 2010, RIKEN team submitted the first Japanese Personal genome to DRA.



●Google earth map picture was created by Kouji Watanabe based on the data provided by Kazama upon request and scenario from K.O.

国立遺伝学研究所スーパーコンピュータシステム

NIG supercomputing system

計測技術の急速な発展により爆発的に増大している塩基配列データのデータベース化と検索、解析の為に、一方で節電要求に対応する為に、当研究所では省電力で大容量データの高速解析が可能であり、かつ多様な解析需要を満たす最新鋭スーパーコンピュータを2012年3月に導入しました。計算資源は2012年、2014年の2段階で導入されます。2012年3月に導入された計算機資源は下表の通りです。

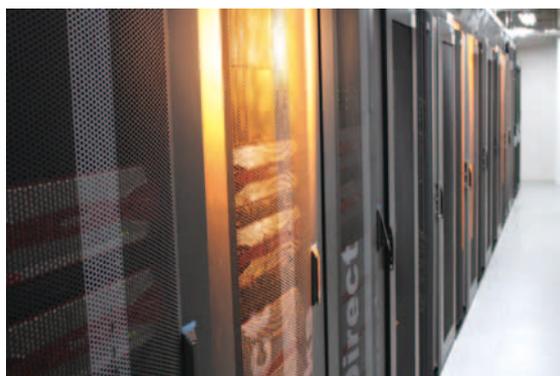
本スーパーコンピュータシステムは、当研究所の研究者のみならず、国内研究機関、企業の各研究者も利用審査の上利用可能となっており、日本国内の研究者から大きな期待を寄せられる国内有数のスーパーコンピュータシステムとなっています。

To overcome the difficulties of handling recent research data deluge, we have installed a high performance, as well as low electric power consumption, super-computing system in Mar 2012. This system is going to be installed in two phases (2012 and 2014). The specifications of the current system installed this year are shown in Table 1.

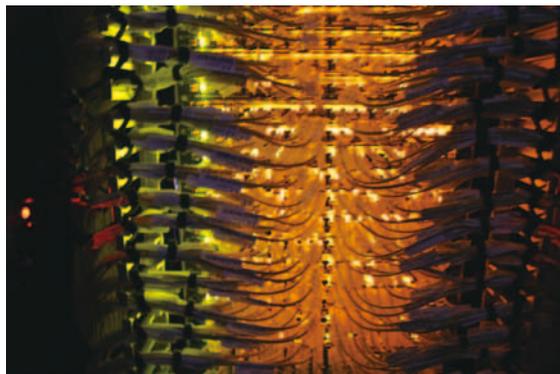
This supercomputing system is available to any researchers belonging to research organizations in Japan. So this system is expected to play an important role in the development of life sciences in Japan.

表1 2012年度 計算機システム概要 Table1: Computing system installed in 2012

	項目 Items	機器仕様・用途概要 Specifications	2012年導入数量 Amount of hardware (2012)
1	Thin計算ノード Thin node	Memory 64GByte CPU Xeon E5-2600×2 16 Core	352 node (64台にGPGPU搭載)
2	Medium計算ノード Medium node	Memory 2TByte CPU Xeon E7-4870 ×10 80 Core	2 node
3	Fat計算ノード (Fat node)	Memory 10TB CPU Intel Xeon E7-8837 768 Core	1 node
4	ディスク装置 (省電力領域) Electric power saving storage	バックアップ、アーカイブ用途 For archive or backup use.	3PByte
5	ディスク装置 (高速領域) High performance storage	並列ファイルシステムLustreにより全計算ノードからの高速並列アクセスが可能なディスク領域。ホーム/scratch領域に利用 Every computing node can access the high performance storage via Lustre file system. This storage used as home area or job scratch area	2PByte



システム全景(2012年度分)



計算ノードおよび計算ノード間相互接続ネットワーク(InfiniBand QDR)

「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

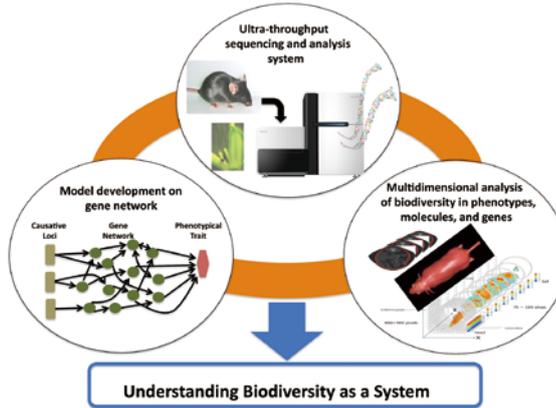
遺伝研で研究しているメンバー

- 博士研究員 木曾-岡彩子
- 博士研究員 商 維暉
- 博士研究員 辰本 将司
- 博士研究員 春島 嘉章
- 特任研究員 堀内 陽子
- 特任研究員 松崎 肖子
- 特任研究員 望月 孝子

Members at NIG

- Postdoc OKA-KISO, Ayako
- Postdoc SHAHNG, Wei-Hao
- Postdoc TATSUMOTO, Shoji
- Postdoc HARUSHIMA, Yoshiaki
- Project Researcher HORIUCHI, Yoko
- Project Researcher MATSUZAKI, Ayuko
- Project Researcher MOCHIZUKI, Takako

遺伝機能システム学は、多角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。



図一 多角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 - 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.



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

「地球生命システム学」プロジェクト

Systematic Analysis for Global Environmental Change and Life on Earth (SAGE)

<http://trc.rois.ac.jp/earth/>

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、東京大学、理化学研究所、新潟大学

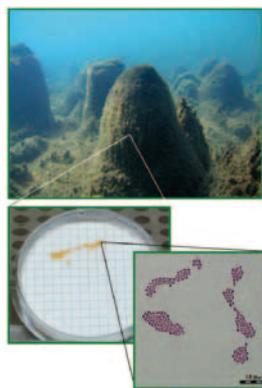
遺伝研で研究しているメンバー

- 特任准教授 柳原 克彦
- 特任准教授 馬場 知哉
- 博士研究員 鹿兒島 浩

Members at NIG

- Project Assoc. Prof. YANAGIHARA, Katsuhiko
- Project Assoc. Prof. BABA, Tomoya
- Postdoc KAGOSHIMA, Hiroshi

地球環境と生命活動の相互作用を調べることは、生物の進化や多様性を知る上で非常に重要です。そのためには、過去から現在までの地球環境の変動の解析データと各時代に生存していた生物学的解析データを融合し、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、国立極地研究所が保有している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生物のゲノム情報を解析し、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、さらにプロジェクト参加大学が得意とする各専門分野のネットワーク研究により生物の時間的な変遷と環境適応システムの解明をめざします。現在、我々は南極の微生物や線虫が低温で乾燥した環境に適応するためのメカニズムの解明に取り組んでいます。



図一 [左]南極の湖底で発見された「コケ坊主」生態系から分離された *Pseudomonas* 属細菌、[右]強力な乾燥耐性を持つ南極線虫 *Plecticus murrayi*
Figure - [Left] Bacteria *Pseudomonas* sp. isolated from "Moss Pillar", ecosystem on bottom of an Antarctic lake. [Right] Desiccation tolerant Antarctic nematode *Plecticus murrayi*.

The interaction between life and the surrounding environment should have great impact on the evolution and diversity of life. "Systematic Analysis for Global Environmental Change and Life on Earth (SAGE)" project integrates researches on geoscience, bioscience and informatics in order to understand the life system on the earth. The Transdisciplinary Research Integration Center is responsible for SAGE project, collaborating with National Institute of Polar Research, the National Institute of Genetics, the Institute of Statistical Mathematics and the National Institute of Informatics, and several universities. We are currently approaching functional analysis of adaptation mechanisms to cold and dry environment, using microorganisms and nematodes isolated from Antarctica.

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

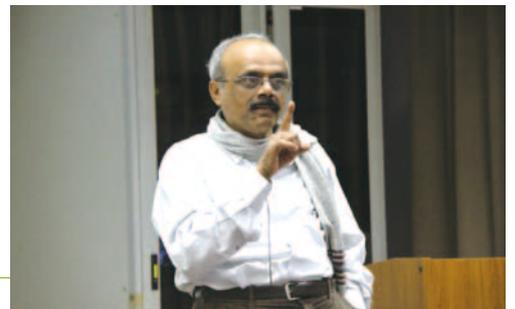
先端の研究を行っている国内外の研究者を研究所に招き、講演討論を行います。幅広い分野の優れた講演が年間約90回行われています。

Biological Symposia

The Biological Symposium is held throughout the year, featuring distinguished speakers in many areas of biological sciences, from universities and institutions worldwide.



内部交流セミナー
NIG colloquium



バイオリジカルシンポジウム Dr.J.Nagaraju 講演
Biological Symposia Dr.J.Nagaraju

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.



一般公開 2012年4月7日
Open House April 7, 2012

国立遺伝学研究所 2011年度の公開講演会

- 開催日/2011年11月5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
「非対称な細胞分裂の不思議」 澤 斉
「ゼブラフィッシュが解き明かす脳のはたらき」 川上浩一
「ゲノム医学革命の今」 井ノ上逸朗



公開講演会 澤斉教授講演
Public Lecture Dr. Sawa Hitoshi



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

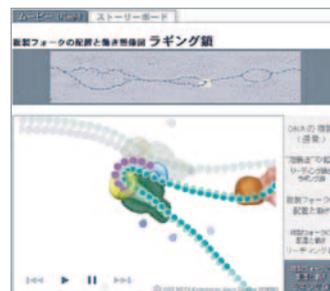
ゲノムプロジェクトにより、生命現象の基本プログラムの詳細な姿を明らかにするための基礎となる「情報」が日々蓄積されています。それらは、ゲノムの構造と密接に関連した生物情報知識ベースとしてコンピュータ化され、バイオサイエンス研究の基盤情報として広く使われているのです。

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 Pune との国際連携

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などを実施しています。2011年は、インドのIISER (Indian Institute of Science Education and and Research) Pune との共同研究プロジェクト実施のため、Mayurika Lahiri 研の大学院生が2カ月間遺伝研に滞在しました。大学院生 Payal Arya さんは、微生物遺伝研究部門 荒木研究室において『Functional analysis of BRCT-containing proteins, Dpb11 and TopBP1, in yeast cells (BRCT ドメインを持つ Dpb11, TopBP1 タンパク質の酵母細胞における機能解析)』という研究を行いました。国立遺伝学研究所ホームページの「News&Topics」で、本プロジェクトに参加された Payal Arya さんの感想文(英文)を読むことができます。



International Collaboration : "NIG-IISER Collaboration"

To promote scientific interactions and exchanges world wide, NIG has been sponsoring collaboration projects and international symposia. We extended an ongoing collaboration program with IISER (Indian Institute of Science Education and Research) Pune, by inviting a graduate student from Dr. Mayurika Lahiri's lab for a 2 month collaboration project. PhD student Payal Arya carried out research in the Araki Lab (Division of Microbial Genetics) . She conducted a functional analysis of BRCT-containing proteins, Dpb11 and TopBP1, in yeast cells. <http://www.nig.ac.jp/archive/1001/529.html>

国際シンポジウム

国立遺伝学研究所は、国際的な学術交流を推進することにより多様な分野の研究者との連携を強化し、遺伝学および共同研究の発展に資することを目的に、毎年国際シンポジウムを支援しています。

2011年度は「第1回 アジア・太平洋ショウジョウバエ研究会(1st Asia-Pacific Drosophila Research Conference/ APDRC1)」を共催しました。

■会期/2011年5月22日(日)~同25日(水)

■場所/劍潭青年活動中心会場

Chientan Youth Activity Center (台北・台湾)

■講演者

Norbert Perrimon (Keynote, Harvard Medical School, USA)

Yuh-Nung Jan (Keynote, UCSF, USA)

Amita Sehgal (University of Pennsylvania, USA)

Angela Giangrande (IGMCB, Strasbourg, France)

Ann-Shyn Chiang (National Tsing-Hua University, Taiwan)

Claude Desplan (New York University, USA)

Eileen Furlong (EMBL, Germany)

Joonho Choe (KAIST, Korea)

Hiroshi Akashi (National Institute of Genetics, Japan)

Konrad Basler (University of Zurich, Switzerland)

Manyuan Long (University of Chicago, USA)

Satyajit Mayor (National Center for Biological Sciences, India)

Tadashi Uemura (Kyoto University, Japan)

Tian Xu (Yale University School of Medicine, USA)

Tony Ip (University of Massachusetts Medical School, USA)

Toshie Kai (Temasek Life Sciences Laboratory, Singapore)

Utpal Banerjee (UCLA, USA) ほか

NIG International Symposium

In order to contribute to advancing the frontiers of genetics, NIG has been organizing and sponsoring international symposia and promoting academic interactions among researchers from diverse backgrounds and disciplines.

This year, we supported an international symposium titled "1st Asia-Pacific Drosophila Research Conference (APDRC1)".

Dates: May 22 (Sun.) - 25 (Wed.), 2011

Venue: Chientan Youth Activity Center, Taipei, Taiwan



外国人研究者に対するサポート

遺伝研に所属する外国人研究者をサポートするために、昨年新たに国際化推進グループ(GIP)が発足しました。外国人研究員・留学生が来日した当初はもちろん、遺伝研/総研大に滞在中の生活をサポートします。来日に伴う関連手続き、通訳・翻訳といった事務的なことから、外国人研究員・留学生が言葉の壁を感じることなく過ごせるような環境の整備に至るまで、幅広く活動していきます。

活動の詳細については、GIPホームページをご覧ください。

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

連絡・問い合わせ先

ヘルプデスクコーディネーター

三浦智香子(総務・教育チーム) : cmiura@nig.ac.jp

国際化推進委員会委員長

明石裕教授 : hiakashi@nig.ac.jp

■ 2011年度の主な活動

- 1 防災訓練時のサポート
- 2 外国人研究員・留学生の交流を図るためのランチ・ミーティング開催(写真はGIPランチ時のもの)
- 3 来日の際の入国管理局・市役所における届出・手続き手順の英文マニュアル化
- 4 研究員宿泊施設における利用案内・電化製品使用説明書の英文化
- 5 職員宿舍入居案内英文化

Support for International Researchers

Last year the Group for Internationalization Promotion (GIP) was established to support international researchers at NIG. We assist new international NIG members with their initial move to Japan and – afterwards, we assist them throughout their stay at NIG/SOKEN-DAI. Our support ranges from administration related to their transition, interpretation and translation to improving the environment so that international members can spend their time without encountering language barriers at NIG. GIP also organizes social events (a “GIP lunch” gathering is shown above).

Please feel free to contact us if you have any questions about working/studying at NIG/ SOKENDAI.

For more details, please visit our web page:

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

Help Desk Coordinator (General Affairs/Education Team)

Chikako Miura:cmiura@nig.ac.jp

Chair of Internationalization Promotion Committee

Professor Hiroshi Akashi:hiakashi@nig.ac.jp



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

氏名/研究課題/所属 Name / Subject title / Affiliation

特任研究員 PERPELESCU MARINELA	染色体分配の機能異常の分子機構とその発がんにおける意義の解明 Molecular mechanism for chromosome mis-segregation and its implication in carcinogenesis	分子遺伝研究部門 Division of Molecular Genetics
特任研究員 王 子軒	イネ属の多様性を生かすリソース基盤の構築 Development of resource basis for promoting diversity studies in genus <i>Oryza</i>	植物遺伝研究室 Plant Genetics Laboratory
特任研究員 SHENTON MATTHEW RICHARD	イネ属の多様性および種間変異の調査解析 Characterization of biodiversity and species variation in genus <i>Oryza</i>	植物遺伝研究室 Plant Genetics Laboratory
特任研究員 李 慶範	DDBJ における塩基配列大量登録情報の受入対応と高水準化 Reception and quality control of the massive submissions at DDBJ	生命情報研究センター Center for Information Biology
特任研究員 李 博阳	遺伝学・医学・バイオインフォマティクスに適用されるデータ解析データマイニング、パターンオーガニゼーション、コンピュータ・シミュレーションに関する研究 Data analysis, data mining, pattern reorganization, and computer simulation, especially as applied to Genetics/Medicine/Bioinformatics	進化遺伝研究部門 Division of Evolutionary Genetics
特任研究員 JOSEPH JINAM TIMOTHY ADRIAN ANAK	HLA シーケンスによる疾患関連遺伝子同定および集団遺伝学的検討 Human MHC(HLA) revisited: sequencing of entire HLA region for new medical applications	人類遺伝研究部門 Division of Human Genetics
特任研究員 周 智	マウス雄性生殖細胞特異的因子 <i>Nanos2</i> の標的 RNA の同定と機能解析 Identification of target genes of <i>Nanos 2</i> in germ cell.	発生工学研究室 Mammalian Development Laboratory

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)・生命科学研究科・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。5年一貫制課程の対象者は大学卒業、または、それと同等の資格を有する方;博士後期課程の対象者は修士号取得者、または、それと同等以上の学力があると認められた方です。

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

National Institute of Genetics (NIG) functions as the Department of Genetics, SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies) and offers PhD programs in Genetics. Our 5-year program accepts those with a bachelor's degree or equivalent. Those with Master's degree or similar qualifications are also eligible to apply to our 3-year program.

Our graduate programs provide interdisciplinary education with frequent seminars, journal clubs, and workshops on scientific writing and presentation. Highly qualified students can receive financial aid.

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40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常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

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)

多彩な授業と豊富なセミナー

遺伝学専攻では、生命科学をはじめとする様々な分野について基礎から最先端まで学べます。分子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。遺伝研で行われている授業だけでなく、遠隔講義システムを活用して他の専攻で実施されている幅広い分野の授業に参加することも可能です。総研大の講義リソースの中から自分の興味で授業を組み合わせて「自分の科目」を造ることもできます。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。

High quality research

United under the term "Genetics", graduate students at NIG continue to expand the frontiers of life sciences in molecular and cell biology, development, neurosciences, evolution, structural biology and bioinformatics. The quality of NIG research is evident from the frequent citations of papers published from the institute and the high funding rates for our grant proposals. NIG houses tremendous resources for basic research in life sciences, such as the well-established DNA database (DDBJ), an extensive collection of natural valuable and mutant strains of various model organisms, and state of the art research equipment.

Excellence in graduate education

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. 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!



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 90 "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

遺伝研では、多岐分野にわたるセミナーが頻繁に開催されています。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60回以上も開かれ、活発な論議が行われています。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

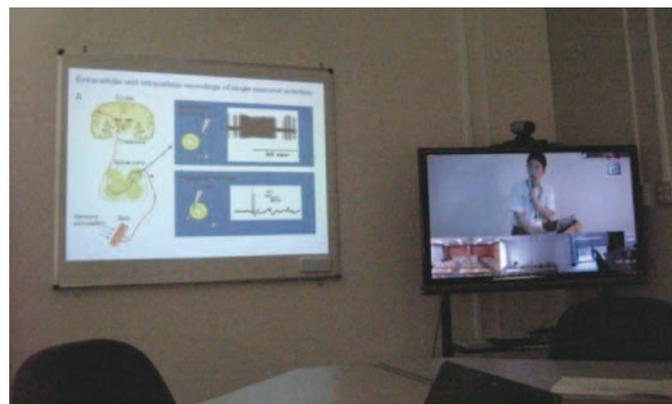
遺伝学専攻は、「一人一人の大学院生を全教員で指導する」という理念のもとに大学院教育を行っています。もちろん各大学院生はそれぞれ一人の指導教員のもとでその研究グループに所属して研究を行います。それを補う形で、複数教員の指導によるユニークな「プログレスレポート制度」を実施しています。この制度は、「各々の学生が選んだ教員が小委員会を組織し、学生の相談にのったり助言をおこなう」というものです。5年一貫制博士課程1、3年次では、指導教員以外の教員1名との個人面談で研究計画の討論を行い、研究テーマの設定について助言を得ることができます(生命科学プログレスⅠ、Ⅲ)。2、4年次には、それまでの研究内容のレポートを提出し、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. Graduate students are invited to lunch with seminar speakers, where students have a chance to personally talk with internationally renowned scientists. Almost all the seminars are given in English, and the graduate course lectures are also given in English. 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.

遺伝研で学びませんか？

生命科学リトリート

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科学専攻、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専攻合同の生命科学リトリートが年1回開催されています。



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 life science 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、希望者全員が奨学金給付を認められています。入学科、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、半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.

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生や修了生を対象に、「求人情報のメールマガジンリスト」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。

国際共同研究活動や国際的研究能力育成のための長期間海外派遣で研究や研修を行う制度もあります。

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週間程度、遺伝研の宿泊施設に泊まり込み、実験、セミナー参加など、たくさんのプログラムで遺伝研の研究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.



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下さい。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 below shows some 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 and Tetsuji Kakutani
NATURE Vol 461,71 September 2009



シロイヌナズナのゲノム上をジャンプするレトロトランスポゾンについて、その転移機構を研究しています。I'm studying the behavior of mobile retrotransposons in *Arabidopsis thaliana*. It's very interesting to see the 'jumping' around in the genome.

The RNA-binding protein NANOS2 is required to maintain murine spermatogonial stem cells

Aiko Sada, Atsushi Suzuki, Hitomi Suzuki, and Yumiko Sada
SCIENCE Vol 325,11 September 2009



総研大では、高いレベルの環境の中で自分の研究を行うことができ、研究者として歩み始める上での大きな第一歩となりました。During 5 years, I learned a lot about science in an excellent environment. The high level of exposure to varied research really helped me broaden my idea and it contributed immensely in achieving my career goal.

Spindle microtubules generate tension-dependent changes in the distribution of inner kinetochore proteins

Aussie Suzuki, Tetsuya Hori, Tatsuya Nishino, Jiro Usukura, Atsushi Miyagi, Kosuke Morikawa, and Tatsuo Fukagawa
J. Cell Biol., Vol 193, 125-140 April 2011



細胞の生命維持や個体の発生、がん化の根幹を担う染色体分配機構の解明を目指しています。I'm interested in understanding the mechanism of chromosome segregation which plays an essential role for the reproduction, development, and cancer.

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.

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卓越教授 Distinguished Professor, Tokyo Institute of Technology school and Graduate School of Bioscience and Biotechnology	関口睦夫 SEKIGUCHI, Mutsuo	福岡歯科大学先端科学研究センター長 Director, Advanced Science Research Center, 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)

五條堀 孝 GOJOBORI, Takashi	副所長 Vice-Director	川上浩一 KAWAKAMI, Koichi	個体遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Developmental Genetics	大久保公策 OKUBO, Kousaku	生命情報研究センター長 Head, Center for Information Biology
倉田のり KURATA, Nori	副所長 Vice-Director	斎藤成也 SAITOU, Naruya	集団遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Population Genetics	仁木宏典 NIKI, Hironori	放射線・アイソトープセンター長 Head, Radioisotope Center
山尾文明 YAMAO, Fumiaki	分子遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Molecular Genetics	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji	総合遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Integrated Genetics	広海 健 HIROMI, Yasushi	新分野創造センター長 Head, Center for Frontier Research
荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	細胞遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Cell Genetics	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	系統生物研究センター長 Head, Genetic Strains Research Center		(所内委員)

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	Walter J. Gehring	Professor, Biozentrum, University of Basel
榊 佳之 SAKAKI, Yoshiyuki	豊橋技術科学大学長 President, Toyohashi University of Technology	Tim Hunt	Principal Scientist, Cancer Research UK London Research Institute
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	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	生物遺伝資源センター長
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	藤山秋佐夫	ハラメント防止・対策委員会	倉田のり
図書委員会	澤 斉	ヒトゲノム・遺伝子解析研究倫理審査委員会	大久保公策
セミナー委員会	野々村賢一	安全衛生委員会	荒木弘之
事業委員会	角谷徹仁	利益相反委員会	所長
広報委員会	仁木宏典	遺伝学博物館委員会	斎藤成也
知的財産委員会	前島一博	国際化推進委員会	明石 裕
放射線安全委員会	荒木弘之	博士研究員選考委員会	小林武彦
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	
荒木弘之 (所外委員)	細胞遺伝研究系教授
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 (所内委員)	九州大学大学院理学研究院教授
五條堀 孝	生命情報研究センター教授
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
角谷徹仁	総合遺伝研究系教授

DNAデータ研究利用委員会 所外委員

長村吉晃 NAGAMURA, Yoshiaki	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	水島 洋 MIZUSHIMA, Hiroshi	国立保健医療科学院 研究情報支援研究センター 上席主任研究官 Chief Senior Researcher, Center for Public Health Informatics, National Institute of Public Health,
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	宮野 悟 MIYANO, Satoru	東京大学医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
白木澤佳子 SHIROKIZAWA, Yoshiko	(独) 科学技術振興機構バイオサイエンスデータベースセンター企画運営室 室長 Director, Department of Planning and management, NBDC Japan Science and Technology Agency	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

金城 玲 KINJO, Akira	大阪大学蛋白質研究所 准教授 Associate Professor, Institute for Protein Research, Osaka University	長洲毅志 NAGASU, Takeshi	イーザイ株式会社 理事・CSO付担当部長 OFFICER, Special Associate to Chief Scientific Officer, Eisai Co., Ltd.
松岡 聡 MATSUOKA, Satoshi	東京工業大学学術国際情報センター 教授 Professor, Tokyo Institute of Technology School and Graduate School of Bioscience and Biotechnology	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, University of Tokyo
黒川 顕 KUROKAWA, Ken	東京工業大学情報生命工学分野 教授 Professor, Tokyo Institute of Technology School and Graduate School of Bioscience and Biotechnology	Sang-Hyuk Lee	Korean Bioinformation Center, Director
武藤香織 MUTO, Kaori	東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター准教授 Associate 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

小田 司 ODA, Tsukasa	日本大学法学部教授 Professor, School of Law, Nihon University	秋山靖人 AKIYAMA, Yasuto	静岡県立静岡がんセンター研究所 免疫治療研究部 部長 Chief, Immunotherapy Division, Shizuoka Cancer Center Research Institute
----------------------	---	-------------------------	--

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	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	中瀧直己 NAKAGATA, Naomi	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
阿部 純 ABE, Jun	北海道大学大学院農学研究院准教授 Associate Professor, Graduate School of Agriculture, Hokkaido University	中辻憲夫 NAKATSUJI, Norio	京大物産学 細胞統合システム拠点長 Director General, Institute for Integrated Cell-Material Science, Kyoto University
伊佐 正 ISA, Tadashi	自然科学研究機構生理学研究所教授 Professor, National Institute for Physiological Sciences	中村太郎 NAKAMURA, Taro	大阪市立大学大学院理学研究科教授 Professor, Graduate School of Science, Osaka City University
稲葉一男 INABA, Kazuo	筑波大学下田臨海実験センター長 Director, Shimoda Marine Research Center, Tsukuba University	中村幸夫 NAKAMURA, Yukio	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
漆原秀子 URUSHIHARA, Hideko	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	成瀬 清 NARUSE, Kiyoshi	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	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	西尾 剛 NISHIO, Takeshi	東北大学大学院農学研究所教授 Professor, Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University
遠藤 隆 ENDO, Takashi	京都大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University	仁田坂英二 NITASAKA, Eiji	九州大学大学院理学研究院助教 Assistant Professor, Graduate School of Science, Kyushu University
大熊盛也 OKUMA, Moriya	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	仁藤伸昌 NITO, Nobumasa	近畿大学生物理工学部教授 Professor, Faculty of Biology-Oriented Science and Technology, Kinki University
小笠原直毅 OGASAWARA, Naotake	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 Information Science, Nara Institute of Science and Technology	伴野 豊 BANNO, Yutaka	九州大学大学院農学研究院准教授 Associate Professor, Graduate School of Agriculture, Kyushu University
岡田清孝 OKADA, Kiyotaka	自然科学研究機構基礎生物学研究所長 Director-General, National Institute for Basic Biology	深海 薫 FUKAMI, Kaoru	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
岡本 仁 OKAMOTO, Hitoshi	独立行政法人理化学研究所脳科学総合研究センターチームリーダー Senior Team Leader, RIKEN Brain Science Institute	福田裕穂 FUKUDA, Hiroo	東京大学大学院理学系研究科教授 Professor, Graduate School of Science, University of Tokyo
小幡裕一 OBATA, Yuichi	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	藤島政博 FUJISHIMA, Masahiro	山口大学大学院理工学研究科教授 Professor, Graduate School of Science and Engineering, Yamaguchi University
金子嘉信 KANEKO, Yoshinobu	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	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
河瀬真琴 KAWASE, Makoto	独立行政法人農業生物資源研究所遺伝資源センター長 Head, Genetic Resources Center National Institute of Agrobiological Sciences	増井 徹 MASUI, Toru	独立行政法人医薬基盤研究所難病・疾患資源研究部部長 General Manager, Department of Disease Bioresearch, National Institute of Biomedical Innovation
河地正伸 KAWACHI, Masanobu	独立行政法人国立環境研究所 生物生態環境研究センター 主任研究員 Senior Researcher, Center for Environmental Biology and Ecosystem Studies, National Institute for Environmental Studies	松居靖久 MATSUI, Yasuhisa	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, Institute of Development, Aging and Cancer, Tohoku University
草場 信 KUSABA, Makoto	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	松沢哲郎 MATSUZAWA, Tetsuro	京大大学 霊長類研究所長 Director, Primate Research Institute, Kyoto University
小林正智 KOBAYASHI, Masatomu	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	松田洋一 MATSUDA, Yoichi	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, Avian Bioscience Research Center, Graduate School of Biocultural Sciences, Nagoya University
酒泉 満 SAKAIZUMI, Mitsuru	新潟大学理学部教授 Professor, Faculty of Science, Niigata University	三谷昌平 MITANI, Shohei	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
佐藤和広 SATO, Kazuhiro	岡山大学資源植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 郁恵 MORI, Ikue	名古屋大学大学院理学研究科教授 Professor, Graduate School of Science, Nagoya University
鈴木健一郎 SUZUKI, Kenichiro	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センター参事官 Counselor, Department of Biotechnology, National Institute of Technology and Evaluation	森脇和郎 MORIYAKI, Kazuo	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特別顧問 Special Adviser, RIKEN Bio Resource Center
住田正幸 SUMIDA, Masayuki	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	矢口貴志 YAGUCHI, Takashi	千葉大学 真菌学研究所センター バイオリソース管理室長 Associate Professor, Management Unit, Medical Mycology Research Center, Chiba University
芹川忠夫 SERIKAWA, Tadao	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	吉木 淳 YOSHIKI, Atsushi	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
高野敏行 TAKANO, Toshiyuki	京都工芸繊維大学 ショウジョウバエ遺伝資源センター 教授 Professor, Drosophila Genetic Resource Center, Kyoto Institute of Technology		

マウス小委員会 所外委員

相澤慎一 AIZAWA, Shinichi	独立行政法人理化学研究所神戸研究所発生・再生科学総合研究センターグループディレクター Group Director, RIKEN Kobe Institute, Center for Developmental Biology	松田潤一郎 MATSUDA, Junichiro	独立行政法人医薬基盤研究所難病・疾患資源研究部研究リーダー Head, Department of Disease Bioresearch, National Institute of Biomedical Innovation
伊藤豊志雄 ITO, Toshio	財団法人実験動物中央研究所ICLASモニタリングセンター長代理 Director, ICLAS Monitoring Center, Central Institute for Experimental Animals	森脇和郎 MORIWAKI, Kazuo	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特別顧問 Special Adviser, RIKEN Bio Resource Center
小幡裕一 OBATA, Yuichi	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 Tsukuba Institute, BioResource Center	八神健一 YAGAMI, Kenichi	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
甲斐知恵子 KAI, Chieko	東京大学医科学研究所附属実験動物研究施設長 Director, Laboratory Animal Research Center, Institute of Medical Science, University of Tokyo	山村研一 YAMAMURA, Kenichi	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
木南 凌 KOMINAMI, Ryo	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	吉木 淳 YOSHIKI, Atsushi	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
重本隆一 SHIGEMOTO, Ryuichi	自然科学研究機構生理学研究所教授 Professor, National Institute for Physiological Sciences	米川博通 YONEKAWA, Hiromichi	公益財団法人東京都医学総合研究所客員研究員 Visiting Researcher, Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science
芹川忠夫 SERIKAWA, Tadao	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		

イネ小委員会 所外委員

芦荻基行 ASHIKARI, Motoyuki	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	長戸康郎 NAGATO, Yasuo	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
石川隆二 ISHIKAWA, Ryuji	弘前大学農学生命科学部教授 Professor, Faculty of Agriculture and Life Science, Hirosaki University	長村吉晃 NAGAMURA, Yoshiaki	独立行政法人農業生物資源研究所農業生物先端ゲノム研究センターゲノムリソースユニット長 Unit Leader, Genome Resource Unit, Agrogenomics Research Center, National Institute of Agrobiological Sciences
奥野員敏 OKUNO, Kazutoshi	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	廣近洋彦 HIROCHIKA, Hirohiko	独立行政法人農業生物資源研究所理事 Board of Director, National Institute of Agrobiological Sciences
奥本 裕 OKUMOTO, Yutaka	京都大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University	松岡 信 MATSUOKA, Makoto	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
川崎 努 KAWASAKI, Tsutomu	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	吉村 淳 YOSHIMURA, Atsushi	九州大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyushu University
北野英己 KITANO, Hidemi	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	横井修司 YOKOI, Shuji	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	鈴鹿医療科学大学薬学部教授 Professor, Pharmaceutical Sciences, Suzuka University of Medical Science	河村富士夫 KAWAMURA, Fujio	立教大学理学部教授 Professor, Faculty of Science, Rikkyo University
秋山芳展 AKIYAMA, Yoshinori	京都大学ウイルス研究所教授 Professor, Institute for Virus Research, Kyoto University	関口順一 SEKIGUCHI, Junichi	信州大学繊維学部特任教授 Project Professor, Faculty of Textile Science and Technology, Shinshu University
磯野克己 ISONO, Katsumi	神戸大学名誉教授 Emeritus Professor, Kobe University	戸邊 亨 TOBE, Toru	大阪大学大学院医学系研究科保健学専攻教授 Professor, Graduate School of Medicine, Division of Health Science, Osaka University
伊藤維昭 ITO, Koreaki	京都産業大学総合生命科学部教授 Professor, Faculty of Life Sciences, Kyoto Sangyo University	林 哲也 HAYASHI, Tetsuya	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
小笠原直毅 OGASAWARA, Naotake	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 Information Science, Nara Institute of Science and Technology	藤田泰太郎 FUJITA, Yasutaro	福山大学生命工学部教授 Professor, Faculty of Life Science and Biotechnology, Fukuyama University
片山 勉 KATAYAMA, Tsutomu	九州大学大学院薬学研究院教授 Professor, Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Kyushu University	堀内 嵩 HORIUCHI, Takashi	東海大学医学部基礎医学系分子生命学科 客員研究員 Visiting Researcher, Department of Molecular Life Sciences, Basic Medical Science and Molecular Medicine, Tokai University School of Medicine
亀井克彦 KAMEI, Katsuhiko	千葉大学真菌学医学研究センター教授 Professor, Medical Mycology Research Center, Chiba University	三木健良 MIKI, Takeyoshi	九州大学名誉教授 Emeritus Professor, Kyushu University
川岸郁朗 KAWAGISHI, Ikuro	法政大学生命科学部教授 Professor, College of Bioscience and Applied Chemistry, Hosei University	吉田健一 YOSHIDA, Kenichi	神戸大学大学院農学研究科教授 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	日本大学名誉教授 Emeritus Professor, Nihon University	小林設郎 KOBAYASHI, Setsuro	静岡県立三島北高等学校教諭 Teacher, Mishima Kita High School
小田 司 ODA, Tsukasa	日本大学法学部教授 Professor, School of Law, Nihon University	野口基子 NOGUCHI, Motoko	静岡大学特任教授 Special Professor, Shizuoka University
黒澤健司 KUROSAWA, Kenji	神奈川県立こども医療センター部長 Director, KANAGAWA Children's Medical Center	渡邊妙子 WATANABE, Taeko	財団法人佐野美術館館長 Curator, Sano Art Museum

研究教育職員・研究員・学生

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(兼)	山尾文明	Head	YAMAOKA, 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
博士研究員	ペルペレスク, マリネラ	Postdoc	PERPELESCU, Marinela
博士研究員	香川尚子	Postdoc	KAGAWA, Naoko
博士研究員	竹内康造	Postdoc	TAKEUCHI, Kozo

変異遺伝研究部門 Division of Mutagenesis

教授	山尾文明	Prof.	YAMAOKA, Fumiaki
遺伝研博士研究員	飯田直子	NIG Postdoc	IIDA, Naoko

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	アンショウ, ウィリアム C.	Visiting Prof.	EARNSHAW, William C.
客員教授	マルコ, ジョン F.	Visiting Prof.	MARKO, John F.

細胞遺伝研究系 Department of Cell Genetics

研究主幹(兼)	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
助教	赤松由布子	Assis. Prof.	AKAMATSU, Yufuko
博士研究員	芹澤尚美	Postdoc	SERIZAWA, Naomi
日本学術振興会特別研究員	佐々木真理子	JSPS Research Fellow	SASAKI, Mariko
総研大 D3	榮岩春菜	D3 Student SOKENDAI	HAEIWA, Haruna
総研大 D2	鵜之沢英理	D2 Student SOKENDAI	UNOZAWA, Eri
総研大 D2	高橋明大	D2 Student SOKENDAI	TAKAHASHI, Akihiro

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
博士研究員	田中尚美	Postdoc	TANAKA, Yoshimi
博士研究員	矢倉 勝	Postdoc	YAGURA, Masaru
総研大 D5	牧野仁志穂	D5 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	Visiting Prof.	BOCCARD, Frédéric
客員教授	上田泰己	Visiting Prof.	UEDA, Hiroki

個体遺伝研究系 Department of Developmental Genetics

研究主幹(兼)	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	浅岡美穂	Assis. Prof.	ASAOKA, Miho
助教	林 貴史	Assis. Prof.	HAYASHI, Takashi
博士研究員	松岡信弥	Postdoc	MATSUOKA, Shinya
総研大 D5	ジョシ, ラジュシュリ	D5 Student SOKENDAI	JOSHI, Rajshri
総研大研究生	ロメロ, ヴァネッサ	Research Student, SOKENDAI	ROMERO, Vanessa

発生遺伝研究部門 Division of Developmental Genetics

助教	清水 裕	Assis. Prof.	SHIMIZU, Hiroshi
----	------	--------------	------------------

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
遺伝研博士研究員	香取将太	NIG Postdoc	KATORI, Shota
総研大 D5 (学振特別研究員)	岩田亮平	D5 SOKENDAI, JSPS Research Fellow DC	IWATA, Ryohei
総研大 D4	鈴木亜友美	D4 Student SOKENDAI	SUZUKI, Ayumi
総研大 D4	羅ブンジュウ	D4 Student SOKENDAI	LUO, Wenshu
総研大 D3	吉野彬子	D3 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
助教	武藤 彩	Assis. Prof.	MUTO, Akira
遺伝研博士研究員	田辺英幸	NIG Postdoc	TANABE, Hideyuki
科学技術振興機構特別研究員	和田浩則	JST PRESTO Researcher	WADA, Hironori
日本学術振興会特別研究員	福田隆一	JSPS Research Fellow	FUKUDA, Ryuichi
総研大 D4	ラル, プラディープ	D4 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, ティヴィッド L.	Visiting Prof.	STERN, David L.
客員教授	ファーロン, アイリーン	Visiting Prof.	FURLONG, Eileen

集団遺伝研究系 Department of Population Genetics

研究主幹(兼)	斎藤成也	Head	SAITOU, Naruya
---------	------	------	----------------

集団遺伝研究部門 Division of Population Genetics

教授	斎藤成也	Prof.	SAITOU, Naruya
助教	隅山健太	Assis. Prof.	SUMIYAMA, Kenta
総研大 D4	神澤秀明	D4 Student SOKENDAI	KANZAWA, Hideaki
総研大 D2	ヘッチャーラッチ, ナディーカ	D2 Student SOKENDAI	HETTIARACHCHI, Nadeeka
総研大 D2	ババリンデ, アイザック アデヤマ	D2 Student SOKENDAI	BABARINDE, Isaac Adeyemi

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
博士研究員	李 博陽	Postdoc	LI, Boyang
総研大 D1	ミシュラ, ネハ	D1 Student SOKENDAI	MISHRA, Neha

■理論遺伝客員研究部門 Division of Theoretical Genetics

客員教授	フォン・ヘーゼー, アーント	Visiting Prof.	von HAESELER, Arndt
客員教授	クラーク, アンドリュー G.	Visiting Prof.	CLARK, Andrew G.

■総合遺伝研究系 Department of Integrated Genetics

研究主幹(兼)	角谷徹仁	Head	KAKUTANI, Tetsuji
---------	------	------	-------------------

■人類遺伝研究部門 Division of Human Genetics

教授	井ノ上逸朗	Prof.	INOUE, Ituro
助教	細道一善	Assis. Prof.	HOSOMICHI, Kazuyoshi
遺伝研博士研究員	ジナム, ティモシー A.	NIG Postdoc	JINAM, Timothy A.
博士研究員	中岡博史	Postdoc	NAKAOKA, Hirofumi
博士研究員	早野崇英	Postdoc	HAYANO, Takahide

■育種遺伝研究部門 Division of Agricultural Genetics

教授	角谷徹仁	Prof.	KAKUTANI, Tetsuji
助教	稲垣宗一	Assis. Prof.	INAGAKI, Soichi
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 D4(学振特別研究員)	塚原小百合	D4 Student SOKENDAI	TSUKAHARA, Sayuri
総研大 D4	付 煜	D4 Student SOKENDAI	FU, Yu
総研大 D2	保坂 碧	D2 Student SOKENDAI	HOSAKA, Aoi
遺伝研博士研究員	藤 泰子	NIG Postdoc	TOU, Taiko
特別共同利用研究員 (東大大学院理学系研究科)	伊藤 佑	Special joint researcher	ITO, Tasuku

■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
日本学術振興会特別研究員	毛利亮子	JSPS Research Fellow	MOHRI, Akiko

■応用遺伝客員研究部門 Division of Applied Genetics

客員教授	マーチエンセン, ロブ A.	Visiting Prof.	MARTIENSSEN, Rob A.
客員教授	辻 省次	Visiting Prof.	TSUJI, Shoji

■新分野創造センター Center for Frontier Research

センター長(兼)	広海 健	Head	HIROMI, Yasushi
----------	------	------	-----------------

■分子機能研究室 Molecular Function Laboratory

准教授	鐘巻将人	Assoc. Prof.	KANEMAKI, Masato
日本学術振興会特別研究員	西村浩平	JSPS Research Fellow	NISHIMURA, Kohei
特別共同利用研究員 (東大大学院理学系研究科)	渡瀬成治	Special joint researcher	WATASE, George

■多細胞社会研究室 Multicellular Society Laboratory

准教授	堀川一樹	Assoc. Prof.	HORIKAWA, Kazuki
博士研究員	足立 隼	Postdoc	ADACHI, Shun
博士研究員	佐藤 朗	Postdoc	SATO, Akira
総研大 D2	鎌形貴範	D2 Student SOKENDAI	KAMAGATA, Takanori

■運動神経回路研究室 Motor Neural Circuit Laboratory

准教授	平田普三	Assoc. Prof.	HIRATA, Hiromi
博士研究員	荻野一豊	Postdoc	OGINO, Kazutoyo
遺伝研博士研究員	山田健太	NIG Postdoc	YAMADA, Kenta

■共生細胞進化研究室 Symbiosis and Cell Evolution Laboratory

特任准教授	宮城島進也	Project Assoc. Prof.	MIYAGISHIMA, Shin-ya
博士研究員	壁谷如洋	Postdoc	KABEYA, Yukihiro
博士研究員	墨谷暢子	Postdoc	SUMIYA, Nobuko
博士研究員	廣岡俊亮	Postdoc	HIROOKA, Shunsuke
総研大 D1	中村真心	D1 Student SOKENDAI	NAKAMURA, Mami

■生態遺伝学研究室 Ecological Genetics Laboratory

特任准教授	北野 潤	Project Assoc. Prof.	KITANO, Jun
遺伝研博士研究員	川尻舞子	NIG Postdoc	KAWAJIRI, Maiko
博士研究員	吉田恒太	Postdoc	YOSHIDA, Kohta
日本学術振興会特別研究員	石川麻乃	JSPS Research Fellow	ISHIKAWA, Asano
日本学術振興会特別研究員	ラビネット, マーク	JSPS Research Fellow	RAVINET, Mark

■中心体生物学研究室 Centrosome Biology Laboratory

特任准教授	北川大樹	Project Assoc. Prof.	KITAGAWA, Daiju
博士研究員	白土 玄	Postdoc	SHIRATSUCHI, Gen
博士研究員	松浦利絵子	Postdoc	MATSUURA, Rieko
博士研究員	太田 緑	Postdoc	OTA, Midori

■系統生物研究センター Genetic Strains Research Center

センター長(兼)	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
博士研究員	嵯峨井知子	Postdoc	SAGAI, Tomoko
博士研究員	天野孝紀	Postdoc	AMANO, Takanori
総研大 D5	片岡太郎	D5 Student SOKENDAI	KATAOKA, Taro

■発生工学生物研究室 Mammalian Development Laboratory

教授	相賀裕美子	Prof.	SAGA, Yumiko
助教	森本 充	Assis. Prof.	MORIMOTO, Mitsuru
遺伝研博士研究員	周 智	NIG Postdoc	ZHOU, Zhi
博士研究員	佐波理恵	Postdoc	SABA, Rie
博士研究員	加藤 譲	Postdoc	KATO, Yuzuru
総研大 D5(学振特別研究員)	高木恵次	D5 Student SOKENDAI	TAKAGI, Keiji
総研大 D5	呉 泉	D5 Student SOKENDAI	GO, Sen
総研大 D4	小池紘子	D4 Student SOKENDAI	KOIKE, Hiroko
総研大 D3	坂口あかね	D3 Student SOKENDAI	SAKAGUCHI, Akane
総研大 D3	櫻井隆順	D3 Student SOKENDAI	SAKURAI, Takayuki
総研大 D2	プイ, ハン ピン	D2 Student SOKENDAI	PUI, Han Pin
特別共同利用研究員 (東大大学院理学系研究科)	趙 薇	Special joint researcher	CHO, Bi

研究教育職員・研究員・学生

■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
総研大 D4	田邊 彰	D4 Student SOKENDAI	TANAVE, 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, Minoru
博士研究員	河崎敏広	Postdoc	KAWASAKI, Toshihiro

■植物遺伝研究室 Plant Genetics Laboratory

教授	倉田のり	Prof.	KURATA, Nori
助教	久保真彦	Assis. Prof.	KUBO, Takahiko
博士研究員	藤田雅丈	Postdoc	FUJITA, Masahiro
博士研究員	王子軒	Postdoc	WANG, Zi-Xuan
博士研究員	シェントン, マシュー	Postdoc	SHENTON, Matthew

■原核生物遺伝研究室 Microbial Genetics Laboratory

教授	仁木宏典	Prof.	NIKI, Hironori
助教	青木敬太	Assis. Prof.	AOKI, Keita
遺伝研博士研究員	岡本 尚	NIG Postdoc	OKAMOTO, Sho
博士研究員	塩見大輔	Postdoc	SHIOMI, Daisuke
博士研究員	野崎晋五	Postdoc	NOZAKI, Shingo

■無脊椎動物遺伝研究室 Invertebrate Genetics Laboratory

教授	上田 龍	Prof.	UEDA, Ryu
助教	近藤 周	Assis. Prof.	KONDO, Shu

■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	平木秀明	Project Researcher	HIRAKI, Hideaki
特任研究員	植田ゆみ子	Project Researcher	UETA, Yumiko
博士研究員	金野宏之	Postdoc	KONNO, Hiroyuki

■構造遺伝学研究センター Structural Biology Center

センター長(兼)	荒木弘之	Head	ARAKI, Hiroyuki
----------	------	------	-----------------

■生体高分子研究室 Biological Macromolecules Laboratory

教授	前島一博	Prof.	MAESHIMA, Kazuhiro
助教	平谷伊智朗	Assis. Prof.	HIRATANI, Ichiro
総研大 D5 (学術特別研究員)	日原さえら	D5 SOKENDAI, JSPS Research Fellow DC	HIHARA, Saera

■細胞建築研究室 Cell Architecture Laboratory

准教授	木村 暁	Assoc. Prof.	KIMURA, Akatsuki
博士研究員	荒井律子	Postdoc	ARAI, Ritsuko
博士研究員	菅原武志	Postdoc	SUGAWARA, Takeshi

■多細胞構築研究室 Multicellular Organization Laboratory

教授	澤 斉	Prof.	SAWA, Hitoshi
助教	伊原伸治	Assis. Prof.	IHARA, Shinji
遺伝研博士研究員	中山創平	NIG Postdoc	NAKAYAMA, Sohei
博士研究員	杉岡賢史	Postdoc	SUGIOKA, Kenji
博士研究員	宗 修平	Postdoc	SOU, Shuhei
総研大 D4	吉田直樹	D4 Student SOKENDAI	YOSHIDA, Naoki
総研大 D2	上村恭平	D2 Student SOKENDAI	UEMURA, Kyohei

■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	來栖光彦	Assis. Prof.	KURUSU, Mitsuhiko
博士研究員	小林百合	Postdoc	KOBAYASHI, Yuri

■生命情報研究センター Center for Information Biology

センター長(兼)	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	野澤昌文	Assis. Prof.	NOZAWA, Masafumi
博士研究員	金城その子	Postdoc	KINJO, Sonoko
博士研究員	佐藤行人	Postdoc	SOTO, Yukuto
博士研究員	佐々木直文	Postdoc	SASAKI, Naobumi
博士研究員	森 隆久	Postdoc	MORI, Takahisa
日本学術振興会特別研究員	吉田真明	JSPS Research Fellow	YOSHIDA, Masaaki
研究員	村岡正文	Researcher	MURAOKA, Masafumi
総研大 D4	石川昌和	D4 Student SOKENDAI	ISHIKAWA, Masakazu

■大量遺伝情報研究室 Genome Informatics Laboratory

教授	中村保一	Prof.	NAKAMURA, Yasukazu
助教	神沼英里	Assis. Prof.	KAMINUMA, Eli
博士研究員	長崎英樹	Postdoc	NAGASAKI, Hideki
特任研究員	藤澤貴智	Project Researcher	FUJISAWA, Takatomo
遺伝研博士研究員	猿橋 智	NIG Postdoc	SARUHASHI, Satoshi

■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
博士研究員	永井啓一	Postdoc	NAGAI, Keiichi
博士研究員	奥田喜弘	Postdoc	OKUDA, Yoshihiro
特任研究員	宗像善久	Project Researcher	MUNAKATA, Yoshihisa

■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
特任研究員	原 一夫	Project Researcher	HARA, Kazuo

■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
遺伝研博士研究員	福多賢太郎	NIG Postdoc	FUKUTA, Kentaro
特任研究員	清岡美穂	Project Researcher	KIYOOKA, Miho
特任研究員	塚本ゆみ	Project Researcher	TSUKAMOTO, Yumi
特任研究員	吉田 悟	Project Researcher	YOSHIDA, Satoru

■実験圃場 Experimental Farm

圃場長(兼)	野々村賢一	Head	NONOMURA, Ken-ichi
准教授	野々村賢一	Assoc. Prof.	NONOMURA, Ken-ichi
助教	宮崎さおり	Assis. Prof.	MIYAZAKI, Saori
博士研究員	新濱 充	Postdoc	NIIHAMA, Mitsuru
日本学術振興会特別研究員	小宮怜奈	JSPS Research Fellow	KOMIYA, Reina
総研大 D5	小野聖二郎	D5 Student SOKENDAI	ONO, Seijiro
総研大 D2	琴 梨世	D2 Student SOKENDAI	KUM, Rise

■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
----------	------	------	----------------

■生物遺伝資源センター Genetic Resource Center

センター長(兼)	城石俊彦	Head	SHIROISHI, Toshihiko
教授(兼)	城石俊彦	Prof.	SHIROISHI, Toshihiko
教授(兼)	川上浩一	Prof.	KAWAKAMI, Koichi
教授(兼)	上田 龍	Prof.	UEDA, Ryu
教授(兼)	仁木宏典	Prof.	NIKI, Hironori
教授(兼)	倉田のり	Prof.	KURATA, Nori
教授(兼)	小原雄治	Prof.	KOHARA, Yuji
准教授(兼)	酒井則良	Assoc. Prof.	SAKAI, Noriyoshi
准教授(兼)	野々村賢一	Assoc. Prof.	NONOMURA, Ken-ichi
准教授(兼)	山崎由紀子	Assoc. Prof.	YAMAZAKI, Yukiko
助教(兼)	高田豊行	Assis. Prof.	TAKADA, Toyoyuki
助教(兼)	浅川和秀	Assis. Prof.	ASAKAWA, Kazuhide
助教(兼)	武藤 彩	Assis. Prof.	MUTO, Akira
助教(兼)	新屋みのり	Assis. Prof.	SHINYA, Minori
助教(兼)	近藤 周	Assis. Prof.	KONDO, Shu
助教(兼)	清水 裕	Assis. Prof.	SHIMIZU, Hiroshi
助教(兼)	青木敬太	Assis. Prof.	AOKI, Keita
助教(兼)	久保貴彦	Assis. Prof.	KUBO, Takahiko
助教(兼)	宮崎さおり	Assis. Prof.	MIYAZAKI, Saori

■先端ゲノミクス推進センター Advanced Genomics Center

センター長(兼)	小原雄治	Head	KOHARA, Yuji
教授(兼)	藤山秋佐夫	Prof.	FUJIYAMA, Asao
特任准教授(兼)	豊田 敦	Project Assoc. Prof.	TOYODA, Atsushi
特任准教授	野口英樹	Project Assoc. Prof.	NOGUCHI, Hideki
博士研究員	陳 薇	Postdoc	CHEN, Wei
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, Fumiwo

■DDBJセンター DDBJ Center

センター長(兼)	高木利久	Head	TAKAGI, Toshihisa
教授(兼)	中村保一	Prof.	NAKAMURA, Yasukazu
教授(兼)	大久保公策	Prof.	OKUBO, Kousaku
助教(兼)	神沼英里	Assis. Prof.	KAMINUMA, Eli
助教(兼)	小笠原 理	Assis. Prof.	OGASAWARA, Osamu
博士研究員	李 慶範	Postdoc	LEE, Kyung Bum
博士研究員	大城戸利久	Postdoc	OKIDO, Toshihisa
博士研究員	小菅武英	Postdoc	KOSUGE, Takehide
博士研究員	児玉悠一	Postdoc	KODAMA, Yuichi
博士研究員	坂井勝呂	Postdoc	SAKAI, Katsunaga
博士研究員	真島 淳	Postdoc	MASHIMA, Jun
特任研究員	青野英雄	Project Researcher	AONO, Hideo
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

■情報基盤ユニット IT Unit

ユニット長(兼)	藤山秋佐夫	Head	FUJIYAMA, Asao
教授(兼)	高木利久	Prof.	TAKAGI, Toshihisa
教授(兼)	大久保公策	Prof.	OKUBO, Kousaku

■マウス研究支援ユニット Mouse Research Supporting Unit

ユニット長(兼)	小出 剛	Head	KOIDE, Tsuyoshi
----------	------	------	-----------------

■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
融合プロジェクト博士研究員	商 維昊	Postdoc	SHANG, Wei-Hao
融合プロジェクト博士研究員	阿部玄武	Postdoc	ABE, Gembu
融合プロジェクト博士研究員	クリュコフ, キリル	Postdoc	KRYUKOV, Kirill
融合プロジェクト博士研究員	程 朝陽	Postdoc	CHEN, Chaoyan
融合プロジェクト博士研究員	木曾彩子	Postdoc	KISO, Ayako
融合プロジェクト博士研究員	後藤達彦	Postdoc	GOTO, Tatsuhiko
融合プロジェクト博士研究員	小塚奈津美	Postdoc	KOZUKA, Natsumi
融合プロジェクト博士研究員	春島嘉章	Postdoc	HARUSHIMA, Yoshiaki
融合プロジェクト特任研究員	堀内陽子	Project Researcher	HORIUCHI, Youko
融合プロジェクト博士研究員	鹿児島浩	Postdoc	KAGOSHIMA, Hiroshi
融合プロジェクト博士研究員	木村健二	Postdoc	KIMURA, Kenji
融合プロジェクト博士研究員	庭山律哉	Postdoc	NIWAYAMA, Ritsuya
融合プロジェクト特任研究員	望月孝子	Project Researcher	MOCHIZUKI, Takako
融合プロジェクト博士研究員	辰本将司	Postdoc	TATSUMOTO, Shoji
融合プロジェクト特任研究員	松崎肖子	Project Researcher	MATSUZAKI, Ayuko

■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	24	
准教授	Associate Professors	12	
助教	Assistant Professors	36	
客員教授	Adjunct Professors	10	
小計	Subtotal	70	(所長、客員教授を除く excluding Director - General and Adjunct Professors)
管理部	Administration Staffs	18	
技術課	Technicians	14	
合計	Total	102	(所長、客員教授を除く excluding Director - General and Adjunct Professors) (2012年4月1日現在)

管理部 Department of Administration

管理部長 General Manager 野田 潔 NODA, Kiyoshi

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

経営企画課 Management Project Section

課長 Manager 富澤 広 TOMIZAWA, Hiroshi
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 矢野弘之 YANO, Hiroyuki
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
技術職員 Technical Staff 山谷宣子 YAMATANI, Noriko

植物・微生物班 Plant-Microbial Unit

第一技術係長 Technical Group-I Leader 永口 貢 EIGUCHI, Mitsugu
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	1949	June 1	Established under the jurisdiction of the Ministry of Education, Science, Sports and Culture. Started with an administrative department and three research departments.	
	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		Aug. 10	Prof. Kan Oguma was elected the 1st Director.	
	8月1日	生化学遺伝部設置	1953	Jan. 1	Three research departments were reorganized as the Departments of Morphological Genetics, Cytological Genetics and Physiological Genetics.	
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		Aug. 1	Department of Biochemical Genetics was added.	
	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	1954	July 1	Department of Applied Genetics was added.	
昭和37年	4月1日	微生物遺伝部設置	1955	Sept. 15	Department of Induced Mutation was added.	
昭和39年	4月1日	集団遺伝部設置		Oct. 1	Prof. Hitoshi Kihara was elected the 2nd Director.	
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	1960	Apr. 30	Department of Human Genetics was added.	
昭和49年	4月1日	植物保存研究室設置	1962	Apr. 1	Department of Microbial Genetics was added.	
昭和50年	3月1日	田島彌太郎 第4代所長就任	1964	Apr. 1	Department of Population Genetics was added.	
	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	1969	Apr. 1	Prof. Daigoro Moriwaki was elected the 3rd Director. Department of Molecular Biology was added.	
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	1974	Apr. 1	Plant Genetic Stock Laboratory was established.	
昭和58年	10月1日	松永 英 第5代所長就任	1975	Mar. 1	Dr. Yataro Tajima was elected the 4th Director.	
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		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 Director.
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	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 expanded into five laboratories: the Genetic Resources Laboratory was added and the Animal Section was divided into the Mammalian and Invertebrate Laboratories.	
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	1985	Apr. 1	The DNA Synthesis and DNA Data Analysis Laboratories were added in the DNA Research Center.	
	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	1987	Jan. 12	The DNA Data Bank of Japan began its operations.	
平成元年	10月1日	富澤純一 第6代所長就任	1988	Apr. 8	The Radio-isotope Center was established. The Gene Library Laboratory was added in the DNA Research Center.	
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		Oct. 1	The Graduate University for Advanced Studies was established. The Department of Genetics, School of Life Science of the University began accepting students.	
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	1989	Oct. 1	Dr. Jun-ichi Tomizawa was elected the 6th Director.	
平成7年	4月1日	生命情報研究センター設置	1993	Apr. 1	The Mammalian Development Laboratory was added in the Genetic Stock Research Center.	
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)	1994	June 24	The Gene Function Research Laboratory was added in the DNA Research Center.	
平成9年	4月1日	系統生物研究センター設置 (遺伝	1995	Apr. 1	The Center for Information Biology was established.	

		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)				
平成10年	10月1日	堀田凱樹 第7代所長就任		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).
	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		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)			Oct. 1	Dr. Yoshiki Hotta was elected the 7th Director.
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		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		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.
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		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17年	12月1日	小原雄治 第8代所長就任		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.
	4月1日	知的財産室を設置 管理部に研究推進室を設置		2004	Apr. 1	Reorganized as Research Organization of Information and Systems, Inter-University Research Institute Corporation, together with three other national institutes.
平成18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)		2005	Dec. 1 Apr. 1	Dr. Yuji Kohara was elected the 8th Director. Intellectual Property Unit was added. Research Promotion Section was added in the Department of Administration.
平成20年	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		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.
平成23年	10月1日	先端ゲノミクス推進センター設置		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.
平成24年	4月1日	研究センターの改組、共同利用事業センター(生物遺伝資源センター、DDBJセンター)、支援センター(情報基盤ユニット)を設置		2011	Oct. 1	Advanced Genomics Center was established.
				2012	Apr. 1	The Research Center was reorganized, The Intellectual Infrastructure Centers (The center for Genetic Resource Center and DDBJ Center) and the Support Centers (The IT Unit) were established.

予算／科学研究費

Budget / Grant-in-Aid for Scientific Research

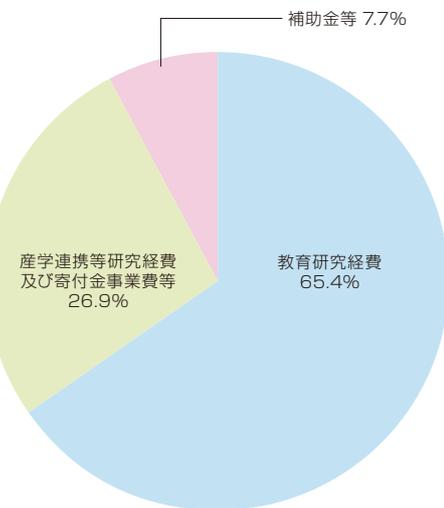
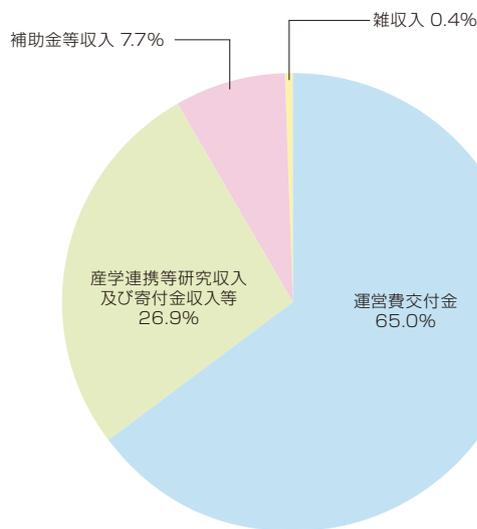
予算 Budget

平成24年度 (FY2012)

(×1,000yen)

収入	Revenue
区分	金額
運営費交付金	2,948,575
補助金等収入	350,628
雑収入	18,924
産学連携等研究収入及び寄附金収入等	1,221,035
合計	4,539,162

支出	Expenditure
区分	金額
教育研究経費	2,967,499
補助金等	350,628
産学連携等研究経費及び寄附金事業費等	1,221,035
合計	4,539,162



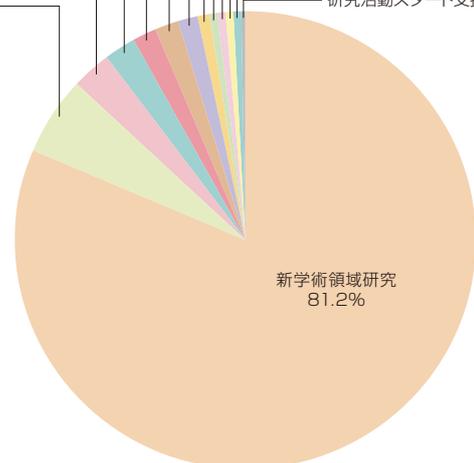
科学研究費 Grant-in-Aid for Scientific Research

平成23年度 (FY2011)

(×1,000yen)

研究種目	交付額 / 交付件数
特定領域研究	24,005 / 5
新学術領域研究	1,372,800 / 21
基盤研究 (S)	94,700 / 3
基盤研究 (A)	44,600 / 5
基盤研究 (B)	37,600 / 8
基盤研究 (C)	9,970 / 8
挑戦の萌芽研究	9,700 / 7
若手研究 (S)	12,000 / 1
若手研究 (A)	30,500 / 5
若手研究 (B)	27,843 / 23
研究活動スタート支援	2,600 / 2
研究成果公開促進費	9,400 / 1
特別研究員奨励費	8,000 / 10
合計	1,683,719 / 99

若手研究(B) 1.7%
 若手研究(A) 1.8%
 基盤研究(B) 2.2%
 基盤研究(A) 2.6%
 基盤研究(S) 5.6%
 特定領域研究 1.4%
 若手研究(S) 0.7%
 基盤研究(C) 0.6%
 挑戦の萌芽研究 0.6%
 研究成果公開促進費 0.6%
 特別研究員奨励費 0.5%
 研究活動スタート支援 0.2%



(H24.3月末現在)

Journal Title	2011
Cell	4
Developmental Cell	1
Nature Cell Biology	1
Science	4

Abe, G., Suster, M.L., and Kawakami, K. (2011). Tol2-mediated transgenesis, gene trapping, enhancer trapping, and the Gal4-UAS system. *Methods in Cell Biology* **104**, 23 - 49.

Adachi, S., Minamisawa, K., Okushima, Y., Inagaki, S., Yoshiyama, K., Kondou, Y., Kaminuma, E., Kawashima, M., Toyoda, T., Matsui, M., Kurihara, D., Matsunaga, S., and Umeda, M. (2011). Programmed induction of endoreduplication by DNA double-strand breaks in Arabidopsis. *Proc Natl Acad Sci USA* **108**, 10004-10009.

Aoki, K., Hayashi, H., Furuya, K., Sato, M., Takagi, T., Osumi, M., Kimura, A., and Niki, H. (2011). Breakage of the nuclear envelope by an extending mitotic nucleus occurs during anaphase in *Schizosaccharomyces japonicus*. *Genes to Cells* **16**, 911 - 926.

Arai-Kichise, Y., Shiwa, Y., Nagasaki, H., Ebana, K., Yoshikawa, H., Yano, M., and Wakasa, K. (2011). Discovery of Genome-Wide DNA Polymorphisms in a Landrace Cultivar of Japonica Rice by Whole-Genome Sequencing. *Plant Cell Physiol* **52**, 274 - 282.

Araki, H. (2011). Initiation of chromosomal DNA replication in eukaryotic cells; contribution of yeast genetics to the elucidation. *Genes Genet Syst* **86**, 141 - 149.

Aramaki, H., Kabata, H., Takeda, S., Itou, H., Nakayama, H., and Shimamoto, N. (2011). Formation of repressor-inducer-operator ternary complex: negative cooperatively of D-camphor binding to CamR. *Genes to Cells* **16**, 1200 - 1207.

Banks, J., Nishiyama, T., Hasebe, M., Bowman, J.L., Gribskov, M., dePamphilis, C. et al (2011). The Selaginella Genome Identifies Genetic Changes Associated with the Evolution of Vascular Plants. *Science* **332**, 960 - 963.

Barrero, R., Keeble-Gagnère, G., Zhang, B., Moolhuizen, P., Ikeo, K., Tateo, Y., Gojobori, T., Guerrero, F.D., Lew-Tabor, A., and Bellgard, M. (2011). Evolutionary conserved microRNAs are ubiquitously expressed compared to tick-specific miRNAs in the cattle tick *Rhipicephalus (Boophilus) imicola*. *BMC Genomics* **12**, 1 - 17.

Bousquet, J., Anto, J., Sterk, P., Adcock, I., Brahmachari, S., Roca, J., Agusti, A., Gojobori, T., Auffray, C., + 55 other authors. (2011). Systems medicine and integrated care to combat chronic noncommunicable diseases. *Genome Medicine* **3**, 1 - 12.

Chisada, S., Okamoto, H., Taniguchi, Y., Kimori, Y., Toyoda, A., Sakaki, Y., Takeda, S., and Yoshiura, Y. (2011). Myostatin-deficient medaka exhibit a double-muscling phenotype with hyperplasia and hypertrophy, which occur sequentially during post-hatch development. *Dev Biol* **359**, 82 - 94.

Dhande, O.S., Bhatt, S., Anishchenko, A., Elstrott, J., Iwasato, T., Swindell, E.C., Xu, H.P., Jamrich, M., Itohara, S., Feller, M.B., and Crair, M.C. (2011). Role of adenylate cyclase 1 in retinofugal map development. *J Comp Neurol* **520**, 1562-1583.

Ezawa, K., Ikeo, K., Gojobori, T., and Saitou, N. (2011). Evolutionary patterns of recently emerged animal duplons. *Genome Biology and Evolution* **3**, 1119 - 1135.

Feridooni, T., Hotchkiss, A., Remley-Carr, S., Saga, Y., and Pasumarthi, K.B. (2011). Cardiomyocyte specific ablation of p53 is not sufficient to block doxorubicin induced cardiac fibrosis and associated cytoskeletal changes. *PLoS ONE* **6**, e22801.

Fujimoto, R., Sasaki, T., Kudoh, H., Taylor, J.M., Kakutani, T., and Dennis, E.S. (2011). Epigenetic variation in the FWA gene within the genus *Arabidopsis*. *Plant J* **66**, 831-843.

Fukada, S., Yamaguchi, M., Kokubo, H., Ogawa, R., Uezumi, A., Yoneda, T., Matev, M.M., Motohashi, N., Ito, T., Zolkiewska, A., Johnson, R.L., Saga, Y., Miyagoe-Suzuki, Y., Tsujikawa, K., Takeda, S., and Yamamoto, H. (2011). Hsr1 and Hsr3 are essential to generate undifferentiated quiescent satellite cells and to maintain satellite cell numbers. *Development* **138**, 4609 - 4619.

Fukuchi, S., Hosoda, K., Homma, K., Gojobori, T., and Nishikawa, K. (2011). Binary classification of protein molecules into intrinsically disordered and ordered segments. *BMC Struct Biol* **11**, 1 - 29.

Furuya, K., and Niki, H. (2011). Construction of diploid zygotes by interallelic complementation of *ade6* in *Schizosaccharomyces japonicus*. *Yeast* **28**, 747 - 754.

Gascoigne, K.E., Takeuchi, K., Suzuki, A., Hori, T., Fukagawa, T., and Cheeseman, I.M. (2011). Induced ectopic kinetochore assembly bypasses the requirement for CENP-A nucleosomes. *Cell* **145**, 410 - 422.

Gaudet, P., Bairoch, A., Field, D., Sansone, S.A., Taylor, C., Attwood, T.K., Bateman, A., Blake, J.A., Bult, C.J., Chery, J.M., Chisholm, R.L., Cochrane, G., Cook, C.E., Eppig, J.T., Galperin, M.Y., Gentleman, R., Goblet, C.A., Gojobori, T., Hancock, J.M., Howe, D.G., Imanishi, T., Kelso, J., Landsman, D., Lewis, S.E., Mizrahi, I.K., Orchard, S., Ouellette, B.F., Ranganathan, S., Richardson, L., Rocca-Serra, P., Schofield, P.N., Smedley, D., Southan, C., Tan, T.W., Tatusova, T., Whetzel, P.L., White, O., Yamasaki, C., on behalf of the BioDBCore working group. (2011). Towards BioDBCore: a community-defined information specification for biological databases. *Nucleic Acids Res* **39**, 7 - 10.

Gaudet, P., Bairoch, A., Field, D., Sansone, S.A., Taylor, C., Attwood, T.K., Bateman, A., Blake, J.A., Bult, C.J., Chery, J.M., Chisholm, R.L., Cochrane, G., Cook, C.E., Eppig, J.T., Galperin, M.Y., Gentleman, R., Goblet, C.A., Gojobori, T., Hancock, J.M., Howe, D.G., Imanishi, T., Kelso, J., Landsman, D., Lewis, S.E., Mizrahi, I.K., Orchard, S., Ouellette, B.F., Ranganathan, S., Richardson, L., Rocca-Serra, P., Schofield, P.N., Smedley, D., Southan, C., Tan, T.W., Tatusova, T., Whetzel, P.L., White, O., Yamasaki, C., on behalf of the BioDBCore working group. (2011). Towards BioDBCore: a community-defined information specification for biological databases. *Database* **2011**, 1 - 6.

Geyer, C.B., Saba, R., Kato, Y., Anderson, A.J., Chappell, V.K., Saga, Y., and Eddy, E.M. (2011). Rhox13 Is Translated in Premeiotic Germ Cells in Male and Female Mice and Is Regulated by NANOS2 in the Male. *Biol Reprod*.

Guberman, J.M., Ai, J., Arnaiz, O., Baran, J., Blake, A., Baldock, R., Chelala, C., Croft, D., Cros, A., Cutts, R.J., Di Génova, A., Forbes, S., Fujisawa, T., Gadaleta, E., Goodstein, D.M., Gundem, G., Haggarty, B., Haidler, S., Hall, M., Harris, T., Haw, R., Hu, S., Hubbard, S., Hsu, J., Iyer, V., Jones, P., Katayama, T., Kinsella, R., Kong, L., Lawson, D., Liang, Y., Lopez-Bigas, N., Luo, J., Lush, M., Mason, J., Moreews, F., Ndegwa, N., Oakley, D., Perez-Llarnas, C., Pirim, M., Rivkin, E., Rosanoff, S., Shepherd, R., Simon, R., Skarnes, B., Smedley, D., Sperling, L., Spooner, W., Stevenson, P., Stone, K., Teague, J., Wang, J., Whitty, B., Wong, D.T., Wong-Erasmus, M., Yao, L., Youens-Clark, K., Yung, C., Zhang, J., and Kasprzyk, A. (2011). BioMart Central Portal: an open data-base network for the biological community. *Database : the journal of biological databases and curation* **2011**, bar041.

Hale, C., Shiomi, D., Liu, B., Bernhardt, T.G., Margolin, W., Niki, H., and de Boer, P.A. (2011). Identification of *Escherichia coli* ZapC (YcbW) as a component of the division apparatus that binds and bundles FtsZ polymers. *Journal of Bacteriology* **193**, 1393 - 1404.

Hatni, W., Nur-Shafawati, A., Zahri, M., Xu, S., Jin, L., Tan, S-G., Rizman-Idid, M., Zifall, B., and Gojobori, T., The

HUGO Pan-Asian SNP Consortium (2011). Population genetic structure of peninsular Malaysia Malay sub-ethnic groups. *PLoS ONE* **6**, 1-5.

Hirata, H., Takahashi, M., Yamada, K. and Ogino, K. (2011). The biological role of the glycinergic synapse in early zebrafish motility. *Neurosci Res* **71**, 1 - 11.

Hosoya, M., Fujjoka, M., Matsuda, S., Ohba, H., Shibata, S., Nakagawa, F., Watabe, T., Wakabayashi, K., Saga, Y., Ogawa, K., and Okano, H. (2011). Expression and Function of Sox21 During Mouse Cochlea Development. *Neurochem Res* **36**, 1261 - 1269.

Ihara, S., Hagedorn, E.J., Morrissey, M.A., Chi, Q., Motegi, F., Kramer, J.M. and Sherwood, D. R. (2011). Basement Membrane Sliding and Targeted Adhesion Remodels Tissue Boundaries During Uterine vulval Attachment in *C. elegans*. *Nature Cell Biology* **13**, 641 - 651.

Ikenaga, T., Urban, J.M., Gebhart, N., Hatta, K., Kawakami, K., and Ono, F. (2011). Formation of the spinal network in zebrafish determined by domain-specific Pax genes. *J Comp Neurol* **519**, 1562 - 1579.

Ingaki, S., and Kakutani, T. (2011). Control of genic DNA methylation in Arabidopsis. *Journal of Plant Research* **123**, 299 - 302.

Ishii, A., Koide, T., Takahashi, A., Shiroishi, T., Hettlinger, T.P., Frank, M.E., Savoy, L.D., Formaker, B.K., Yertutanol, S., Alionikas, A., and Blizard, D.A. (2011). B6-MSM consomic mouse strains reveal multiple loci for genetic variation in sucrose octaacetate aversion. *Behavior Genetics* **41**(5), 716-723.

Ito, Y., Kimura, F., Hirakata, K., Tsuda, K., Takasugi, T., Eguchi, M., Nakagawa, K., and Kurata, N. (2011). Fatty acid elongase is required for shoot development in rice. *Plant J* **66**, 680 - 688.

Ito, Y., Thirumurugan, T., Serizawa, A., Hiratsu, K., Ohme-Takagi, M. and Kurata, N. (2011). Aberrant vegetative and reproductive development by overexpression and lethality by silencing of OshHAP3E in rice. *Plant Science* **181**, 105 - 110.

Kaminuma, E., Kosuge, T., Kodama, Y., Aono, H., Mashima, J., Gojobori, T., Sugawara, H., Ogasawara, O., Takagi, T., Okubo, K., and Nakamura, Y. (2011). DDBJ Progress Report. *Nucleic Acids Res* **39**, 22 - 27.

Kanke, M., Nishimura, K., Kanemaki, M., Kakimoto, T., Takahashi, T.S., Nakagawa, T., and Masukata, H. (2011). Auxin-inducible protein depletion system in fission yeast. *BMC Cell Biology* **12**.

Katsuki, T., Joshi, R., Alani, D., and Hiroki, Y. (2011). Compartmentalization within neurites: its mechanisms and implications. *Dev Neurobiol* **71**, 458 - 473.

Kimura, K., and Kimura, A. (2011). A novel mechanism of microtubule length-dependent force to pull centrosomes toward the cell center. *BioArchitecture* **1**, 74 - 79.

Kishimoto, N., Alfaro-Cervello, C., Shimizu, K., Asakawa, K., Urasaki, A., Nonaka, S., Kawakami, K., Garcia-Verdugo, J.M., and Sawamoto, K. (2011). Migration of neuronal precursors from the telencephalic ventricular zone into the olfactory bulb in adult zebrafish. *J Comp Neurol* **519**, 3549 - 3565.

Kitagawa, D., Flückiger, I., Polanowska, J., Keller, D., Reboul, J., and Gönczy, P. (2011). PP2A phosphatase acts upon SAS-5 to ensure centriole formation in *C. elegans* embryos. *Developmental Cell* **20**, 550 - 562.

Kitano, J., and Peichel, C.L. (2011). Turnover of sex chromosomes and speciation in fishes. *Environmental Biology of Fishes*.

Kobayashi, Y., Kimura, K., and Katsura, I. (2011). Ultradian rhythm in the intestine of *Caenorhabditis elegans* is controlled by the C-terminal region of the FLR-1 ion channel and the hydrophobic domain of the FLR-4 protein kinase. *Genes Cells* **16**, 565 - 575.

Kobayashi, Y., Suzuki, Y., Itou, T., Ito, F., Gojobori, T., and Sakai, T. (2011). Evolutionary history of dog rabies in Brazil. *J of General Virology* **92**, 85 - 90.

Kohlmaier, G., Keller, D., Strnad, P., Balestra, F.R., Flückiger, I., and Gönczy, P. (2011). Spindle positioning in human cells relies on proper centriole formation and on the microcephaly proteins CPAP and STIL. *J Cell Sci* **124**, 3884 - 3893.

Koide, T., Ikeda, K., Ogasawara, M., Shiroishi, T., Moriwa, K., and Takahashi, A. (2011). A new twist on behavioral genetics by incorporating wild-derived mouse strains. *Exp Anim* **60**, 347 - 354.

Kondrashov, N., Pusic, A., Stumpf, C.R., Shimizu, K., Hsieh, A.C., Xue, S., Ishijima, J., Shiroishi, T., and Barna, M. (2011). Ribosome-mediated specificity in hox mRNA translation and vertebrate tissue patterning. *Cell* **145**, 383 - 397.

Kosodo, Y., Suetsugu, T., Suda, M., Mimori-Kiyosue, Y., Toida, K., Baba, S.A., Kimura, A., and Matsuzaki, F. (2011). Regulation of interkinetic nuclear migration by cell cycle-coupled active and passive mechanisms in the developing brain. *EMBO J* **30**, 1690-1704.

Kubo, T., Yoshimura, A., and Kurata, N. (2011). Hybrid Male Sterility in Rice Is Due to Epistatic Interactions with a Pollen Killer Locus. *Genetics* **189**, 1063 - 1092.

Liu, J., Chen, C.Y., Shiomi, D., Niki, H., and Margolin, W. (2011). Visualization of bacteriophage P1 infection by cryo-electron tomography of tiny *Escherichia coli*. *Virology* **417**, 304 - 311.

Liu, W., Morito, W., Takashima, S., Mineharu, Y., Kobayashi, H., Hitomi, T., Hashikata, H., Matsuura, N., Yamazaki, S., Toyoda, A., Kikuta, K., Takagi, Y., Harada, K.H., Fujiyama, A., Herzog, R., Kricsek, B., Zou, L., Kim, J.E., Kitakaze, M., Miyamoto, S., Nagata, K., Hashimoto, N., and Koizumi, A. (2011). Identification of RNF213 as a Susceptibility Gene for Moyamoya Disease and Its Possible Role in Vascular Development. *PLoS ONE* **6**, e22542.

Low, S.E., Amburgey, K., Horstick, E., Linsley, J., Sprague, S.M., Cui, W.W., Zhou, W., Hirata, H., Saint-Amant, L., and Kuwada, J.Y. (2011). TRPM7 is required within zebrafish sensory neurons for the activation of touch-evoked escape behaviors. *J Neurosci* **31**, 11633 - 11644.

Maeshima, K., Hihara, S., and Takata, H. (2011). New insight into the mitotic chromosome structure : irregular folding of nucleosome fibres without 30-nm chromatin structure. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology* **75**, 439-444.

Maeshima, K., Iino, H., Hihara, S., and Imamoto, N. (2011). Nuclear Size, Nuclear Pore Number, and Cell Cycle. *Nucleus* **2**, 113-118.

Masumoto, H., Nakato, R., Kanemaki, M., Shirahige, K., and Hachinohe, M. (2011). The Inheritance of Histone Modifications Depends upon the Location in the Chromosome in *Saccharomyces cerevisiae*. *PLoS ONE* **6**, e28980.

Miczek, K.A., Nikulina, E.M., Takahashi, A., Covington, H.E. 3rd, Yap, J.J., Boyson, C.O., Shimamoto, A., and de Almeida, R.M. (2011). Gene Expression in Aminergic and Peptidergic Cells During Aggression and Defeat: Relevance to Violence, Depression and Drug Abuse. *Behavior Genetics* **41**(6), 787-802.

Miyagishima, S. (2011). Mechanism of plastid division: from a bacterium to an organelle. *Plant Physiol* **155**, 1533-1544.

Miyagishima, S., Nakanishi, H., and Kabeya, Y. (2011). Structure, regulation, and evolution of the plastid division machinery. *Int Rev Cell Mol Biol* **291**, 115 - 153.

- Mizoguchi, T., Togawa, S., Kawakami, K., and Itoh, M. (2011). Neuron and sensory epithelial cell fate is sequentially determined by Notch signaling in zebrafish lateral line development. *The Journal of Neuroscience* **31**, 15522 - 15530.
- Mochizuki, H., Toda, H., Ando, M., Kurusu, M., Tomoda, T., and Furukubo-Tokunaga, K. (2011). Unc-51/ATG1 Controls Axonal and Dendritic Development via Kinesin-Mediated Vesicle Transport in the Drosophila Brain. *PLoS ONE* **6**, e19632.
- Muto, A., and Kawakami, K. (2011). Imaging functional neural circuits in zebrafish with a new GCaMP and the Gal4FF-UAS system. *Communicative & Integrative Biology* **4**, 566 - 568.
- Naganawa, Y., and Hirata, H. (2011). Developmental transition of touch response from slow muscle-mediated coils to fast muscle-mediated burst swimming in zebrafish. *Dev Biol* **355**, 194 - 204.
- Nakayama, M., Sato, H., Okuda, T., Fujisawa, N., Kono, N., Arai, H., Suzuki, E., Umeda, M., Ishikawa, H., and Matsuno, K. (2011). Drosophila carrying pex3 or pex16 mutations are models of Zellweger syndrome that reflect its symptoms associated with the absence of peroxisomes. *PLoS ONE* **6**, e22984.
- Niwayama, R., Shinohara, K., and Kimura, A. (2011). The hydrodynamic property of the cytoplasm is sufficient to mediate cytoplasmic streaming in the *Caenorhabditis elegans* embryo. *Proc Natl Acad Sci USA* **108**, 11900 - 11905.
- Nonomura, K., Eguchi, M., Nakano, M., Takashima, K., Komeda, N., Fukuchi, S., Miyazaki, S., Miyao, A., Hirochika, H., and Kurata, N. (2011). A novel RNA-recognition-motif protein is required for premeiotic G1/S-phase transition in rice (*Oryza sativa* L.). *PLoS Genetics* **7**(1), e1001265.
- Ogino, K., Ramsden, S.L., Keib, N., Schwarz, G., Harvey, R.J., and Hirata, H. (2011). Duplicated gephyrin genes showing distinct tissue distribution and alternative splicing patterns mediate Moco biosynthesis, glycine receptor clustering and escape behavior in zebrafish. *J Biol Chem* **286**, 806 - 817.
- Ono, R., Kuroki, Y., Naruse, M., Ishii, M., Iwasaki, S., Toyoda, A., Fujiyama, A., Shaw, G., Renfree, M.B., Kaneko-Ishino, T., and Ishino, F. (2011). Identification of tamar wallaby SIRH12, derived from a marsupial-specific retrotransposon event. *DNA Research* **18**, 211 - 219.
- Oyama, T., Harigaya, K., Sasaki, N., Okamura, Y., Kokubo, H., Saga, Y., Hozumi, K., Suganami, A., Tamura, Y., Nagase, T., Koga, H., Nishimura, M., Sakamoto, R., Sato, M., Yoshida, N., and Kitagawa, M. (2011). Mastermind-like 1 (Maml1) and mastermind-like 3 (Maml3) are essential for Notch signaling in vivo. *Development* **138**, 5235 - 5246.
- Ozaki, Y., Saito, K., Shinya, M., and Kawasaki, T. (2011). Evaluation of Sycp3, Plzf and Cyclin B3 expression and suitability as spermatogonia and spermatocyte markers in zebrafish. *Gene Expression Patterns* **11**, 309 - 315.
- Perpelescu, M., and Fukagawa, T. (2011). The ABCs of CENPs. *Chromosoma* **120**, 425 - 446.
- Pope, B.D., Tsumagari, K., Battaglia, D., Ryba, T., Hiratani, I., Ehrlich, M., and Gilbert, D.M. (2011). DNA replication timing is maintained genome-wide in primary human myoblasts independent of D4Z4 contraction in FSH muscular dystrophy. *PLoS ONE* **6**, e27413.
- Prakash, T., Oshima, K., Morita, H., Fukuda, S., Imaoka, A., Kumar, N., Sharma, K.V., Takahashi, M., Saitou, N., Taylor, D.T., Ohno, H., Umesaki, Y., and Hattori, M. (2011). Complete genome sequences of rat and mouse segmented filamentous bacteria, a potent inducer of Th17 cell differentiation. *Cell Host & Microbe* **10**, 273 - 284.
- Reich, D., Patterson, N., Kircher, M., Delfin, F., Nandineni, M.R., Pugh, I., Ko, M.S.A., Ko, Y.C., Jinam, A.J., Phipps, E.M., Saitou, N., Wollstein, A., Kayser, M., Paabo, S., and Stoneking, M. (2011). Denisova Admixture and the First Modern Human Dispersals into Southeast Asia and Oceania. *American Journal of Human Genetics* **89**, 516 - 528.
- Renfree, M., Papenfuss, A.T., Deakin, J.E., Lindsay, J., Heider, T., Belov, K., Rens, W., Waters, P.D., Pharo, E.A., Shaw, G., Wong, E.S., Lefevre, C.M., Nicholas, K.R., Kuroki, Y., Wakefield, M.J., Zenger, K.R., Wang, C., Ferguson-Smith, M., Nicholas, F.W., Hickford, D., Yu, H., Short, K.R., Siddie, H.V., Frankenberg, S.R., Chew, K.Y., Menzies, B.R., Stringer, J.M., Suzuki, S., Hore, T.A., Delbridge, M.L., Mohammadi, A., Schneider, N.Y., Hu, Y., O'Hara, W., Al Nadaf, S., Wu, C., Feng, Z.P., Cocks, B.G., Wang, J., Flock, P., Searle, S.M., Fairley, S., Beal, K., Herrero, J., Carone, D.M., Suzuki, Y., Sagano, S., Toyoda, A., Sakaki, Y., Kondo, S., Nishida, Y., Tatsumoto, S., Mandiou, I., Hsu, A., McCall, K.A., Landsell, B., Weinstock, G., Kuczek, E., McGrath, A., Wilson, P., Men, A., Hazer-Pethinam, M., Hall, A., Davies, J., Wood, D., Williams, S., Sundaravadanam, Y., Muzny, D.M., Jhangiani, S.N., Lewis, L.R., Morgan, M.B., Okwuonu, G.O., Ruiz, S.J., Santibanez, J., Nazareth, L., Cree, A., Fowler, G., Kovar, C.L., Dinu, H.H., Joshi, V., Jig, C., Lara, F., Thornton, R., Chen, L., Deng, J., Liu, Y., Shen, J.Y., Song, X.Z., Edson, J., Troon, C., Thomas, D., Stephens, A., Yapa, L., Levchenko, T., Gibbs, R.A., Cooper, D.W., Speed, T.P., Fujiyama, A., Graves, J.A., O'Neill, R.J., Pask, A.J., Forrest, S.M., and Worley, K.C. (2011). Genome sequence of an Australian kangaroo, *Macropus eugenii*, provides insight into the evolution of mammalian reproduction and development. *Genome Biology* **12**, R81.
- Rhind, N., Chen, Z., Yassour, M., Thompson, D.A., Haas, B.J., Habib, N., Wapinski, I., Roy, S., Lin, M.F., Heiman, D.I., Young, S.K., Funaya, K., Guo, Y., Pidoux, A., Chen, H.M., Robbertse, B., Goldberg, J.M., Aoki, K., Bayne, E.H., Berlin, A.M., Desjardins, C.A., Dobbs, E., Dukaj, L., Fan, L., FitzGerald, M.G., French, C., Guja, S., Hansen, K., Keifenheim, D., Levin, J.Z., Moshier, R.A., Muller, C.A., Pfiffner, J., Priest, M., Russ, C., Smailowska, A., Swoboda, P., Sykes, S.M., Vaughn, M., Vengrova, S., Yoder, R., Zeng, Q., Alshire, R., Baulcombe, D., Birren, B.W., Brown, W., Ekwal, K., Kells, M., Leatherwood, J., Levin, H., Margalit, H., Martensson, R., Nieduszynski, C.A., Spatola, J.W., Friedman, N., Dalgaard, J.Z., Baumann, P., Niki, H., Regev, A., and Nusbaum, C. (2011). Comparative functional genomics of the fission yeasts. *Science* **332**, 930 - 936.
- Ryba, T., Battaglia, D., Pope, B.D., Hiratani, I., and Gilbert, D.M. (2011). Genome-scale analysis of replication timing: from bench to bioinformatics. *Nature Protocols* **6**, 870 - 895.
- Ryba, T., Hiratani, I., Sasaki, T., Battaglia, D., Kulik, M., Zhang, J., Dalton, S., and Gilbert, D.M. (2011). Replication timing: a fingerprint for cell identity and pluripotency. *PLoS Computational Biology* **7**, e1002225.
- Saito, K., Siegfried, K.R., Nusslein-Volhard, C., and Sakai, N. (2011). Isolation and cytogenetic characterization of zebrafish meiotic prophase I mutants. *Developmental Dynamics* **240**, 1779 - 1792.
- Saito, T., Arizumi, T., Okabe, Y., Asamizu, E., Tanase, K., Mizoguchi, T., Yamazaki, Y., Fukuda, N., Aoki, K., and Ezura, H. (2011). TOMATOMA: A Novel Tomato Mutant Database Distributing Micro-Tom Mutant Collections. *Plant Cell Physiol* **52**, 283-296.
- Sakaidani, Y., Nomura, T., Matsuura, A., Ito, M., Suzuki, E., Murakami, K., Nadano, D., Matsuda, T., Furukawa, K., and Okajima, T. (2011). O-linked-N-acetylglucosamine on extracellular protein domains mediates epithelial cell-matrix interactions. *Nature Communications* **2**, 583 - 592.
- Sato, S., Hirakawa, H., Isoabe, S., Fukai, E., Watanabe, A., Kato, M., Kawashima, K., Minami, C., Muraki, A., Nakazaki, N., Takahashi, C., Nakayama, S., Kishida, Y., Kohara, M., Yamada, M., Tsuruoka, H., Sasamoto, S., Tabata, S., Aizu, T., Toyoda, A., Shin-I, T., Minakuchi, Y., Kohara, Y., Fujiyama, A., Tsuchimoto, S., Kajiyama, S., Makigano, E., Ohnido, N., Shibagaki, N., Cartagena, J.A., Wada, N., Kohnata, T., Atefeh, A., Yuasa, S., Matsunaga, S., and Fukui, K. (2011). Sequence Analysis of the Genome of an Oil-Bearing Tree, *Jatropha curcas* L. *DNA Research* **18**, 65 - 76.
- Sato, Y., Iketani, M., Kurihara, Y., Yamaguchi, M., Yamashita, N., Nakamura, F., Arie, Y., Kawasaki, T., Hirata, T., Abe, T., Kiyonari, H., Strittmatter, S.M., Goshima, Y., and Takeki, K. (2011). Cartilage acidic protein-1B (LOTUS), an endogenous Nogo receptor antagonist for axon tract formation. *Science* **333**, 769 - 773.
- Sato, Y., Mita, S., Fukushima, N., Fujisawa, H., Saga, Y., and Hirata, T. (2011). Induction of axon growth arrest without growth cone collapse through the N-terminal region of four-transmembrane glycoprotein M6a. *Dev Neurobiol* **71**, 733 - 746.
- Sato, Y., Watanabe, N., Fukushima, N., Mita, S., and Hirata, T. (2011). Actin-independent behavior and membrane deformation exhibited by the four-transmembrane protein M6a. *PLoS ONE* **6**, e26702, 1 - 13.
- Saze, H., and Kakutani, T. (2011). Differentiation of epigenetic modifications between transposons and genes. *Current Opinion of Plant Biology* **65**, 589 - 599.
- Shakes, L.A., Abe, G., Eltayeb, M.A., Wolf, H.M., Kawakami, K., and Chatterjee, P.K. (2011). Generating libraries of Ito2-end insertions at BAC ends using loxP and lox511 Tn10 transposons. *BMC Genomics* **12**, 351.
- Shiomi, D., and Niki, H. (2011). A mutation of ispA that is involved in isoprenoid biogenesis can improve slow growth of *Escherichia coli* at low temperature. *Microbiol Immunol* **55**, 885 - 888.
- Sugimoto, H., Okabe, S., Kato, M., Koshida, N., Shiroishi, T., Mogi, K., Kikusui, T., and Koide, T. (2011). A role for strain differences in waveforms of ultrasonic vocalizations during male-female interaction. *PLoS ONE* **6**, e22093.
- Sugioka, K., Mizumoto, K., and Sawa, H. (2011). Wnt regulates spindle asymmetry to generate asymmetric nuclear β -catenin in *C. elegans*. *Cell* **146**, 942-954.
- Sumiyama, K., and Saitou, N. (2011). Loss-of-function mutation in a repressor module of human-specifically activated enhancer HACNS1. *Molecular Biology and Evolution* **28**, 3005 - 3007.
- Sumiyoshi, S., Takahashi, S., Obata, H., Sugimoto, A., and Kohara, Y. (2011). The beta-catenin HMP-2 functions downstream of Src in parallel with the Wnt pathway in early embryogenesis of *C. elegans*. *Dev Biol* **355**, 302 - 312.
- Suster, M.L., Abe, G., Schouwe, A., and Kawakami, K. (2011). Transposon-mediated BAC transgenesis in zebrafish. *Nature Protocols* **6**, 1998 - 2021.
- Suzuki, A., and Fukagawa, T. (2011). Cell Biological Analysis of DT40 Knockout Cell Lines for Cell-Cycle Genes. *Curr Protoc Cell Biol* **50**, 8.7.1 - 8.7.17.
- Suzuki, A., Hori, T., Nishino, T., Usukura, J., Miyagi, A., Morikawa, K., and Fukagawa, T. (2011). Spindle microtubules generate tension-dependent changes in the distribution of inner kinetochore proteins. *J Cell Biol* **193**, 125 - 140.
- Suzuki, R., and Saitou, N. (2011). Exploration for functional nucleotide sequence candidates within coding regions of mammalian genes. *DNA Research* **18**, 177 - 183.
- Takahashi, S., Toyoda, A., Sekiyama, Y., Takagi, H., Nogawa, T., Uramoto, M., Suzuki, R., Koshino, H., Kumano, T., Panthee, S., Dairi, T., Ishikawa, J., Ikeda, H., Sakaki, Y., and Osada, H. (2011). Reveromycin A biosynthesis uses RevG and RevJ for stereospecific spiroacetal formation. *Nature Chemical Biology* **7**, 461 - 468.
- Takata, H., and Maeshima, K. (2011). Irregular folding of nucleosomes in the cell. *Phys Life Rev* **8**, 51 - 52.
- Takayama, K., Tsutsumi, S., Katayama, S., Okayama, T., Horie-Inoue, K., Ikeda, K., Urano, T., Kawazu, C., Hasegawa, A., Ikeo, K., Gojobori, T., Ouchi, Y., Hayashizaki, Y., Aburatani, H., and Inoue, S. (2011). Integration of cap analysis of gene expression and chromatin immunoprecipitation analysis on array reveals genome-wide androgen receptor signaling in prostate cancer cells. *Oncogene* **30**, 619 - 630.
- Tanaka, S., and Araki, H. (2011). Multiple regulatory mechanisms to inhibit untimely initiation of DNA replication are important for stable genome maintenance. *PLoS Genetics* **7**, e1002136.
- Tanaka, S., Nakano, R., Katou, Y., Shirahige, S., and Araki, H. (2011). Origin Association of Sld3, Sld7 and Cdc45 Proteins is a Key Step for Determination of Origin-Firing Timing. *Current Biology* **21**, 2055 - 2063.
- Tanaka, T., Umemori, T., Endo, S., Muramatsu, S., Kanemaki, M., Kamimura, Y., Obuse, C., and Araki, H. (2011). Sld7, an Sld3-associated protein required for efficient chromosomal DNA replication in budding yeast. *EMBO J* **30**, 2019 - 2030.
- Tashiro, K., Teissier, A., Kobayashi, N., Nakanishi, A., Sasaki, T., Yan, K., Tarabykin, V., Vigier, L., Sumiyama, K., Hirakawa, M., Nishihara, H., Pierani, A., and Okada, N. (2011). A Mammalian Conserved Element Derived from SINE Displays Enhancer Properties Recapitulating Satb2 Expression in Early-Born Callosal Projection Neurons. *PLoS ONE* **6**, e28497.
- Torihiro, H., Uechi, T., Chakraborty, A., Shinya, M., Sakai, N., and Kenmochi, N. (2011). Erythropoiesis failure due to RPS19 deficiency is independent of an activated p53 response in a zebrafish model of Diamond-Blackfan anaemia. *Br J Haematol* **152**, 648 - 654.
- Toyama, M., Matsuda, K., Kakutani, T., Terao-Morita, M., and Tasaka, M. (2011). Developmental changes in crossover frequency in Arabidopsis. *Plant J* **14**, 81 - 87.
- Tsuda, K., Ito, Y., Sato, Y., and Kurata, N. (2011). Positive autoregulation of a KNOX gene is essential for shoot apical meristem maintenance in rice. *Plant Cell* **23**, 4368-4381.
- Vogalis, F., Shiraki, T., Kojima, D., Wada, Y., Nishiwaki, Y., Jarvinen, J.L., Sugiyama, J., Kawakami, K., Masai, I., Kawamura, S., Fukuda, Y., and Lamb, T.D. (2011). Ectopic expression of cone-specific G protein-coupled receptor kinase GRK7 in zebrafish rods leads to lower photosensitivity and altered responses. *The Journal of Physiology* **589**, 2321 - 2348.
- Wang, C., Kazuki, Y., Oshimura, M., Ikeo, K., and Gojobori, T. (2011). Gene dosage imbalance of human chromosome 21 in mouse embryonic stem cells differentiating to neurons. *Gene* **481**, 93 - 101.
- Wang, H., Bonnet, A., Delfini, M.C., Kawakami, K., Takahashi, Y., and Duprez, D. (2011). Stable, conditional, and muscle-fiber-specific expression of electroporated transgenes in chick limb muscle cells. *Developmental Dynamics* **240**, 1223 - 1232.
- Watanabe, T., Tomizawa, S., Mitsuya, K., Totoki, Y., Yamamoto, Y., Kuramochi-Miyagawa, S., Iida, N., Hoki, Y., Murphy, P.J., Toyoda, A., Gotoh, K., Hiura, H., Arima, T., Fujiyama, A., Sado, T., Shibata, T., Nakano, T., Lin, H., Ichiyanagi, K., Soloway, P.D., and Sasaki, H. (2011). Role for piRNAs and noncoding RNA in de novo DNA methylation of the imprinted mouse *Rasgrf1* locus. *Science* **332**, 848 - 852.
- Yamakawa, T., Yamada, K., Sasamura, T., Nakazawa, N., Kanai, M., Suzuki, E., Fortini, M.E., and Matsuno, K. (2011). Deficient Notch signaling associated with neurogenic *pecanex* is compensated for by the unfolded protein response in *Drosophila*. *Development* **139**, 558 - 567.
- Yamamoto, Y., Takeshita, H., and Sawa, H. (2011). Multiple Wnts redundantly control polarity orientation in *Caenorhabditis elegans* epithelial stem cells. *PLoS Genetics* **7**, e1002308.
- Yanagihara, K., Niki, H., and Baba, T. (2011). Direct PCR amplification of the 16S rRNA gene from single microbial cells isolated from an Antarctic iceberg using laser microdissection microscopy. *Polar Science* **5**, 375 - 382.
- Yang, X., Xu, S., Gojobori, T., The HUGO Pan-Asian SNP Consortium (2011). Identification of close relatives in the HUGO Pan-Asian SNP database. *PLoS ONE* **6**, 1 - 7.
- Yokoyama, H., Maruoka, T., Aruga, A., Amano, T., Ohgo, S., Shiroishi, T., and Tamura, K. (2011). Prx-1 expression in *Xenopus laevis* scarless skin-wound healing and its resemblance to epimorphic regeneration. *J Invest Dermatol* **131**, 2477 - 2485.

共同研究・研究会

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、2011年度も計98件の共同研究と計14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 2010, 99 Collaborative Researches and 11 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.

イネ花粉突然変異体の単離と解析

秋田県立大学 生物資源科学部 植物分子情報研究室

■助教 上田健治

イネゲノム3万2千個の遺伝子のうち2万個以上が花粉を含む葯で発現することが示されているが、機能が明らかなものは少ない。私達は本共同研究の支援により、レトロトランスポゾン 転移による花粉突然変異体を利用して、花粉形成過程で発現する遺伝子の機能を解析している。これまでに500系統の 変異体集団から、29系統の花粉突然変異体を単離した。そのうち2系統は、糖代謝に関与する酵素遺伝子およびタンパク質合成関連遺伝子の変異により花粉不稔になることが明らかになった。本研究により、花粉形成過程で発現する遺伝子の機能が明らかになるとともに、得られた知見は将来的にイネの分子育種に応用されることも期待できる。

We have been working on the characterization of pollen-expressed genes using rice retrotransposon *Tos17* mutant lines. In NIG Collaborative Research Program, we successfully isolated 29 novel pollen defective mutants, and identified two important genes involved in pollen development. Detailed studies on these genes are currently underway.

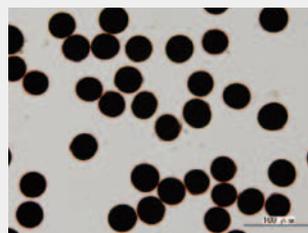


写真1:正常型イネの花粉(I₂-KI染色)

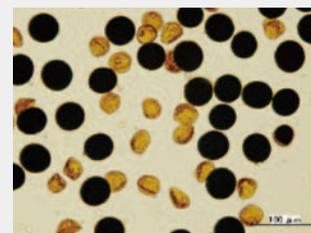


写真2:花粉突然変異体の花粉(同黄色が変異した花粉)

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 プロテオミクスと遺伝学アプローチによる染色体機能の解明	小布施力史 北海道大学大学院 先端生命科学研究院
2 クロマチンのストレス応答とエピジェネティック制御	木村 宏 大阪大学 生命機能研究科
3 染色体タンパク質群の機能・構造解析	胡桃坂仁志 早稲田大学 理工学術院
4 ニフトリ DT40 細胞を用いた mRNA 品質管理と細胞内ストレス応答とのクロストーク機構の解析	榊建二郎 東京女子医科大学 医学部
5 条件的ヘテロクロマチン局在蛋白質の機能解析	佐渡 敬 九州大学 生体防御医学研究所
6 ヒストンバリエント H2A.Z アイソフォームによるクロマチン機能制御の解析	原田昌彦 東北大学大学院 農学研究科
7 脊椎動物キネトコア複合体の X 線結晶構造解析	森川耿右 京都大学 細胞統合システム拠点 (iCeMS)
8 ユビキチン化と SUMO 化による DNA クロスリンク修復の制御	石合正道 京都大学 放射線生物研究センター
9 PCNA のユビキチン化と SUMO 化によるヒト複製後修復経路の制御機構	増田雄司 名古屋大学環境医学研究所
10 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
11 新規遺伝子変異マウスのパレル発達、および、 α 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
12 α キメラ変異マウスを用いた中枢パターン発生器の解析	西丸広史 筑波大学大学院 人間総合科学研究科
13 Targeted Transgenesis by Tol2 transposable element.	Jeff, Shyh-Jye Lee National Taiwan University Institute of zoology
14 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
15 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
16 遺伝子発現制御を司る相互作用ネットワークの多様性と進化	高橋 亮 京都産業大学 総合生命科学部
17 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
18 多因子疾患原因遺伝子の進化的研究	太田博樹 北里大学 医学部
19 棘皮動物ウミシダの外部形態と分子系統関係の再検討	近藤真理子 東京大学大学院 理学系研究科附属臨海実験所
20 メダカコンソミック系統の作成	酒泉 満 新潟大学 自然科学系
21 転写共役因子 HR を介したエネルギー代謝制御の解析	田中成和 順天堂災害医学研究所
22 細胞核における染色体テリトリー・遺伝子領域の核内配置解析	田辺秀之 総合研究大学院大学 先導科学研究科
23 X 線 CT を用いたメダカ近交系の形態計測	成瀬 清 基礎生物学研究所
24 日本産野生マウス由来の MSM 系統を用いた、マウス肺腫瘍発生関連遺伝子のマッピング	宮下信泉 香川大学
25 常温冬眠療法による脳保護法の開発	森健太郎 順天堂大学 医学部 脳神経外科
26 網羅的マウス表現型解析方法とそのデータベースの標準化	若菜茂晴 理化学研究所 バイオリソースセンター
27 Lfng は細胞間カップリングを介して体節時計の同調した振動を制御する	菅野 純 国立医薬品食品衛生研究所 毒性部
28 プロセシング酵素による形態形成の制御	西松伸一郎 川崎医科大学 分子生物学1 (発生学) 教室
29 VNTR を介したドーパミントランスポーター発現に対する転写因子 HESR ファミリーの効果	石浦章一 東京大学大学院 総合文化研究科
30 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	笠井慎也 東京都医学研究機構 東京都精神医学総合研究所
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 MSM コンソミック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
33 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 環境科学研究所
34 C57BL/6J-MSM/Ms 亜種間コンジェニックマウスを用いた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
35 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
36 琵琶湖固有魚類における細胞株の樹立	高田達之 立命館大学 薬学部
37 魚類における環境適応能力に関する遺伝子探索	中嶋正道 東北大学大学院 農学研究科
38 海産魚類の精原幹細胞培養技術開発	松山倫也 九州大学大学院 農学研究科
39 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 理学研究院
40 Conservation of regulatory information content across orthologous Myb4 transcription factors of Oryza species.	Berilio G. de los Reyes University of Maine, USA
41 イネの種間交雑における胚乳崩壊現象の解析	木下 哲 奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科

42	イネの栽培種、野生種を用いた、発育過程の分子遺伝学	長戸康郎	東京大学大学院 農学生命科学研究科
43	分裂酵母接合型変換におけるドナー選択制御因子の検索	筒井康博	東京工業大学大学院 生命理工学研究科
44	染色体構造維持の分子メカニズム	菱田 卓	学習院大学 理学部 生命科学科
45	tmRNA による定常期の維持	中山秀喜	京都産業大学 総合生命科学部
46	ショウジョウバエ遺伝資源統合データベースシステムの高度化に関する研究	山本雅敏	京都工芸繊維大学 ショウジョウバエ遺伝資源センター
47	腹びれイルカのゲノム解析	浅川修一	東京大学大学院 農学生命科学研究科
48	神経回路のリモデリングと維持を支える機構	上村 匡	京都大学大学院 生命科学研究科
49	哺乳類染色体のゲノム多様性解析	黒木陽子	理化学研究所 免疫・アレルギー科学総合研究センター
50	放射光 X 線を用いたバイオイメーシング	西野吉則	北海道大学 電子科学研究所
51	ゲノム DNA の折り畳み構造制御と生命機能	吉川祐子	立命館大学 総合理工学研究機構
52	ペプチド性エリター・クリプトゲインの立体構造解析	天野豊己	静岡大学 理学部
53	シクロオキシゲナーゼ-2(COX-2)と選択的阻害化合物カンナビジオール酸 (CBDA) との結晶構造	荒牧弘範	第一薬科大学 薬学部
54	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 理学研究科
55	4Å に代表される低分解能の X 線構造解析	近藤英昌	産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門
56	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
57	タンパク質複合体の構造解析手法の検討	安永卓生	九州工業大学大学院 情報工学研究院
58	耐塩性グルタミンナーゼの高濃度食塩適応機構に関する研究	吉宗一晃	日本大学 生産工学部
59	大腸菌 ECM の形態変化	嶋本伸雄	京都産業大学 総合生命科学部
60	ショウジョウバエの化学感覚情報処理に必須な神経経路の電子顕微鏡観察	田中暢明	京都大学 生命科学系キャリアパス形成ユニット
61	Notch 情報伝達系の新規構成遺伝子 pecanex 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
62	C 型肝炎ウイルスが宿主に及ぼす影響	市田隆文	順天堂大学 消化器内科学
63	オミクスアプローチによる軟体動物の脳神経系の進化に関する研究	小倉 淳	お茶の水女子大学 お茶大アカデミックプロダクション
64	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 健康工学研究部門
65	知識メディア技術による大規模生命情報データ連携方法の開発	田中 譲	北海道大学大学院 情報科学研究科
66	現役とシニア世代専門家の共同作業による遺伝学関係データベースの高品質化	池村淑道	長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部
67	ゼブラフィッシュを用いた機能的脳神経回路形成の解析	小田洋一	名古屋大学大学院 理学研究科
68	外来侵入種の新規環境への適応機構	河田雅圭	東北大学 生命科学研究科
69	日本産トゲウオにおける適応放散の遺伝機構	森 誠一	岐阜経済大学 経済学部
70	胎生期脳形成時における細胞増殖・分化のフィードバック制御のシミュレーション解析	小曾戸陽一	川崎医科大学 解剖学教室
71	イネの発生を制御する遺伝的制御機構の解明	平野博之	東京大学大学院 理学系研究科
72	In vitro reconstitution and biochemical characterisation of mutant forms of polymerase epsilon from <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Piotr Janczyk	Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences
73	クラスター型プロトカドヘリンによる皮質体性感覚野におけるバレル形成機構	八木 健	大阪大学大学院 生命機能研究科
74	The underlying genetics of dermal bone formation.	Per E. Ahlberg	Uppsala University, Sweden
75	SNP データを用いた哺乳類ゲノムの大規模解析	太田聡史	理化学研究所 筑波研究所 情報解析技術室
76	患者由来 iPS 細胞樹立とパーソナルゲノム解析による希少難病研究の基盤整備	佐藤健人	東海大学 医学部
77	イネの DNA メチル化制御遺伝子のターゲティング改変体の分子レベルの機能解析	寺田理枝	名城大学 農学部
78	PlexinA2/A4 遺伝子改変マウスに見られる大脳皮質形成異常の解析	畠中由美子	自然科学研究機構生理学研究所 大脳神経回路論部門
79	マウス遺伝的組換えホットスポットのエピゲノム修飾による制御	太田邦史	東京大学大学院 総合文化研究科
80	チェックポイントタンパク質 Rad9 の DNA 損傷結合の分子遺伝解析	古谷寛治	京都大学 放射線生物研究センター
81	潰瘍性大腸炎の原因菌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
82	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
83	アナナスショウジョウバエ単為生殖系統のゲノム解析	平井和之	杏林大学 医学部
84	眼の形成における Apt の機能と進化に関する解析	劉 慶信	中国山東農業大学 発育遺伝学研究室
85	真核細胞の複製装置進行複合体の制御機構	滝澤温彦	大阪大学大学院 理学研究科
86	多様な塩分環境へのトゲウオ科魚類の適応機構	日下部誠	東京大学 大気海洋研究所
87	メダカ属の性的二型多様化の遺伝機構	山平寿智	琉球大学 熱帯生物圏研究センター

共同研究B

研究課題	研究代表者	
1 染色体接着ローダー Ctf18-RFC と DNA ポリメラーゼε間相互作用の出芽酵母での機能の解析	釣本敏樹	九州大学 理学研究院
2 トランスジェニックゼブラフィッシュを用いた再生組織の細胞系譜解析	川上厚志	東京工業大学大学院 生命理工学研究科
3 FRET バイオセンサーを発現するトランスジェニックマウスの作成	松田道行	京都大学大学院 生命科学研究所
4 食性の進化に寄与する匂い物質結合タンパク質遺伝子のシーストランス共進化	松尾隆嗣	東京大学大学院 農学生命科学研究科
5 環境ストレスにより活性化するトランスポンソンとゲノムの安定性	伊藤秀臣	北海道大学大学院 理学研究院
6 色素細胞の機能進化—色素細胞は脈絡膜の構造や機能に寄与するか?	山本博章	長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部
7 大腸菌の染色体複製と分配を制御する新規因子のリアルタイム細胞内動態解明	片山 勉	九州大学 薬学研究院
8 動的クロマチン制御のスナップショット解析	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
9 遺伝子多様性からみたドメスティケーション過程の分子進化的研究	小見山智義	東海大学 医学部 医学科
10 The Rice Microbiome Project	Jose Carlos Clemente Litran	University of Colorado
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 クロマチンダイナミクスの分子機構	胡桃坂仁志	早稲田大学 理工学術院
2 コピキチン・SUMO による DNA 複製および DNA 修復系の制御	益谷央豪	名古屋大学 環境医学研究所
3 「認識と形成」研究会	岩里琢治	国立遺伝学研究所 形質遺伝研究部門
4 小型魚類研究会	川上浩一	国立遺伝学研究所 初期発生研究部門
5 ヒト形質のゲノム発掘による新しい進化人類学の創成	石田 肇	琉球大学大学院 医学研究科
6 分子レベルにおける種分化のメカニズム	斎藤成也	国立遺伝学研究所 集団遺伝研究部門
7 Notch シグナル研究における今後の展開	松野健治	東京理科大学 基礎工学部
8 イネ分子遺伝学の飛躍	長戸康郎	東京大学大学院 農学生命科学研究科
9 ゲノム損傷応答研究会	荻 朋男	長崎大学大学院 医歯薬学総合研究科
10 単細胞生物における細胞構築と増殖制御の研究	森 博幸	京都大学ウイルス研究所
11 次世代シーケンシング時代の分子進化研究	伊藤 剛	農業生物資源研究所 ゲノム情報研究ユニット
12 進化ゲノム学若手国際研究会	小倉 淳	お茶の水女子大学 お茶大アカデミックプロダクション
13 ゲノム多様性研究における革新的な知的発見のための戦略	五條堀孝	国立遺伝学研究所 遺伝情報分析研究室
14 細菌細胞の構造と機能研究会	朝井 計	埼玉大学大学院 理工学研究科

平成23年度 民間等との共同研究

Joint Research with the Private Sector

	研究担当者	契約期間
独立行政法人理化学研究所 形態異常を示す各種突然変異マウスの解析	系統生物研究センター 哺乳動物遺伝研究室 城石俊彦/田村 勝	20.4.1~24.3.31
独立行政法人理化学研究所 哺乳類における染色体・クロマチンの構造・機能・進化の解明を目指した比較ゲノム解析	生物遺伝資源情報総合センター 比較ゲノム解析研究室 豊田 敦	20.4.1~25.3.31
独立行政法人理化学研究所 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 相賀裕美子/小久保博樹	22.4.1~24.3.31
協和発酵キリン株式会社 トランスポンソンの哺乳動物細胞への応用に関する研究	個体遺伝研究系 初期発生研究部門 川上浩一	22.1.1~25.3.31
(独) 海洋研究開発機構 深海・地殻内環境のメタゲノム解析研究	生物遺伝資源情報総合センター 比較ゲノム解析研究室 豊田 敦	22.4.1~24.3.31
国立大学法人東京工業大学 新型シーケンサを利用した、新規ゲノム配列/転写産物配列決定手法の開発に関する研究	生物遺伝資源情報総合センター 比較ゲノム解析研究室 豊田 敦	22.10.1~25.9.30
独立行政法人理化学研究所 FANTOM5 プロジェクトのための新データセットの作成	生命情報・DBJ 研究センター 遺伝情報分析研究室 五條堀 孝/池尾一穂	23.2.18~25.3.31
独立行政法人理化学研究所 Deep/CAGE 法を用いたクララ/ 織毛細胞の二者択一的分化過程の時系列的解析	系統生物研究センター 発生工学研究室 森本 充	23.2.1~25.3.31
独立行政法人理化学研究所 次世代シーケンサの定量データベースDDBJ Omics Archive(DOR)の登録補助ツール仕様構築	生命情報・DBJ 研究センター 大量遺伝情報研究室 中村保一	23.2.1~25.3.31
独立行政法人理化学研究所 南米少数民族由来の細胞材料を用いた人類遺伝学的解析	集団遺伝研究部門 斎藤成也	24.2.1~24.7.31
株式会社日立ソリューションズ メタゲノム解析による微生物叢の動態の把握及び環境評価技術の開発	生命情報・DBJ 研究センター 遺伝情報分析研究室 五條堀 孝	23.12.19~24.3.31
日本ソフトウェアマネジメント株式会社 メタゲノム解析による微生物叢の動態の把握及び環境評価技術の開発	生命情報・DBJ 研究センター 遺伝情報分析研究室 五條堀 孝	23.12.19~24.3.31

委託者／研究課題	研究代表者	契約期間
科学技術振興機構／ヘテロクロマチン修飾除去メカニズムの解析	育種遺伝学部門 助教 佐瀬英俊	～
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 JST さきかけ研究者 和田浩則	～
科学技術振興機構／セントロメアを規定する新規エピジェネティックマーカーの探索と同定	分子遺伝学部門 助教 堀 哲也	～
科学技術振興機構／Immortal DNA 機構解明への挑戦	細胞遺伝学部門 助教 飯田哲史	～
科学技術振興機構／X線顕微鏡を用いた細胞及び染色体の観察	構造遺伝学研究中心 生体高分子研究室 教授 前島一博	～
科学技術振興機構／エピジェネティクス制御の多様性と進化	新分野創造センター 生態遺伝学研究室 特任准教授 北野 潤	～
科学技術振興機構／グリシン作動性シナプスの活動依存的形成と臨界期の分子基盤	新分野創造センター 運動神経回路研究室 准教授 平田普三	～
科学技術振興機構／三胚葉分化直前の条件的ヘテロクロマチン形成の発生物学的意義	構造遺伝学研究中心 生体高分子研究室 助教 平谷伊智朗	～
科学技術振興機構／高いバイオマス生産能及び環境耐性を持つ藻類の作出	新分野創造センター 共生細胞進化研究室 特任准教授 宮城島進也	～
科学技術振興機構／メタゲノム解析による微生物叢の動態の把握及び環境評価技術の開発	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	～
科学技術振興機構／遺伝統計学的計算手法の開発	人類遺伝学部門 教授 井ノ上逸朗	23.4.1～24.3.31
科学技術振興機構／微生物ゲノム基盤情報資源ならびにアノテーションリファレンスの整備と共有化	生命情報-DDBJ研究センター 遺伝情報分析研究室 教授 中村保一	23.4.1～24.3.31
しずおか産業創造機構／がん化を促進するセントロメア機能異常を解析する実験系の開発と応用	分子遺伝学部門 助教 堀 哲也	23.4.1～24.3.31
農林水産省／イネ生殖細胞分化関連遺伝子の単離と機能解析	実験農場 准教授 野々村賢一	23.4.1～24.3.1
独立行政法人理化学研究所／メタゲノム・比較ゲノム解析研究	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	23.4.1～24.3.31
農林水産省／メタゲノム解析による微生物相の把握及び環境評価技術の開発	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	23.4.1～24.3.22

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	23.4.1～24.3.31
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	23.4.1～24.3.31

オーダーメイド医療実現化プロジェクト

文部科学省／ゲノム全域関連解析による子宮内膜症感受性遺伝子の同定(ゲノム全域SNPデータの統計遺伝学的解析)	人類遺伝学部門 教授 井ノ上逸朗	23.4.1～24.3.31
--	------------------	----------------

科学技術人材育成費補助金(テニュアトラック普及・定着事業)

文部科学省／若手研究者の自立的な研究環境整備促進 生命科学の新分野創造若手育成プログラム	新分野創造センター 教授 倉田のり	22.7.13～27.3.31
--	-------------------	-----------------

平成23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

研究課題	課題管理者	研究期間
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	23.4.1～24.3.31
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	23.4.1～24.3.31
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	23.4.1～24.3.31
文部科学省／ゼブラフィッシュの収集・保存及び提供(トランスポゾンTol2を用いた遺伝子改変システムの収集・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	23.4.1～24.3.31
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システムの維持管理・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	23.4.1～24.3.31
文部科学省／F344ラットの全ゲノムシーケンズ解析(次世代シーケンサー(イルミナ)を用いたゲノム解析)	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	23.7.1～24.3.31

創薬等支援技術基盤プラットフォーム

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 特任教授 菅原秀明	23.4.1～24.3.31
----------------------------------	---------------------------	----------------

内容	氏名
平成23年度科学技術分野の文部科学大臣表彰若手科学者賞 「トゲウオ科魚類における多様性進化の遺伝機構の研究」	生体遺伝学研究室 特任准教授 北野 潤
平成23年度日本生化学会奨励賞「運動システムの発達における神経系と筋の分化・形成」	運動神経回路研究室 准教授 平田普三
日本遺伝学会第83回大会奨励賞「シロイヌナズナを用いた新たなDNAメチル化制御機構の研究」	育種遺伝研究部門 助教 佐瀬英俊
日本遺伝学会83回大会 Best Paper 賞「ヒト染色体異常疾患4番染色体長腕部分重複症原因遺伝子の同定」	田村勝、加藤依子、城石俊彦
Genes and Genetic Systems Prize 2011 "Alu-derived cis-element regulates tumorigenesis-dependent gastric expression of GASDERMIN B (GSDMB)"	Komiyama H., Aoki A., Tanaka S., Maekawa H., Kato Y., Wada R., Maekawa T., Tamura M., Shiroishi T.
American Association for the Advancement of Science 2011 AAAS Fellows	植物遺伝研究室 教授 倉田のり

知的財産権取扱い状況

国内特許出願	国内特許再出願	国内特許登録	国外特許登録
2	1	10	3

国内出願 2件

発明の名称	発明者	出願番号
モロコ細胞株、その製造方法及び用途	酒井 則良	特願 2011-129549
真核細胞におけるタンパク質分解誘導方法	鐘巻 将人	特願 2011-252147

国内再出願 1件

発明の名称	発明者	出願番号
哺乳類細胞におけるタンパク質分解誘導方法	鐘巻 将人	特願 2011-511193

国内登録 10件

発明の名称	発明者	登録番号
マルチウェルプレート	西村昭子	第 4764972 号
GsdmA遺伝子の機能が抑制され、癌関連遺伝子の機能が促進または抑制された非ヒト動物	城石 俊彦 田村 勝	第 4742272 号
細胞内及び細胞間の微小空間計測用カンチレバースystem	嶋本 伸雄	第 4798454 号
コーティング基板の製造方法、前記方法により製造されるコーティング基板、および、その用途	嶋本 伸雄	第 4904559 号
セントロメア局在タンパク質遺伝子のノックアウト細胞	深川 竜郎 堀 哲也	第 4820995 号
セントロメア局在タンパク質遺伝子のコンディショナルノックアウト細胞	深川 竜郎 堀 哲也	第 4787960 号
薄層斜光照明装置および顕微鏡	徳永 万喜洋 他	第 4707089 号
顕微鏡	徳永 万喜洋 他	第 4766591 号
顕微鏡対物レンズ	徳永 万喜洋	第 4748508 号
電動ステージの操作装置	徳永 万喜洋 他	第 4694136 号

国外登録 3件

発明の名称	発明者	登録番号
顕微鏡装置 (ドイツ)	徳永 万喜洋 他	11 2004 000 126
マルチウェルインキュベーション装置及びこれを用いた分析方法 (米国)	嶋本 伸雄	US 8,080,412 B2
テトラサイクリン誘導型遺伝子発現細胞株および条件的遺伝子ノックアウト細胞株の製造方法ならびにその用途 (EPC 指定国: ドイツ・フランス・イギリス)	柴原 慶一	2085475

情報・システム研究機構 Research Organization of Information and Systems



機構長
北川源四郎
President Genshiro Kitagawa

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/>

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/>

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・観測による多種・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。

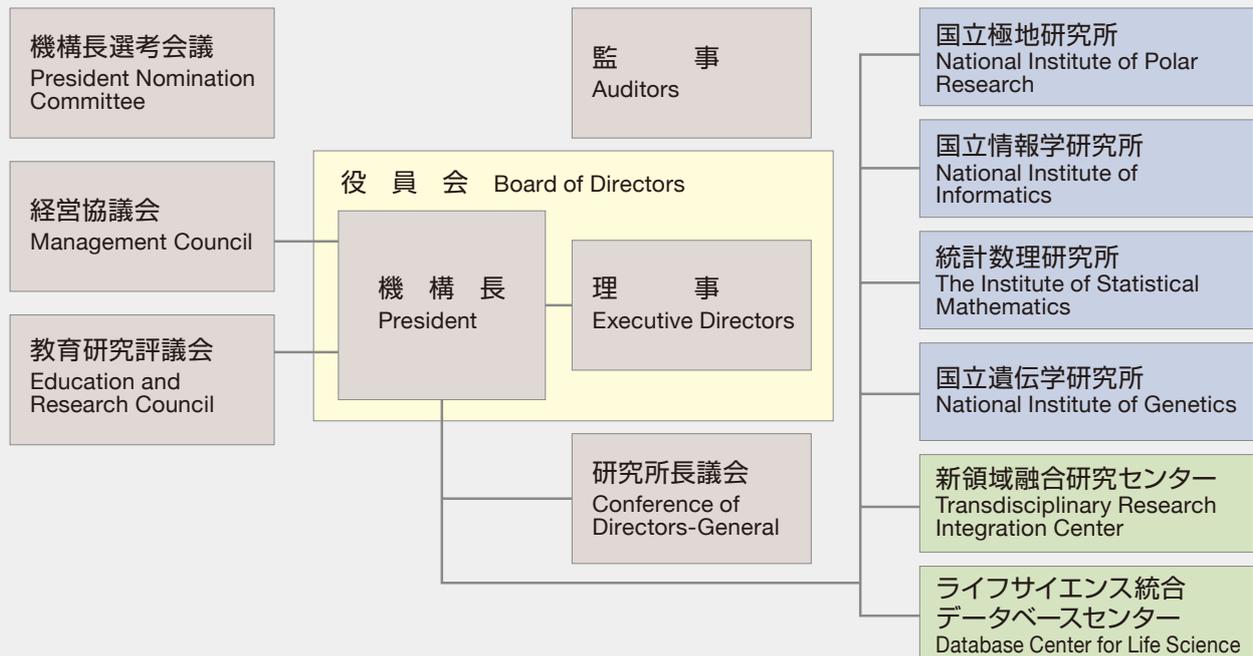
このように、情報・システム研究機構においては、各研究所が従来から進めてきた大学共同利用機関としての研究の充実発展に加え、これまでの研究所の枠を超えた先端的な融合研究を新たな構想の下に推進していこうとしています。

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



2012年5月 発行 MAY, 2012

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
生命科学研究科・遺伝学専攻

Department of Genetics, The Graduate University
for Advanced Studies (SOKENDAI)

要覧 2012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







2012 要 覧

National Institute of Genetics

Department of Genetics, SOKENDAI

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