

■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

■国立大学法人 総合研究大学院大学

遺伝学専攻

2013 要覧

National Institute of Genetics ·
Department of Genetics, SOKENDAI





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."

目次

Contents

04 所長あいさつ
Message from the Director

05 概要
Outline

08 遺伝研へのアクセス
Access to the Institute

09 遺伝研マップ
NIG Map

11 組織
Organization

□ 遺伝研の研究活動

12 研究活動
Research Activities

55 知的財産室
Intellectual Property Unit

56 共同利用事業センター
Intellectual Infrastructure Center

61 新領域融合研究センター
Transdisciplinary Research Integration Center

□ 研究を促進するための活動

62 研究を促進するための活動と行事
Activities and Events for Research Promotion

□ 遺伝研の活動

63 遺伝学電子博物館
Cyber Museum of Genetics

64 国際交流
International Activities

□ 遺伝研の教育

66 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

72 遺伝研で研究しよう
Varied Program to Host Researchers

73 運営
Management

76 研究教育職員・研究員・学生
Research Staff & Students

80 管理部と技術課職員
Staff of Administration Department and Technical Section

81 沿革
History

83 予算
Budget

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

84 2012年に発行された論文一覧
Publications in 2012

87 公募による共同研究
Collaborative Research

89 民間等との共同研究
Joint Research with the Private Sector

90 受託研究
Commissioned Research

90 研究開発施設共用等促進費補助金

91 表彰・受賞歴
Awards・Honors

91 知的財産権
Intellectual Property Rights

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



遺伝学と「遺伝研の役割」

Genetics and the Role of Our Institute

所長 桂 勲

KATSURA, Isao
Director-General

プロフィール

1973年 東京大学大学院理学系研究科
博士課程修了

1973-1976年 スイス国バーゼル大学 ハイオ
センター 助手

1976-1988年 東京大学理学部 助手

1988-1991年 東京大学教養学部 助教授

1991-1996年 国立遺伝学研究所
遺伝情報研究センター 教授

1996-2009年 同構造遺伝学研究センター 教授

2010-2012年 総合研究大学院大学 学長付教育
アドバイザー

2012年 同学融合推進センター 特任教授

2012年12月より国立遺伝学研究所 所長

研究分野 分子生物学 行動分子遺伝学

Profile

1973 Ph.D., Graduate School of Science,
The University of Tokyo

1973-1976 Wissenschaftlicher Assistent,
Biozentrum, University of Basel

1976-1988 Assistant Professor, Faculty of
Science, The University of Tokyo

1988-1991 Associate Professor, Collage of
Arts and Sciences, The University of
Tokyo

1991-1996 Professor, DNA Research Center,
National Institute of Genetics

1996-2009 Professor, Structural Biology
Center, National Institute of
Genetics

2010-2012 Educational Advisor to the
President of SOKENDAI

2012 Project Professor, CPIS, SOKENDAI

Dec. 2012- Director-General, National
Institute of Genetics

Research Field Molecular Biology, Molecular
Genetics of Animal Behavior

グレゴール・ヨハン・メンデルが修道院の庭でエンドウを交配し「遺伝の単位」を見つけたとき、誰が今日の遺伝学の隆盛を予見したでしょうか。その後、遺伝学は20世紀を通して学問として進歩し続け、ついに生命の究極の秘密に到達しました。それは、「すべての生命活動はDNAの遺伝情報が基盤となる」、すなわち「いのちは、ことばに支えられている」という秘密です。ここから遺伝学の全面的な展開が始まり、現在では生物学全体だけでなく医・薬・農・工など様々な応用科学にまで、遺伝学の果たす役割は広がっています。

国立遺伝学研究所(遺伝研)は、1949年に文部省の研究所として設立され、木村資生博士による分子進化の中立説をはじめ、数多くの研究業績を上げてきました。また、1984年には、大学共同利用機関として、学術コミュニティ全体の研究を促進する役割を引き受け、1988年には、総合研究大学院大学の遺伝学専攻を受け持って、独自の大学院教育を行うようになりました。2004年に法人化されて、国立情報学研究所、国立極地研究所、統計数理研究所とともに大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構を構成し、情報とシステムという観点から未来の課題にも取り組んでいます。

現在の遺伝研では、約500人の様々な職種の人達が働き、研究、研究基盤整備、教育・人材育成という仕事をしています。研究では37のグループが、大腸菌からヒトまで、分子レベルから生物集団レベルまで、理論から実験まで、遺伝学に関わる幅広い分野で独創的な研究を行い、世界的な評価を受けています。研究基盤整備では、DNA データバンク (DDBJ)、実験生物系統の分与、先端ゲノミクス事業などにより、学術コミュニティの研究に貢献しています。また、教育・人材育成では、学生当りの教員数の多さを生かした大学院教育を行うとともに、有望な若手研究者が新しい分野を開拓する新分野創造センターを拡充し、将来を見すえた体制作りも進めて来ました。

生物にはまだ多くの謎がありますが、遺伝情報という切り口から攻めることにより着実な成果が期待できます。私たちは、先達の努力を引き継いで研究を進め、その成果を人類全体の財産とすることが仕事と考えています。また、世界の研究者だけでなく一般社会との対話を行いながら、この使命を果たしたいと考えています。

Who could foresee the success of genetics when Gregor Johann Mendel cultivated pea plants in a monastery garden and found the unit of inheritance? After this great event, genetics, namely, the study of inheritance and variation of biological organisms, developed continuously through the 20th century and uncovered the ultimate secret of life: the activity of biological organisms is based on the genetic information of DNA, or life is supported by a simple linear code, i.e., "words". On this basis, genetics has now expanded not only to all fields of basic biology but also to many applied sciences.

The National Institute of Genetics was established at Mishima in 1949, and since has produced many outstanding scientific achievements including the neutral theory of molecular evolution by Motoo Kimura. Continuing the tradition, we are conducting research in many fields of genetics and related fields, ranging from bacteria to humans, from molecules to populations, and from theory to experiments. We consider this diversity of research is essential to the stimulating environment that fosters a community of researchers.

We serve the scientific community in Japan and the world by providing research infrastructure, including the DNA database (DDBJ), bio-resources of various experimental organisms, and advanced genomic services. Science education is also a central part of our activity, and we provide graduate education as the Department of Genetics in the Graduate University for Advanced Studies (SOKENDAI). In addition, constant dialog with non-scientists is an important part of our mission.

Genetic approaches remain critical for addressing key issues in the life sciences, and we will continue our commitment to excellence in research, service, and education.

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。

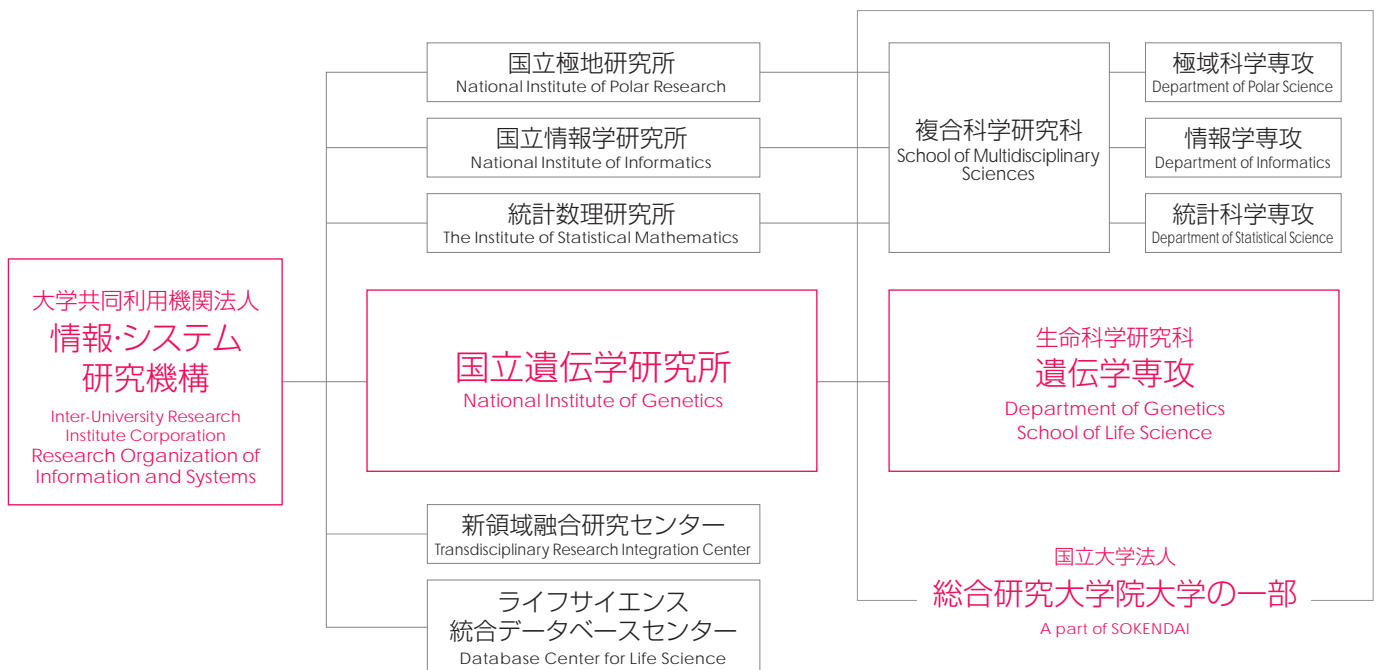
NIG performs Bioresources Center, DNA Data Bank of Japan (DDBJ) and DNA Sequencing Center, as a core institute to build the intellectual infrastructure that supports Life Sciences.

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.

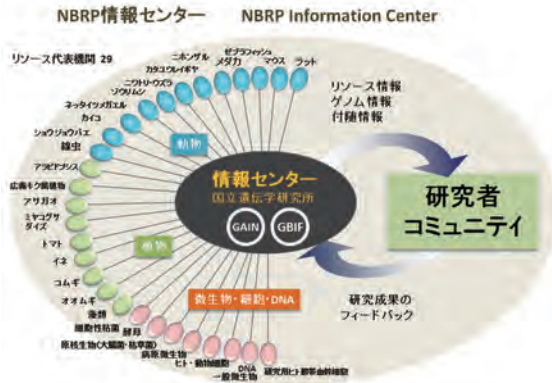


生命科学を支える知的基盤整備事業の中核拠点としての活動

The intellectual infrastructure that supports life sciences

□ バイオリソース(生物遺伝資源)事業

学術研究用生物系統の開発、収集、提供を主体としたバイオリソース事業を展開し、全国の中核拠点とし機能している。文科省NBRPの生物種別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。

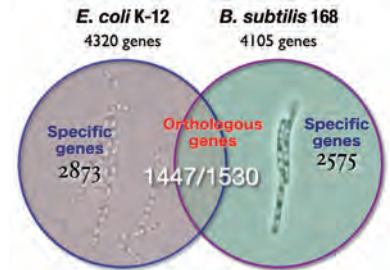


□ Bioresources Project

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



H24年度は1,145件の提供同意書(MTA)を締結
1,145 MTAs were processed in a period of April 2012 to March 2013.



H24年度のNBRP DBへの月平均利用者数は21万件
The DB had 210,000 views per month on average in a period of Nov. 2011 to Oct. 2012.

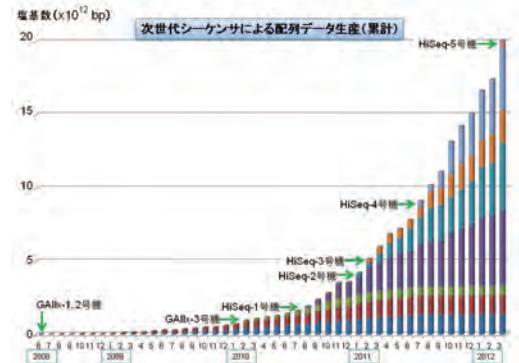
□ 先端ゲノミクス推進事業

2011年度から、先端ゲノミクス推進センターを中心に活動している。これまでに、900検体を越える試料について最新のシーケンシング技術を駆使してゲノム情報を産出しており、学術分野における先端ゲノミクス推進の中核として事業を進めている。

□ Advanced Genomics Project

NIG is top in the nation for technical know-how for complete sequencing of multicellular organism genomes. NIG has conducted analyses of genes and genomes of >44 species in collaboration with many organizations (universities and research groups). NIG is a key producer of genomic information.

DNAシーケンシングセンター DNA Sequencing Center at NIG

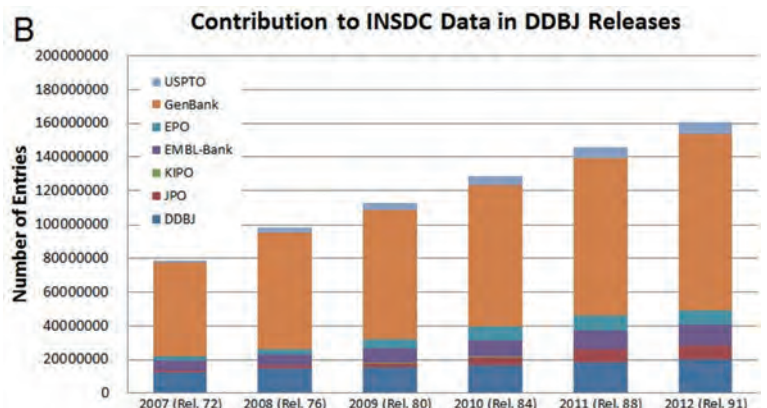
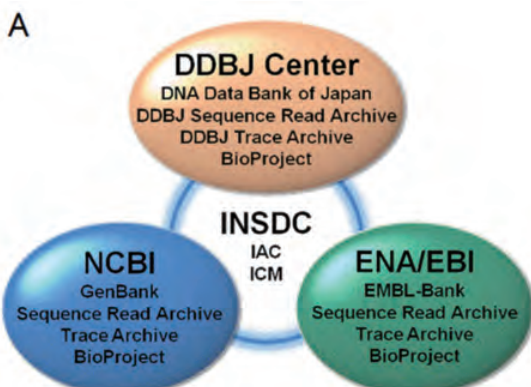


□ DDBJ(日本DNAデータベース)事業

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塩基配列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ENA/EBIおよび米国のNCBI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』がつけられる。3者のどこで登録を受けても世界で同時に公開される。

□ DDBJ Project

DDBJ (DNA Data Bank of Japan) was established in 1987 and joined international data exchange and archiving scheme between NCBI and ENA/EBI. This tripartite collaboration is called INSDC (International Nucleotide Sequence Database Collaboration). DDBJ, as well as NCBI and EBI, is serving as one of three data inlet and outlet to the "INSDC".



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 : a core institute for life sciences

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物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。

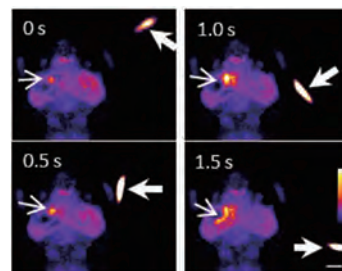
NIG is a core institute for advanced research in the field of Life Sciences working to unlock the mysteries of biological systems and their individual mechanisms. Biological systems are characterized by hierarchical structure of genetic information and various biological materials. Therefore, to explore 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".

□ 最近の研究成果より Research Highlights

脳の中の視覚世界をリアルタイムで可視化 Seeing the visual world in the brain in real time

私たちが目で見える世界は、網膜に映りさらに脳へとその情報が伝えられます。視覚を司る脳の領域では、視野全体に対応するように神経細胞が並んでおり、これは「視覚地図」と呼ばれます。このような脳の構築様式はヒトや魚など視覚を持つ全ての動物に共通する特徴です。私たちは、改良を加えて非常に高感度にしたカルシウムセンサーGCaMPを用いることにより、ゼブラフィッシュ稚魚の餌となるゾウリムシが、稚魚の視界の中で泳ぎ回るときの視覚地図上の神経活動を画像可視化することに成功しました。今後、視覚から入る情報に基づいて動物が行動するとき、脳内の認知プロセスでどのような神経活動が生じているのかを明らかにしていく端緒になります。

The visual world is first projected onto the retina, and the visual information is further transmitted to the brain. In this initial stage of visual processing, the visual world is mapped on the brain, which is called visuotopy. This is a common feature found in the brains of all animals with eyes. In this study we developed an improved version of GCaMP, a calcium sensor. Using this probe, we could visualize neuronal activity in a zebrafish larva during visual perception in prey capture behavior.



ゾウリムシ(太矢印)を見ている稚魚の脳の神経細胞の活動(矢印)がGCaMP蛍光シグナルとして観察された。

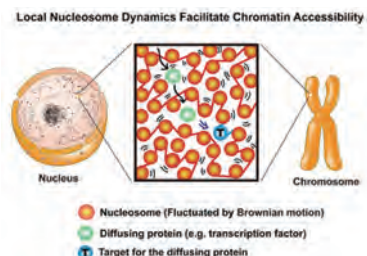
A swimming paramecium (thick arrow) evoked Ca²⁺ transients (thin arrows) in the neuropil and cell bodies of the left tectum of a larva.

Real-Time Visualization of Neuronal Activity during Perception. (2013). Muto, A., Ohkura, M., Abe, G., Nakai, J., and Kawakami, K. *Current Biology* 23, 307-311.

細胞のなかで揺らぐクロマチン！ Chromatin fluctuation in mammalian living cells

ヒトの場合、全長2メートルにも及ぶゲノムDNAはわずかに数十ミクロンの細胞のなかに収められています。まず、DNAの細い糸が「ヒストン」というタンパク質に巻かれて「ヌクレオソーム」となります。今回、総研大生の日原さえらさんと前島教授らは、生きた細胞の中でこのヌクレオソームがダイナミックに揺らいでいる(小刻みに動いている)ことを見出しました(図)。そして、このヌクレオソームの「揺らぎ」のおかげで、タンパク質が細胞の核や染色体の中をより自由に動き、DNAとアクセスしやすくなることがわかりました。言い換えると、「揺らぎ」が遺伝情報の検索を助けていることが明らかになったのです。

Human genome DNA (around 2 m!) is organized into a cell. The DNA is wrapped around histones, forming a nucleosome fiber. Recently, NIG graduate student Saera Hihara and Prof. Maeshima et al. observed the local nucleosome fluctuation in living mammalian cells. Their finding shows that this nucleosome fluctuation facilitates genome DNA accessibility. They proposed that the nucleosome fluctuation is the basis for scanning genome information in living cells.



ヌクレオソーム線維(赤いボールと赤線)が細胞の中に不規則に収納されている。ヌクレオソームの揺らぎ(小刻みな動き)のおかげで、蛋白質(緑のボール)はより効率的に動ける。この結果、情報検索も効率化される。

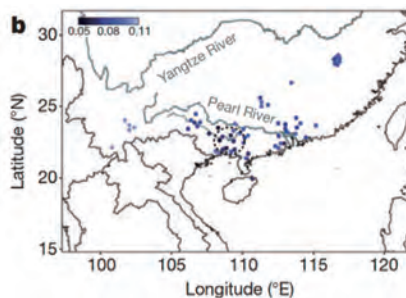
In the cells, nucleosome fibers (Red balls and lines) are irregularly folded. The nucleosomes are fluctuating. This nucleosome dynamics facilitates chromatin accessibility. Chromatin fluctuation is the basis for scanning genome information.

Local Nucleosome Dynamics Facilitate Chromatin Accessibility in Living Mammalian Cells. (2012). Hihara, S., Pack, C.G., Kaizu, K., Tani, T., Hanafusa, T., Nozaki, T., Takemoto, S., Yoshimi, T., Yokota, H., Imamoto, N., Sako, Y., Kinjo, M., Takahashi, K., Nagai, T., and Maeshima, K. *Cell Reports* 2, 1645-1656.

イネ栽培化起源地とプロセスの解明 Origin and process of rice cultivation are revealed

次世代シーケンサーを用いた大規模遺伝解析で、イネ栽培化起源地と栽培化のプロセスを明らかにし、長年の論争に終止符を打ちました。アジア各地の野生イネ*O. rufipogon*と栽培イネ*O. sativa* 計1529系統(*japonica*, *indica*を含む)をゲノム解析し、ゲノム全長のDNA変異のパターンを用いて、全系統間の進化関係を明らかにしました。この結果、栽培化は、中国の珠江中流領域に生息していた野生イネ集団から選ばれた*japonica*イネに始まり、その後それらの系統に異なる野生イネが複数回交雑し、*indica*イネが作り出されたと考えられます。この研究には遺伝研が収集し、保存、公開している貴重な野生イネ遺伝資源350系統も用いました。

The domestication origins and domestication processes of cultivated rice (*Oryza sativa* L.) ranks as one of the most important developments in history. Here we generate genome sequences from total of 1529 diverse accessions of the wild species *O. rufipogon* and cultivated varieties to construct a map of rice genome variation. In-depth analyses of the genome-wide DNA patterns revealed that *O. sativa japonica* rice was first domesticated from a specific population of *O. rufipogon* at the middle area of the Pearl River in southern China, and that *O. sativa indica* rice was subsequently developed from crosses between *japonica* rice and local wild accessions.



進化経過を説明する62の系統群の地理的位置。系統毎の色は、遺伝的距離を示す。

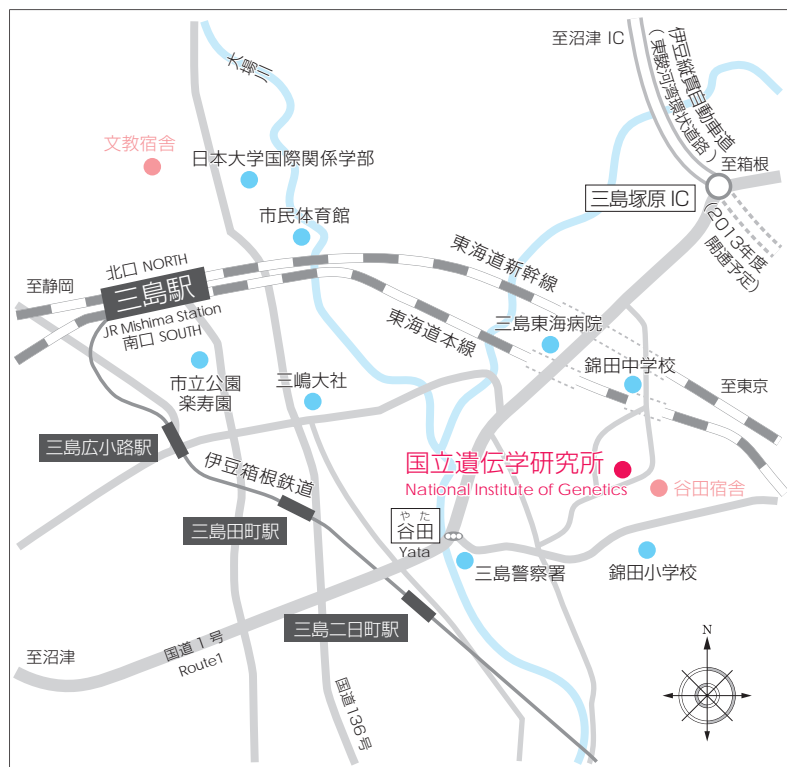
Geographic locations of 62 *O. rufipogon* accessions, whose phylogenetic positions during domestication are indicated. Color index represents the average of the genetic distance of *O. rufipogon* accessions to all cultivated rice accessions.

A map of rice genome variation reveals the origin of cultivated rice. (2012). Huang, X*, Kurata, N*, Wei, X*, Wang, Z-X*, et al. (* co-first authors). *Nature* 490, 497-501.

遺伝研へのアクセス

Access to the Institute

遺伝研周辺地図



遺伝研詳細地図



三島駅までのアクセス

How to get to JR Mishima Station

- 羽田空港 Haneda Airport → 品川駅 JR Shinagawa Station → 三島駅 JR Mishima Station
 京急 約20分 20min by Keikyu Line
 新幹線こだま 約50分 50min by Shinkansen (Kodama)
- 成田空港 Narita Airport → 東京駅 JR Tokyo Station → 三島駅 JR Mishima Station
 JR約1時間 1hr by JR Narita Express
 新幹線こだま 約1時間 1hr by Shinkansen (Kodama)
- 新大阪駅 JR Shin-Osaka → 三島駅 JR Mishima Station
 新幹線ひかり 約2時間 2hr by Shinkansen (Hikari)

三島駅から遺伝研までのアクセス

Access from JR Mishima Station to NIG

- 三島駅からの距離 約4km
 About 4km from JR Mishima Station
- 路線バス 約20分 20min by Local Bus
 - シャトルバス 約15分 15min by the NIG Free Shuttle Bus
 - タクシー 約15分 15min by Taxi

遺伝研マップ

NIG Map



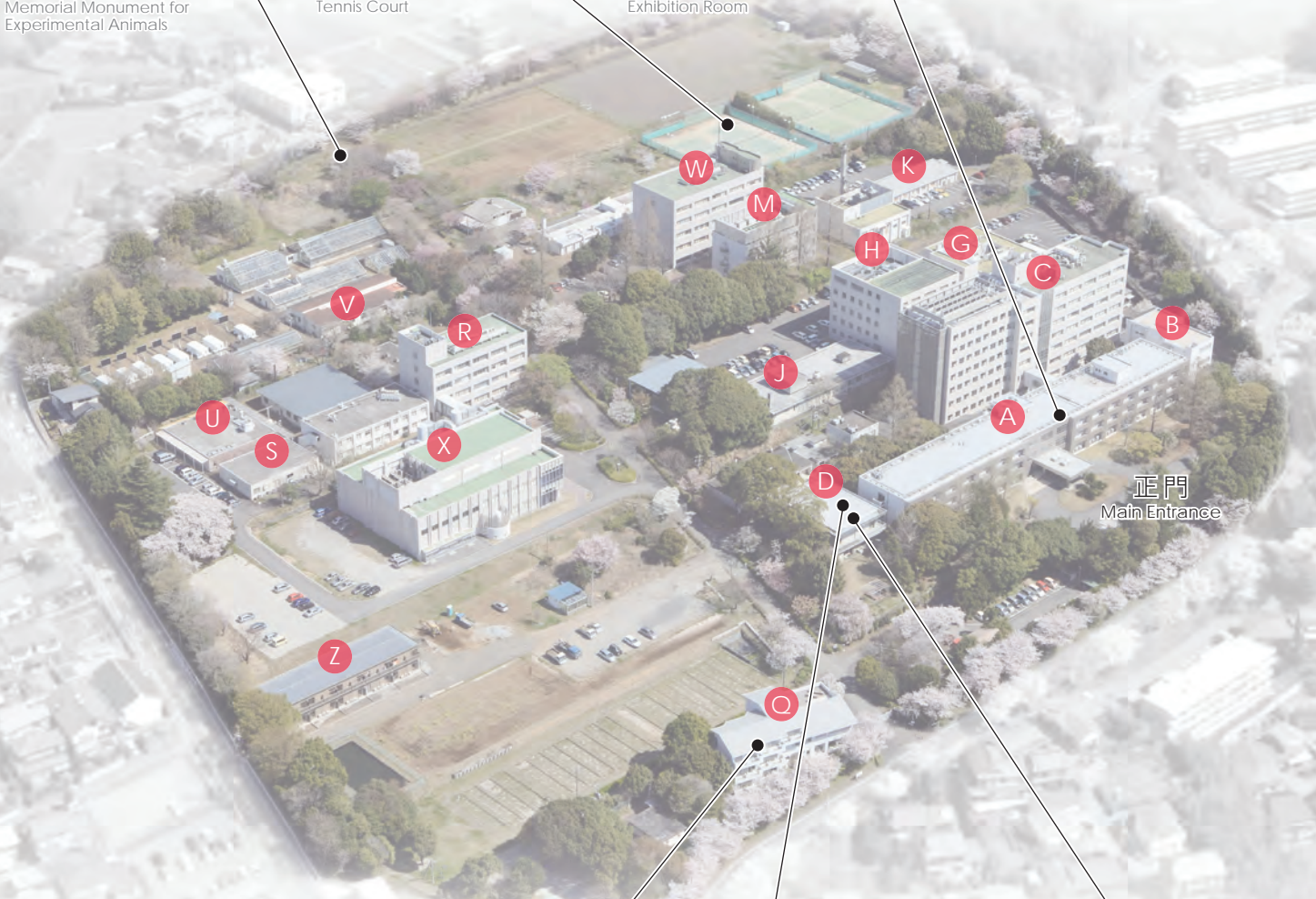
実験動物慰霊碑
Memorial Monument for
Experimental Animals



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
- O** 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
- 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
Details

- 研究所敷地 95,080㎡
Institute area
- 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)

(2013年4月1日現在)

研究系・研究センター等の概要

Outline of Departments, Research Centers and Experimental Farm

分子遺伝研究系

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

ヒトの高度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、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る。関連情報は、データベース化して世界中に公開している。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る。

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) は論文や特許を通じて公知にされる塩基配列データを網羅し、世界公共財として維持管理する国際学術事業を、米国のNCBIおよび欧州のENA/EBIとの協力体制で行っている。また、遺伝研スーパーコンピューター的设计・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情報系の研究に貢献できるように努めている。

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 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

DDBJ (DNA Data Bank of Japan) is a member of the international nucleotide sequence database collaboration, with ENA/EBI in Europe and NCBI in USA as the two other members. INSDC is an international academic project to cover and to maintain sequence data as public domains that are open to public through the papers and patents. Also, through hosting the NIG supercomputer for public research use, the center strives to contribute to studies for information biology in respond to the data deluge.

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.

組織

Organization



4月1日現在
as of April 1.

染色体構造と機能

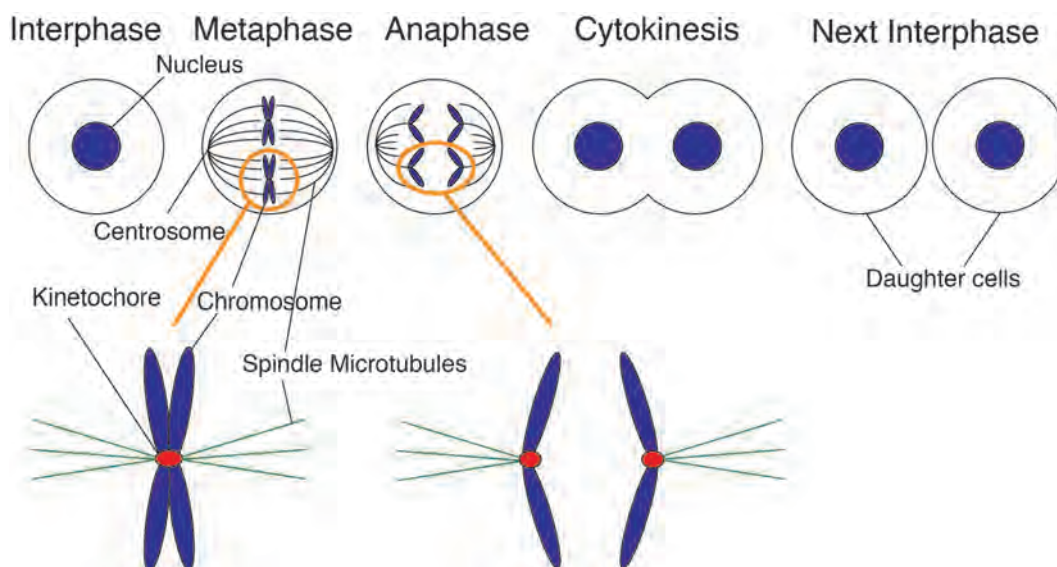
Structure and function of chromosomes in vertebrate cells

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。私たちの研究室では、特に染色体分配についての研究を行っています。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(糸)に捉えられ、娘細胞へと分配されます。この際、紡錘体(糸)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。私たちは、セントロメアが規定され、キネトコアが正常に構築されるための分子機構やキネトコアと紡錘体微小管結合に関わる分子機構の解明を目指しています。

- 人工キネトコアの作成
- ネオセントロメアの作出
- キネトコアタンパク質の細胞構造生命科学
- マウス初期胚発生におけるキネトコアタンパク質の役割

The kinetochore plays a fundamental role in accurate chromosome segregation during mitosis and meiosis in eukaryotes. Although chromosome segregation errors cause genetic diseases including some cancers, the mechanisms of how kinetochores interact with microtubules of the spindle apparatus during cell division are not fully understood. To understand the molecular mechanism of chromosome segregation, we are focusing on kinetochores and are trying to address how kinetochores are specified and assembled on centromere chromatin. In addition, we are analyzing how kinetochores correctly attach to microtubules. We are using molecular genetics, cell biology, biochemistry, structural biology, and genome biology to clarify kinetochore structure and function.

- Generation of artificial kinetochores
- Experimental generation of neocentromeres in cultured cells
- Cellular and structural molecular biology on kinetochore proteins
- Functional roles of kinetochore proteins during mouse early development



図一 細胞周期の模式図。細胞分裂中期に紡錘糸と結合する染色体の特殊構造がキネトコア(動原体)である。

Figure - Illustration of cell-cycle. Kinetochore is a special structure that binds to spindle microtubules during mitosis.

分子遺伝研究部門 Division of Molecular Genetics

深川研究室 Fukagawa Group

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



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



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



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

Publications

Hori, T., Shang, W.H., Takeuchi, K., and Fukagawa, T. (2013). The CCAN recruits CENP-A to the centromere and forms the structural core for kinetochore assembly. *J Cell Biol.* 200, 45-60.

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

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.

ユビキチン・システムによる細胞周期制御機構

Regulatory mechanisms of cell cycle by ubiquitin system

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。

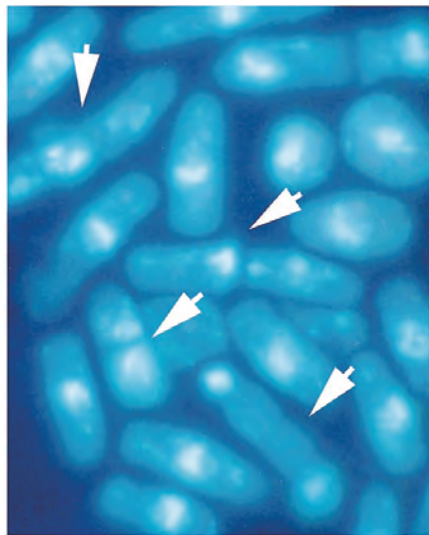
現在、以下のプロジェクトを行っています。

- 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
- ユビキチン・ネットワークの網羅的解明の方法の確立

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.

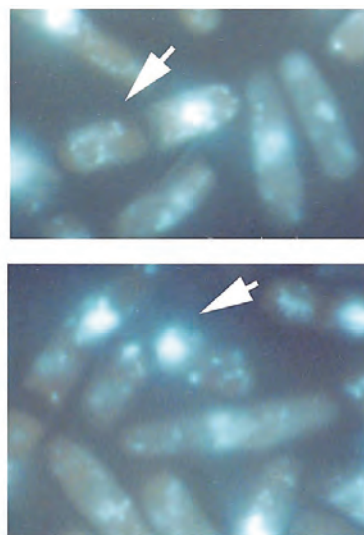
The projects that we are carrying are below.

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



ubcP1 (ubc4) 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)



ubcP4 (ubc11) 変異株

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

Publications

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.

分子機構研究室 Molecular Mechanism Laboratory

清野研究室 Seino Group

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

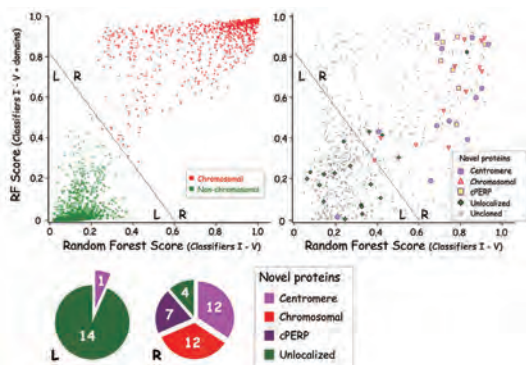


清野浩明 助教 博(理)
SEINO, Hiroaki
D. Sc., Assistant Professor

分裂期染色体機能と構造に関する研究 Studies of mitotic chromosome structure and function

「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ネティック制御がどのようにはたらいているのか?」、「染色体パッセージ複合体(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。

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 Jimi-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.

核酸化学客員研究部門 Division of Nucleic Acid Chemistry

Earnshaw 研究室 Earnshaw group

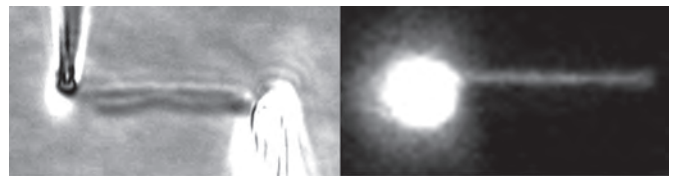


アーンショウ, ウィリアム C.
客員教授(ウエルカムトラスト主任研究者、エジンバラ大学教授)
EARNSHAW, William C.
Visiting Professor (Principal Research Fellow of the Wellcome Trust, Professor of Chromosome Dynamics, The University of Edinburgh)

DNAの作り出す高次構造の物理学 Physics of large-scale DNA organization

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。

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).

核酸化学客員研究部門 Division of Nucleic Acid Chemistry

Marko 研究室 Marko Group

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



マルコ, ジョン F.
客員教授(米国立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)

若返りの分子生物学

Molecular Biology of Rejuvenation

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いますが、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、ゲノムに注目し研究しています。

ゲノム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。しかし真核細胞のゲノムには時間とともに壊れてしまう領域が存在します。染色体の末端のテロメア配列やゲノムの約10%を占めるリボソームRNA反復遺伝子(rDNA)はその代表例です。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「壊れやすい」領域が重点的に修復されて、細胞の「若返り」に貢献していることを発見しました。

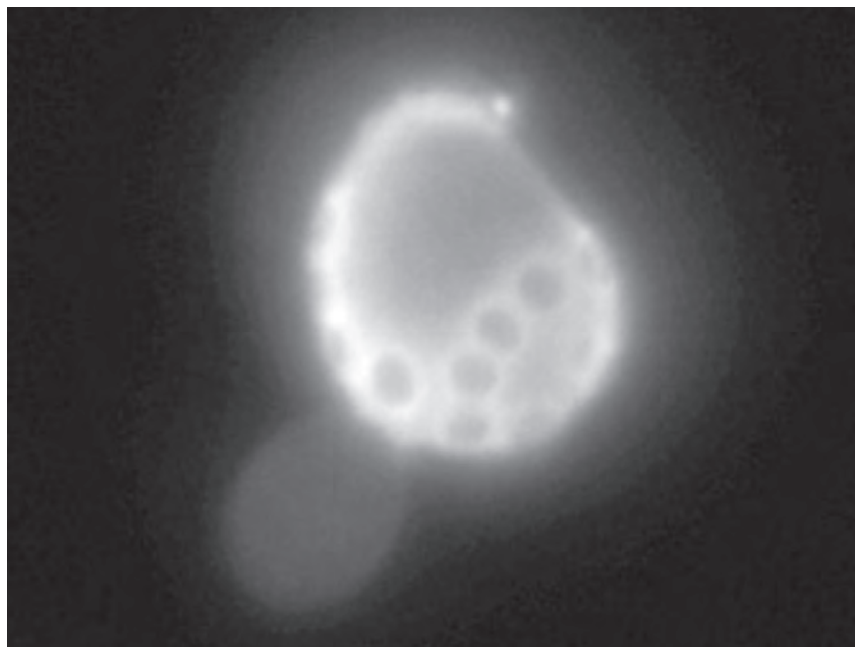
主な研究テーマ

- ゲノムの安定性維持機構
- 細胞再生の分子機構

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

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

- Mechanisms to maintain the genome stability
- Molecular mechanisms of cell regeneration



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.

Publications

Ide, S., Saka, K., and Kobayashi, T. (2013). Rtt109 prevents hyper-amplification of ribosomal RNA genes through histone modification in budding yeast. *PLoS GENET.* 9 (4) : e 1003410

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

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

細胞遺伝研究部門 Division of Cytogenetics

小林研究室 Kobayashi Group

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



小林武彦 教授 理博
KOBAYASHI, Takehiko
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

真核生物染色体DNA複製機構とその細胞周期による調節

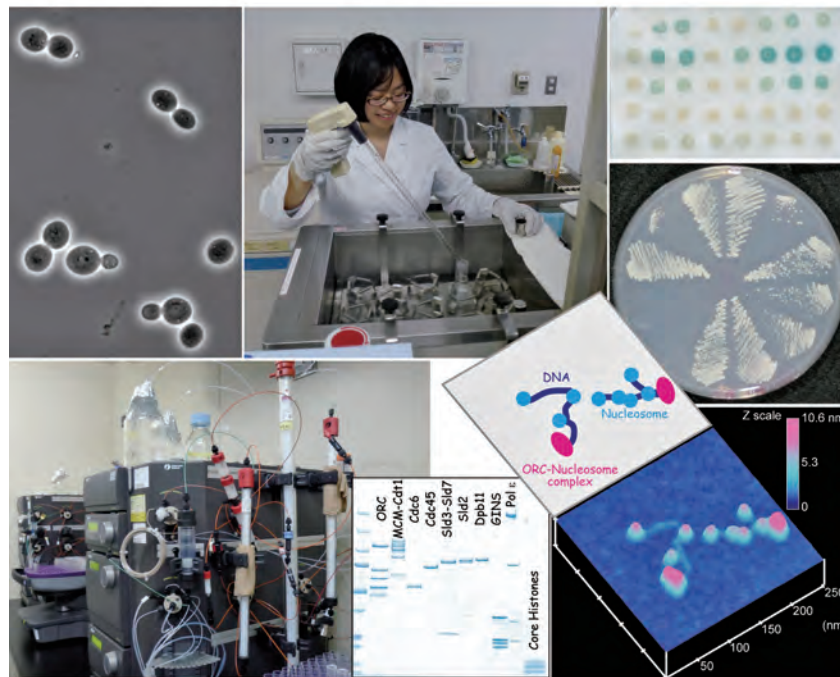
Molecular mechanism of eukaryotic DNA replication in the cell cycle

真核生物の染色体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。真核生物のDNA複製は、染色体上に散在する複数の場所から開始し、その開始が細胞周期により厳密に制御されています。しかし、染色体DNA複製の開始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複製機構とその制御の研究を行っています。

- 試験管内複製系を用いた複製開始機構の研究
- 染色体構造による複製開始制御機構の研究
- 複製開始のタイミング制御の研究
- 複製開始の細胞周期による制御機構の研究
- 複製と細胞周期チェックポイントに関する研究

Eukaryotic chromosome DNA is replicated exactly only once per cell cycle and segregated to daughter cells. This process ensures cells to transmit accurate genomic information to their progeny. Eukaryotic DNA replication initiates from multiple sites, called replication origins, scattered throughout chromosomes and this initiation process is strictly regulated by the cell cycle. 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.

- Study on molecular mechanism of the initiation of DNA replication using in vitro DNA replication system
- Study on the chromosome structures affecting the initiation of DNA replication.
- Study on regulation of the initiation timing of replication origins
- Study on regulatory mechanism of the initiation of DNA replication by the cell cycle
- Study on the relationship between DNA replication and the cell cycle checkpoints



図一 出芽酵母の染色体DNA複製に関与するタンパク質の機能を、遺伝学的・生化学的手法さらには原子間力顕微鏡などによる解析により明らかにしようとしている。

Figure - We have analyzed the proteins related to chromosomal DNA replication of budding yeast using genetics, biochemistry, atomic force microscopy and so on, to understand their functions.

微生物遺伝研究部門 Division of Microbial Genetics

荒木研究室 Araki Group

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



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



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



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

Publications

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, 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.

バクテリア染色体の細胞内動態

Bacterial chromosome dynamics

バクテリアの染色体構造の分子機構の理解を進め、DNA複製、修復、組換えさらに分配や細胞分裂とどのように関連しているか研究している。高解像度の生細胞のイメージング法により、細胞内でのタンパク質やDNAの動きを検出し、生化学的な研究とも合わせて分子の機能を明らかにしてきた。最近の研究では、DNA複製に伴うDNA複製装置の染色体上での動きを明らかにしている。またDNA複製装置内のタンパク質分子の化学量的関係を決定し複製時の回転率を決定することにも成功している。また、切断されたDNAの組換え時の動きや染色体凝集因子であるMukBEF複合体の研究も行っている。

Our mission is to understand the molecular processes that determine chromosome organization in bacteria and how these relate to DNA replication, repair and recombination, and to chromosome segregation and cell division. We use high-resolution live-cell imaging, alongside systems that allow us to rapidly deplete or produce given proteins within living cells. Alongside *in vivo* studies, we use *in vitro* biochemical and biophysical analyses that allow us to relate the biochemical activity of individual molecular machines to their *in vivo* function.

Our recent work has shown that the DNA replication machinery tracks around the chromosome as replication proceeds, with initiation occurring wherever origins are placed in a cell. We have been able to determine the stoichiometry of the replisome components and to determine the turnover of these components as replication proceeds. By introducing a site-specific double strand break into DNA into one of two segregated sisters, we trace the steps as the broken ends are processed by RecBCD and RecA and the cut sister moves directionally to its intact sister, thereby allowing completion of homologous recombination. Finally, we are revealing the molecular mechanism by which the SMC complex, MukBEF, acts in chromosome segregation.

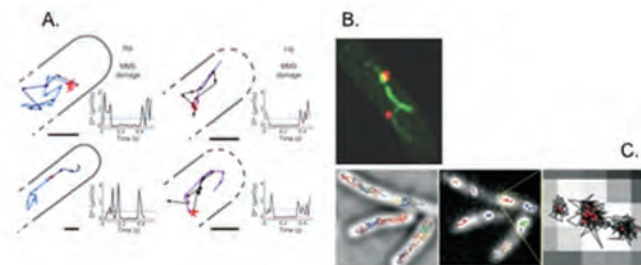


図1 図A DNAポリメラーゼ1とDNAリガーゼのそれぞれ1分子の大腸菌細胞内での動きのトレース。図B 相同組換えによるDNA鎖切断の修復。相同染色体遺伝子座(赤), 相同対形成を行なっているRecAタンパク質(緑) 図C 複製起点と会合して固定化しているMukBEF複合体(右と中央), 自由に拡散している分子の動きのトレース。

Figure - A. PALM tracks of single molecules of DNA polymerase 1 and ligase in live *E. coli*, diffusing rapidly before binding to a DNA lesion and subsequent release. - B. Double-strand break repair by homologous recombination using SIM. Red: sister loci. Green: RecA promoting sister pairing. - C. PALM imaging of immobile MukBEF complexes associated with the replication origin (centre and right) and rapidly-diffusing molecules (left).

細胞質遺伝客員研究部門 Division of Cytoplasmic Genetics

Sherratt研究室 Sherratt Group

<http://www.bioch.ox.ac.uk>
<http://www2.bioch.ox.ac.uk/sherrattlab/>



シェラット, デヴィッド
客員教授(オックスフォード大学教授)
SHERRATT, David
Visiting Professor (Professor, Oxford University)

DNA 損傷応答の動的変化と遺伝学的制御

Choreography and genetic control of the DNA damage response

我々の研究室ではDNA損傷の認識とその修復のメカニズムの解明を目指しています。この修復メカニズムは放射線被爆等によるダメージから、癌を引き起こす可能性があるDNAの改変が生じるのを防ぐ働きがあります。DNAがダメージを受けると細胞内に修復に関わるタンパク質が「集合体」を形成します。この集合体はDNA複製や分配時に自然に生じる障害によっても形成されます。我々はこの修復に関わるタンパク質「集合体」の動態について生細胞中で解析しています。

Our goal is to study of mechanisms underlying recognition & repair of DNA damage. These responses help control DNA rearrangements, which may occur after genomic insults from free radicals, natural radiation or radiation administered to fight cancer. Unfortunately, radiation-induced rearrangements often stimulate new neoplasias. The cellular response to induced DNA damage is the localization of checkpoint, repair and recombination proteins to distinct foci. These foci also form spontaneously during DNA synthesis & segregation suggesting that cells deal with DNA damage during normal cell cycles likely in an attempt to repair replication errors and other natural insults to chromosomal DNA. We have been studying the formation and disassembly of repair/recombination foci using *Saccharomyces cerevisiae* using time-lapse microscopy of multi-labeled cellular components in living cells.

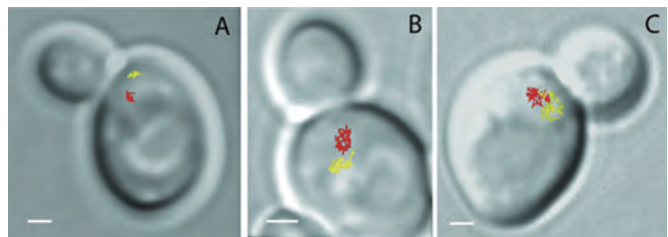


図2 DNAダメージによる染色体の動態変化
赤と黄色の線は15分間に染色体が動いた軌跡を示しています。(A) 染色体切断(ダメージ)なし: 染色体は核容積の3%程度の小さな動きしか示しません。(B) 1~4個のDNA切断が入ると染色体は核容積の11%を動き回るようになります。(C) 約20個のDNA切断が入ると染色体は核の中をまんべんなく広範囲に渡って動き回るようになります。このようにダメージを受けた染色体は組換え修復の「相手」探しではげしく動きまわるようになります。白線は1μm。

Figure - Dynamics of chromosome V loci as a function of the number of DSBs. The lines indicate 2-D projections of the trajectories of the two loci during ~15 minutes. (A) No DSBs: the loci are distant & explore only 3% of the nuclear volume. (B) 1 to 4 DSBs: mobility increases & each locus explores 11% of the nuclear volume. (C) 20 random γ -irradiation-induced DSBs: loci explore almost the entire nuclear volume & their trajectories overlap. The scale is 1 μ m.

細胞質遺伝客員研究部門 Division of Cytoplasmic Genetics

Rothstein研究室 Rothstein Group

<http://www.rothsteinlab.com/>



ロスステイン, ロドニー
客員教授(コロンビア大学教授)
ROTHSTEIN, Rodney
Visiting Professor (Professor, Columbia University Medical Center)

器官構築の発生遺伝学

Developmental genetics of organogenesis

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)。この突起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)。

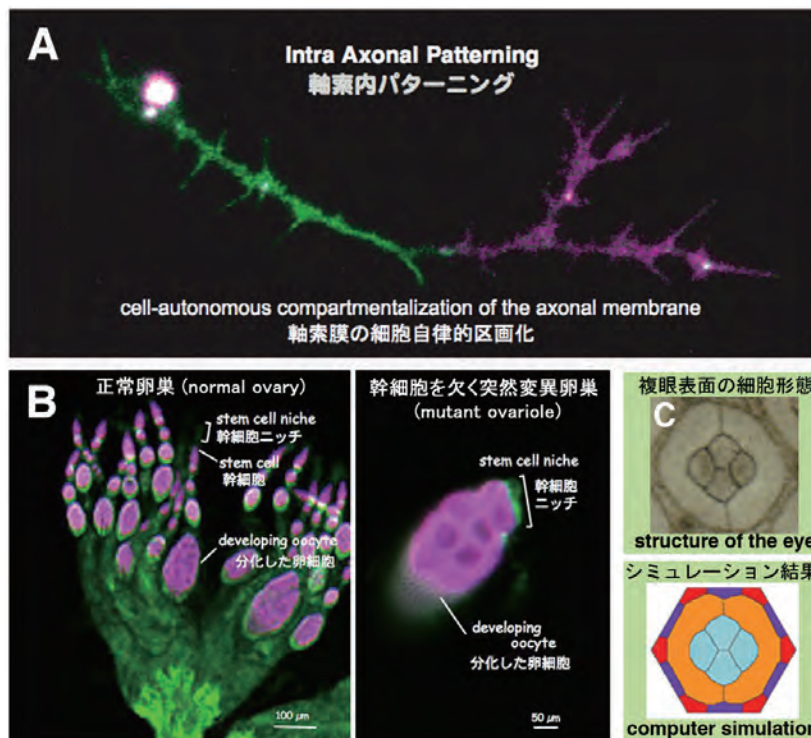
3. 組織や器官の構築過程では、個々の細胞は内的要因や外部環境に起因した様々な力学的影響にさらされています(図C)。これら力学的作用が個体発生に及ぼす影響について研究しています。

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 neurites. We discovered that neurites are subdivided into distal and proximal compartments, each containing distinct membrane proteins (Figure A). We study how such compartmentalization contributes to neural network formation.

2. Organ maintenance depends on "stem cells" 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.



図一 (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 - (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.

発生遺伝学研究部門 Division of Developmental Genetics

広海研究室 Hiromi Group

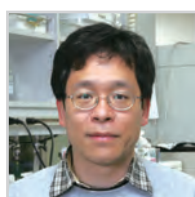
<http://www.nig.ac.jp/labs/DevGen/hiromi.html>



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

Publications

Matsuoka, S., Hiromi, Y., and Asaoka, M. (2013). Egr signaling controls the size of the stem cell precursor pool in the *Drosophila* ovary. *Mech. Dev. in press*

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.

ヒドラにおける自律神経系の同定

Identification of Autonomic Nervous System of Hydra

刺胞動物は神経系をもっとも原始的な生き物であるが、脳と呼べる部分はないと考えられている。つまり、神経系の出現から脳の出現までかなりの時間を要したというのが定説である。我々は、ヒドラの行動解析(図1)を通して、ヒドラにはすでに脳の構成要素の一つである自律神経系がそなわっている可能性を示唆する結果を得た。自律神経系は生命の維持にとって重要であるが、その機能のひとつが外界からのストレスの認知と、ストレスに対する応答である。ヒドラにストレスを与えた場合にそれに応答する神経系の場所を同定する試みをおこなっているが、現時点で明らかになった場所はヒドラの足に近い柄部である。柄部にはいくつかの種類の神経ペプチドが局在する(例、図2)ことが過去に報告されているが、その機能についてはよくわかっていない。我々は、これらの神経ペプチドにはヒトでいうアドレナリンやアセチルコリンのようなはたらきをするものが含まれていると考え解析を始めている。

Cnidaria is the most primitive phylum that has nervous system. However, since no structure has been identified as the brain, it is widely accepted that it took so many years for the nervous system to develop brain structure and function. From extensive behavioral analysis in hydra (Fig. 1), we obtained evidence that hydra nervous system possesses a function of autonomic nervous system (ANS). ANS plays crucial roles for homeostasis and one of the functions of ANS is to perceive environmental stress and to respond to the stress. We tried to identify the nervous system that shows stress response and found evidence that the system is localized in the peduncle region. Former studies identified neuropeptides that are localized in the peduncle region (Fig. 2) although their functions remain unknown. We hypothesize that the neuropeptides play comparable roles to epinephrine and Ach in human ANS and are currently undertaking functional assays of the neuropeptides.



図1 図1 ヒドラの首振り運動 この運動をはじめとしたヒドラの行動や、ストレスへの応答は柄部神経系によって制御されていることが最近明らかになった。
図2 ヒドラの柄部における神経ペプチド Hym-176 の局在 (Yum et al., 1998 より引用)

Figure - Fig. 1 Wobbling movement of hydra. The movement is affected by environmental stress and the process is regulated by nervous system in the peduncle of the animal.
Fig. 2 Localization of a neuropeptide Hym-176 in the lower peduncle (Yum et al., 1998).

Publications

Kawaida, H., Ohba, K., Koutake, Y., Shimizu, H., Tachida, H., and Kobayakawa, Y. (2013). Symbiosis between hydra and chlorella: molecular phylogenetic analysis and experimental study provide insight into its origin and evolution. *Mol. Phylogenet. Evol.* 66, 906-914.

Takaku, Y., Shimizu, H., Takahashi, T., and Fujisawa, T. (2013). Subcellular localization of the epithelipeptide, Hym-301, in hydra. *Cell Tissue Res.* 351, 419-424.

Shimizu, H. (2012). Transplantation analysis of developmental mechanisms in Hydra. *Int. J. Dev. Biol.* 56, 463-472.

発生遺伝研究部門 Division of Developmental Genetics

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

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 Neuronal circuit development and function in the mouse brain

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、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、組織学など幅広い技術を適用し解析をすすめています。

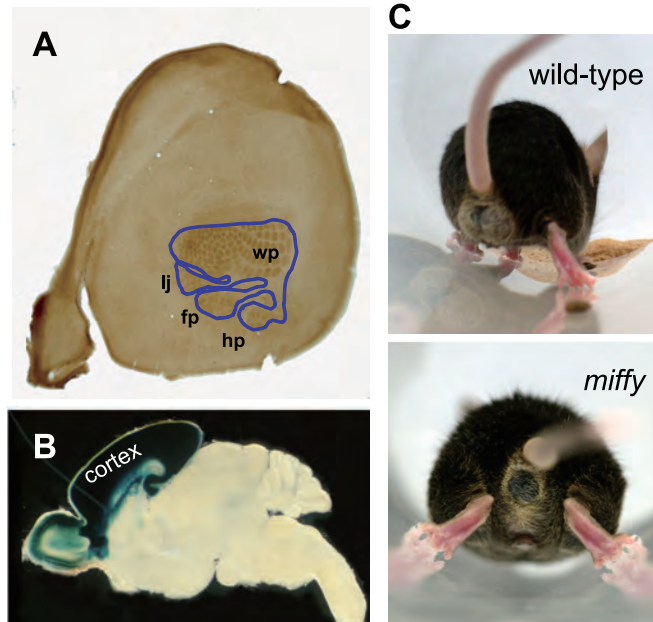
主に、以下の二つの相互に関連したテーマに取り組んでいます。

- 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」をモデルとして取り組んでいます。
- 我々は以前、ミッフィー突然変異マウスの発見を契機とする一連の解析により、 α キメリンが運動系神経回路の形成において重要な役割を担うことを見つけました。その後の解析で、 α キメリンが(運動系に限定されない)脳の発達や機能の幅広い局面において重要な働きをすることが明らかになってきています。

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

Specific Aims:

- In the mouse somatosensory cortex, formation and refinement of neuronal circuits which connect the peripheral sensory organ and cortex can be detected morphologically as "barrel" patterning. We are studying molecular mechanisms of barrel patterning as a model of activity-dependent circuit maturation by using mouse genetics and related technologies.
- We previously identified α -chimerin as a key signaling molecule in axon guidance of motor-circuits. We are currently studying roles of α -chimerin in various aspects of neuronal circuit development such as axon guidance, synapse formation and activity-dependent circuit refinement.



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.

形質遺伝研究部門 Division of Neurogenetics

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

Publications

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

Iwasato, T., Katoh, H., Nishimaru, H., Ishikawa, Y., Inoue, H., Saito, Y.M., Ando, R., Iwama, M., Takahashi, R., Negishi, M. and Itohara, S. (2007). Rac-GAP 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.

ゼブラフィッシュを用いた高次生命現象の遺伝学的解析

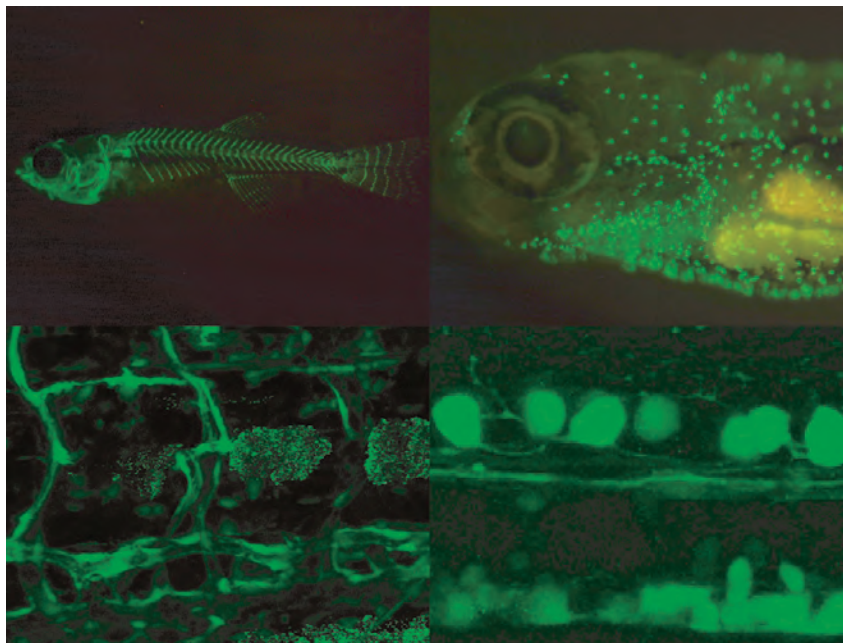
The genetic basis of development and behaviors in zebrafish

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・行動等の高次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。

我々は、メダカ由来の *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* を用いた効率の良いトランスジェニックゼブラフィッシュ作製方法の開発に成功しました。さらに、遺伝子トラップ法・エンハンサートラップ法・Gal4-UAS法の開発に世界に先駆けて成功してきました。これらの方法により、特定の組織・細胞・器官で任意の遺伝子を自在に発現させ、組織・細胞・器官を可視化する、あるいは機能操作することを可能にしました。

我々はこれらの方法を駆使して、脊椎動物の行動・学習・記憶などを制御する神経回路、分子メカニズムを明らかにする研究に取り組んでいます。中枢神経系の特定の神経回路の可視化、それらの機能阻害と行動解析、神経活動のカルシウムイメージングなどの研究を精力的に行っています。

Zebrafish is an excellent model vertebrate because of high fecundity, rapid embryonic development, transparency at the embryonic and larval stages. 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 yeast Gal4 transcription activator in specific cells, tissues and organs. These transgenic fish are valuable resources for the studies of developmental biology and neuroscience. We are applying these methods to study functional neuronal circuits. Currently, we are analyzing the structure and function of specific neuronal circuits that regulate locomotion, learning and memory. Also, we visualize neuronal activity during animal's behaviors by calcium imaging to identify functional neuronal circuits in the brain.



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.

Publications

Muto, A., Ohkura, M., Abe, G., Nakai, J., and Kawakami, K. (2013). Real-Time Visualization of Neuronal Activity during Perception. *Current Biology* 23, 307-311.

Muto, A., Ohkura, M., Kotani, T., Higashijima, S.-i., Nakai, J., and Kawakami, K. (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, 5425-5430

Asakawa, K., Suster, M.L., Mizusawa, K., Nagayoshi, S., Kotani, T., Urasaki, A., Kishimoto, Y., Hibi, M., and Kawakami, K. (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.

初期発生研究部門 Division of Molecular and Developmental Biology

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

行動を制御する神経回路研究 Neuronal circuits controlling innate behaviors

我々の研究室の目的は、ゼブラフィッシュ稚魚をモデルシステムとして、視覚によって誘起される行動を制御する神経回路を網羅的に同定し、解析することです。この目的のため、我々は一連の視覚によって誘起される行動アッセイ系を構築し、定量的に各々の運動の構成成分を解析しています。このアッセイ系において、我々は覚醒時の無傷な状態の稚魚の脳全体の神経活動を観察することができます。さらに研究が進んだ目的は、行動に変化が生じたときに、どのような変化がその基盤となる神経活動に生じるかを明らかにすることです。

The general goal of my laboratory at present and in the intermediate future is the development of the larval zebrafish as a model system for the comprehensive identification and examination of neural circuits controlling visually induced behaviors. To that end we have established and quantified a series of visually induced behaviors and we now analyze their individual resulting motor components. Using these assays we can monitor neuronal activity throughout the fish brain in an awake and intact preparation. An extended goal is the study of how changes or variations in the behavior are reflected in changes in the underlying neuronal activity.

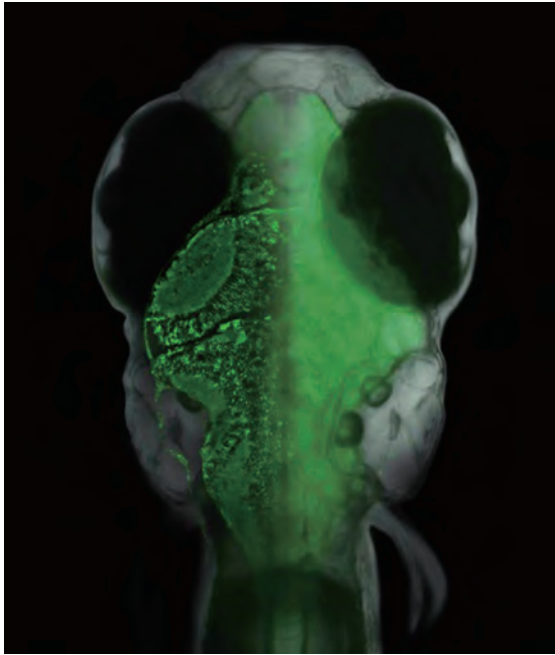


図1 遺伝学的にコードされたカルシウムインディケーターを脳全体で発現するゼブラフィッシュ稚魚の顕微鏡画像。通常の蛍光顕微鏡画像の左半分に、二光子レーザー走査顕微鏡による画像を重ね合わせている。

Figure - Photomicrograph of a larval zebrafish that expresses a genetically encoded calcium indicator in all neurons. A single plane, imaged in the same fish with a two-photon laser-scanning microscope, is superimposed on the left hemisphere.

生理遺伝客員研究部門 Division of Physiological Genetics

Engert 研究室 Engert group

<http://labs.mcb.harvard.edu/engert/>



エンゲルト, フローリアン
客員教授(ハーバード大学)
ENGERT, Florian
Visiting Professor (Harvard University)

発生における転写調節ネットワーク Transcriptional control during development

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用して、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。

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.

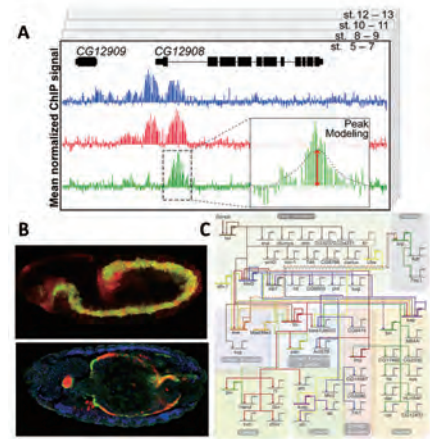


図1 A: エンハンサー上の転写因子の分布, B: エンハンサー活性 (GFP レポーターの発現), C: ネットワーク活性

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

生理遺伝客員研究部門 Division of Physiological Genetics

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)

ゲノムレベルにおける生物進化

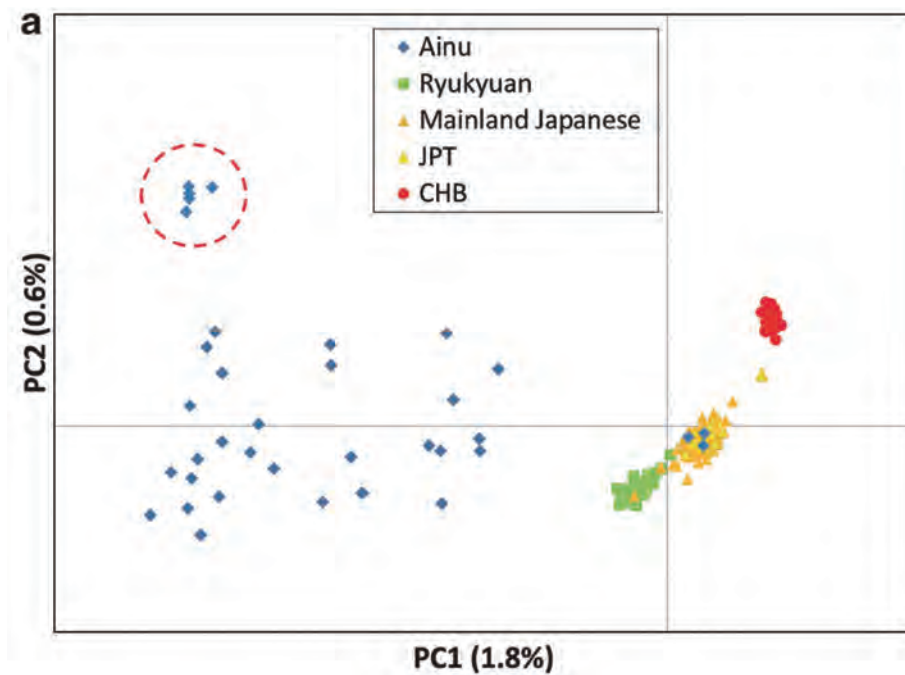
Evolution of organisms at genomic level

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ます。特にヒトにいたる霊長類と哺乳類の進化に焦点をあてています。

- 哺乳類や植物において進化的に保存された非コード領域の解析
- 古代DNA解析をふくめた、さまざまな人類集団の遺伝的近縁関係の推定
- 高速で大規模な多重整列を行なうシステムMISHIMAの開発
- 哺乳類個体遺伝子導入実験による転写調節領域進化の解析
- その他: ABO式およびRh式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

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.

- 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.



図一 ゲノム規模 SNP データにもとづく日本列島3集団と中国人の遺伝的近縁関係。

Figure - Genetic affinity of three human populations in Japanese Archipelago and Chinese based on genome-wide SNP data.

Publications

Matsunami, M., and Saitou, N. (2013). Vertebrate paralogous conserved non-coding sequences may be related to gene expressions in brain. *Genome Biol. Evol.* 5, 140-150.

Japanese Archipelago Human Population Genetics Consortium [Jinam, T., Nishida, N., Hirai, M., Kawamura, S., Oota, H., Umetsu, K., Kimura, R., Ohashi, J., Tajima, A., Yamamoto, T., Tanabe, H., Mano, S., Suto, Y., Kaname, T., Naritomi, K., Yanagi, K., Niikawa, N., Omoto, K., Tokunaga, K., and Saitou, N.] (2012). The history of human populations in the Japanese Archipelago inferred from genome-wide SNP data with a special reference to the Ainu and the Ryukyuan populations. *J. Hum. Genet.* 57, 787-795.

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.

集団遺伝研究部門 Division of Population Genetics

斎藤研究室 Saitou Group

<http://www.saitou-naruya-laboratory.org>



斎藤成也 教授 博(理)
SAITOU, Naruya
Ph. D., D. Sc., Professor



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

集団遺伝とゲノム進化

Population genetics and genome evolution

本研究室では、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。

- サイレント座位とタンパク質との系統特異的な進化パターンの研究。キイロショウジョウバエでの分子進化は、弱い淘汰と非平衡状態が一般的特徴であると考えられます。
- 弱い力が変動する場合の進化過程のモデル化。変異間の連鎖と適応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手法を開発しています。
- 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、細胞内での機能が自然選択によって最適化された結果であると考えられます。また、タンパク質の生合成効率に働く自然選択もタンパク質の大きさ、組成、進化速度などを決めていると考えられます。われわれは、遺伝子発現とタンパク質進化パターンとの関連を研究することにより、代謝および翻訳の効率に関わる適応について研究しています。

We combine theoretical and laboratory studies to study mechanisms of genome evolution. Current interests include:

- Studying lineage-specific patterns of silent and protein evolution. Both weak selection and departures from steady state appear to be prevalent features of molecular evolution in *Drosophila*.
- Modeling evolutionary processes. 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.
- Identifying biosynthetic constraints in protein evolution. Natural selection is thought to act upon protein structures to optimize their functions. Selection for efficient synthesis may also be important to understand protein size, composition, and evolutionary rate; relationships between gene expression and protein evolution may reveal adaptation for metabolic and translational efficiency.

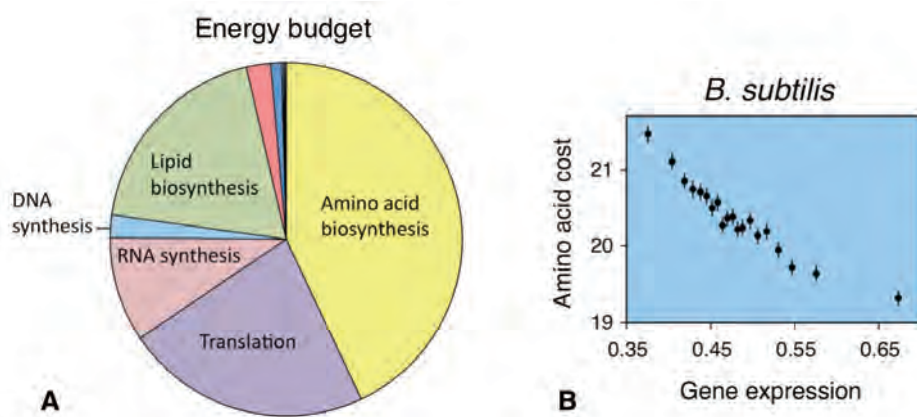


図 1 A) バクテリアでの生合成にかかるエネルギーの割合。バクテリアの細胞では約75%のエネルギーがタンパク質合成に使われています (Neidhardt *et al.* 1990)。B) エネルギーコストに関わるタンパク質の進化。枯草菌のゲノムを見てみると、量の多いタンパク質はコストの安いアミノ酸を使って合成されていることがわかります。

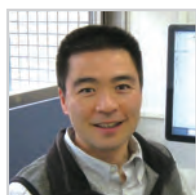
Figure - Metabolic economics and microbial proteome evolution.

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.

進化遺伝研究部門 Division of Evolutionary Genetics

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

Publications

Akashi, H., Osada, N., and Ohta, T. (2012). Weak selection and protein evolution. *Genetics* 192, 15-31.

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.

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

進化バイオインフォマティクス

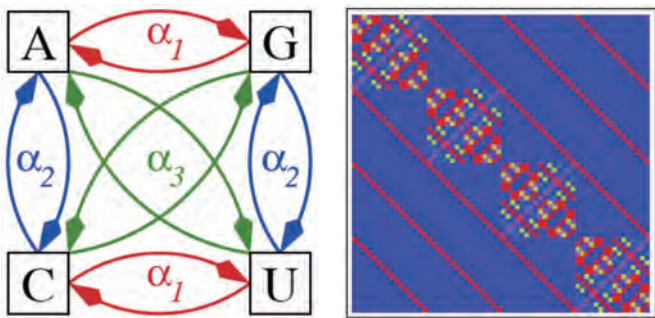
Evolutionary Bioinformatics

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、整理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。

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.



図一 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)

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

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 HAESELER, Arndt
Visiting Professor (Scientific Director of the Center for Integrative Bioinformatics Vienna)

新しい遺伝子の起源と進化

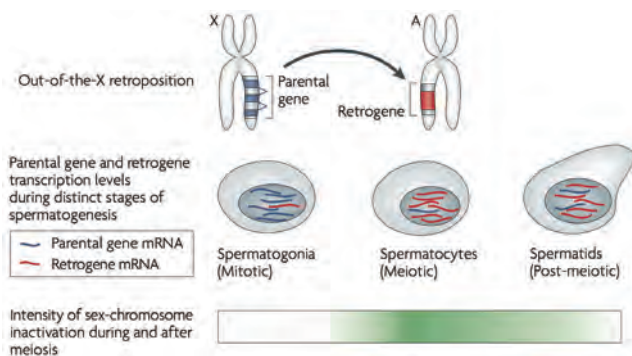
Origin and evolution of new genes

私の研究目標は、どうやって新しい機能を持った遺伝子が生まれてくるかを明らかにすることです。われわれは分子、ゲノム、集団の解析を通して、生まれて間もない「若い」遺伝子を観察し、研究を行っています。以下のようなことに興味があります。

- 新しい遺伝子の発生段階における機能と表現型に与える影響
- 新しい遺伝子の相互作用に関する進化的な解析
- ショウジョウバエ集団での遺伝子コピー数の多様性
- 性染色体と性に関連する遺伝子の進化
- 植物ゲノムの解析: 草類での高いキメラ遺伝子の生成
- 霊長類の脳で働く新しい遺伝子

My research focuses on how genes with novel functions originate. We integrate molecular, genomic and population analyses to study young genes because early processes of origination are directly observable. Some topics of interest include:

- The phenotypic effects and functions of new genes and their roles in development.
- Evolutionary analysis of gene interactions with new genes.
- Copy number variation within Drosophila populations.
- Evolution of sex chromosomes and sex-related genes.
- Genes and genomes in plants: high origination rate of chimeric genes in the grass family.
- Evolution of novel brain genes in primates.



図一 レトロ遺伝子、減数分裂期性染色体不活化、哺乳類の性染色体の出現。X染色体上の遺伝子の常染色体へのレトロ転移(上)。X染色体上の親遺伝子と常染色体上のレトロ遺伝子の発現: 減数分裂期性染色体不活化の前(spermatogonia), 途中(spermatocytes), 後(spermatids)の状態

Figure - Retrogenes, meiotic sex chromosome inactivation (MSCI) and the emergence of mammalian sex chromosomes. Retroposition of an X-linked parental gene to an autosome (top). Expression of X-linked parental genes and their autosomal retrogene copies before (spermatogonia), during (spermatocytes) and after (spermatids) the process of MSCI (bottom). From Kaessmann et al., Nat. Rev. Genet. 2009 10:19-31.

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

Long研究室 Long Group

<http://longlab.uchicago.edu/?q=node/3>



龍 漫遠
客員教授(シカゴ大学教授)
LONG, Manyuan
Visiting Professor (Professor, University of Chicago)

次世代シーケンサーを駆使したゲノム医学研究

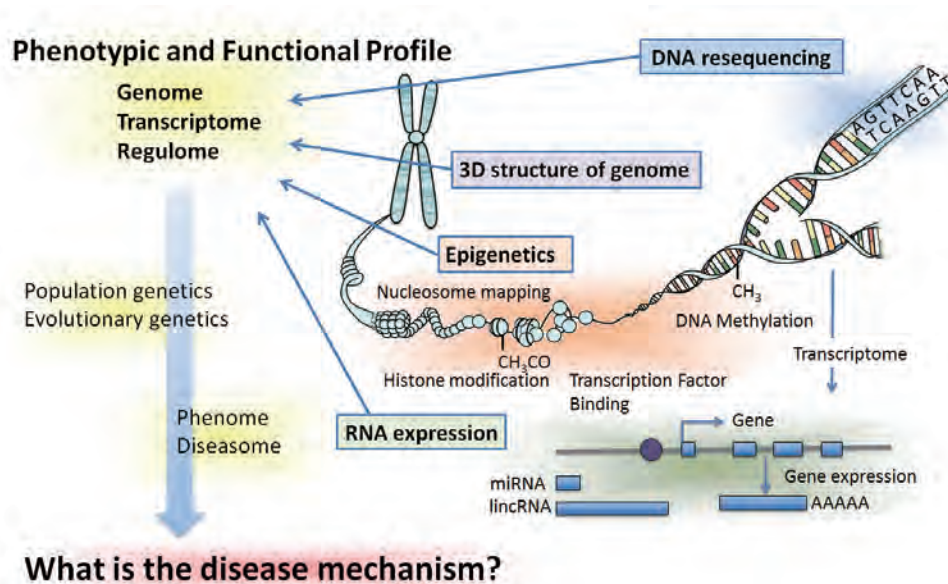
Genomic medicine with next generation sequencing technology

本研究室では、次世代シーケンサーで得られる膨大な塩基配列情報を医学研究に活用し、ヒト疾患の理解、治療法の開発に寄与することを目指しています。疾患ゲノム研究は原因となっている遺伝子変異、多型を検出することを当初の目標としていますが、病変組織における遺伝子発現プロファイル、ネットワーク解析を組み合わせることで、疾患メカニズム理解につなげる研究も推進します。また多因子疾患における疾患感受性遺伝子は進化的な意義を有することが多く、集団遺伝学的な検討も試みています。

- 全エクソンシーケンスによる希少遺伝性疾患遺伝子同定
- 脳動脈瘤感受性遺伝子同定と疾患メカニズム解明
- HLA 遺伝子のハプロイドゲノム配列決定
- 統計数理モデルによる高次表現型と遺伝型との関連

Our research goal is to elucidate disease causalities and their patho-etologies, and ultimately to develop therapeutic tool. With the advent of next generation sequencing technologies, it becomes very handy to identify causalities of monogenic diseases as well as complex diseases. With the vast of genomic information at hand, we will combine gene expression profiles of the responsible tissues together with clinical information to understand the global picture of diseases.

- Exome analyses of monogenic and complex diseases
- Genetic susceptibility of intracranial aneurysms and its path-physiology
- Haploid sequencing of HLA genes
- Mathematical modeling of phenome-genome relationship



図一 疾患メカニズムの解明にはゲノム配列だけでなく、遺伝子を含む全ての転写産物とそれらを制御する領域および因子を合わせて理解する必要があります。次世代シーケンサーを使ったこれらの解析により、疾患メカニズムを明らかにすることを目指しています。

Figure - The basic unit of heredity as disease causality might well be the regulatory region and not only the gene. The integrated functional properties based on a Next generation sequencer will open the way to understand the disease mechanisms.

人類遺伝研究部門 Division of Human Genetics

井ノ上研究室 Inoue Group

<http://humgen.lab.nig.ac.jp/>



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

Publications

Yoshihara, K., Tsunoda, T., Shigemizu, D., et al.(2012). High-risk ovarian cancer based on 126-gene expression signature is uniquely characterized by down-regulation of antigen presentation pathway. *Clin Cancer Res* 18, 1374-1385.

Rabbani, B., Mahdieh, N., Hosomichi, K., Nakaoka, H., and Inoue, I.(2012). Next-generation sequencing: impact of exome sequencing in characterizing Mendelian disorders. *J Hum Genet* 57, 621-632.

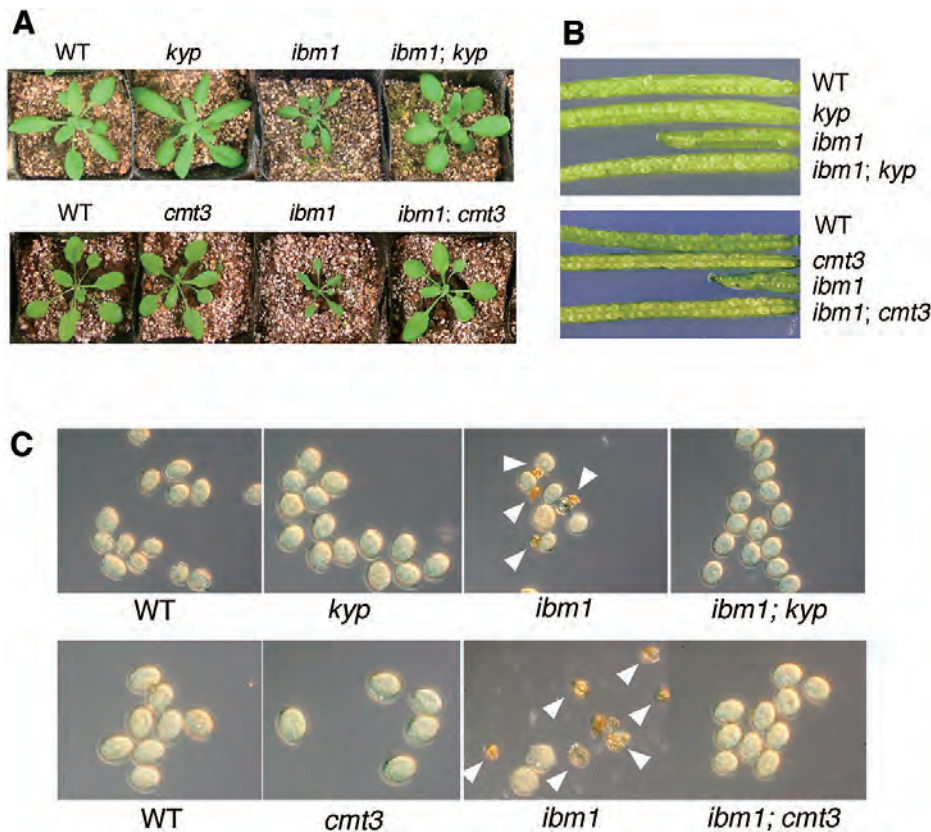
Nakaoka, H., Cui, T., Oka, A., et al.(2012). A systems genetic approach provides a bridge from discovered genetic variants to biological pathways in rheumatoid arthritis. *PLoS One* 6, e25389.

エピジェネティクスの遺伝学

Genetics of epigenetics

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量の生物で観察されます。このような「エピジェネティック」な現象の実体は、DNAのメチル化などのクロマチンの修飾であることがわかってきています。私たちは、シロイヌナズナのゲノムDNAのメチル化を制御する因子の変異体を用いたアプローチで、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。

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.



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 - 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.

Publications

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

育種遺伝研究部門 Division of Agricultural Genetics

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



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



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

脊椎動物の神経回路形成

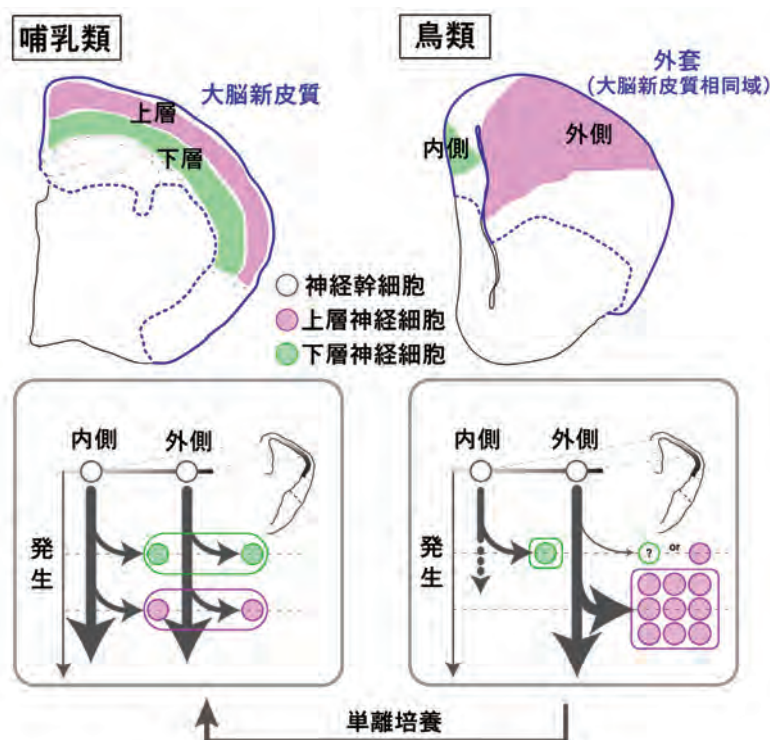
Vertebrate neural network formation

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
- 神経細胞移動の研究
- 軸索伸長と停止反応の研究
- 終脳新皮質層構造の進化的研究

Precise neuronal connections are the basis for the complex brain function. Thus, a 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
- Neuronal Migration
- Axon Outgrowth and Pausing
- Evolution of the neocortical layer structure



図一 (左上)哺乳類の大脳新皮質では、上層と下層の神経細胞が層状に配置されている。(左下)哺乳類大脳新皮質の神経幹細胞はどの部位のものでも、まず下層神経細胞を、次いで下層細胞を生み出す。(右上)ニワトリの大脳相同領域では、上層と下層タイプの神経細胞は、外側と内側に離れて分布している。(右下)ニワトリ脳では、内側の幹細胞は下層細胞を、外側の幹細胞はもっぱら上層細胞を生み出す。この違いがニワトリ脳における細胞タイプの分布の偏りを作り出す。しかしいくらニワトリの幹細胞であっても、脳からとりだして培養すると、哺乳類型の神経分化を行い始める。

Figure - (Upper left) In the mammalian neocortex, deep and upper layer neurons are horizontally aligned. (Lower left) Mammalian neural stem cells in any part of the neocortex produce both deep and upper layer neurons sequentially. (Upper right) In the chick brain, deep and upper layer neurons are separated in the medial and lateral domains, respectively. (Lower right) Chick neural stem cells in the medial domain produce deep layer neurons, whereas those in the lateral domain preferentially produce upper layer neurons. However, once the stem cells are isolated from the brain and cultured, they undergo the mammalian-type neurogenesis.

脳機能研究部門 Division of Brain Function

平田研究室 Hirata Group

http://www.nig.ac.jp/labs/Brain/new/j/hirata_lab_j/toppu.html



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



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

Publications

Suzuki, I. K., Kawasaki, T., Gojobori, T., and Hirata, T. (2012). The temporal sequence of the mammalian neocortical neurogenetic program drives mediolateral pattern in the chick pallium. *Dev Cell* 22, 863-870.

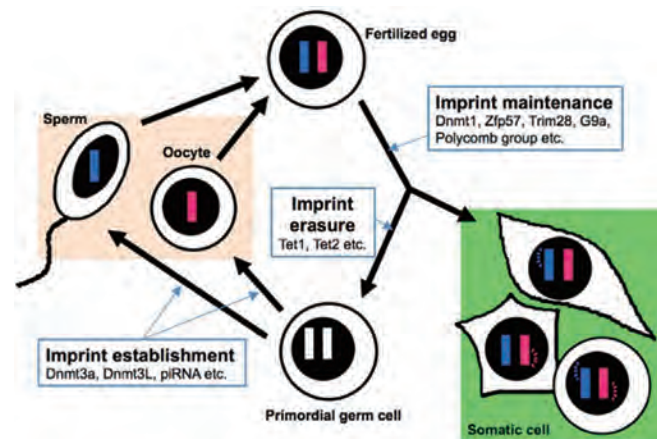
Hirata, T., Kumada, T., Kawasaki, T., Furukawa, T., Aiba, A., Conquet, F., Saga, Y., and Fukuda, A. (2012). Guidepost neurons for the lateral olfactory tract: expression of metabotropic glutamate receptor 1 and innervation by glutamatergic olfactory bulb axons. *Dev Neurobiol* 72, 1559-1576.

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

哺乳類の発生におけるエピゲノム制御 Epigenomic regulation of mammalian development

受精卵から様々な細胞が分化し、長期間にわたって個々の細胞機能を発揮するには、DNAの塩基配列を変えずに安定に遺伝子発現を調節するエピジェネティクスが重要です。エピジェネティクスは、メチル化やアセチル化などのクロマチン修飾に基づく制御であり、ひとつの細胞のもつクロマチン修飾の総体はエピゲノムと呼ばれます。私たちは、ゲノムインプリンティングをモデルとして、哺乳類の発生に必須のエピゲノム制御の機構を研究しています。エピゲノム制御の解明は、iPS細胞の作製、がんなどの疾患の克服にも重要です。

Epigenetics refers to the biological mechanism regulating heritable changes in gene expression that occurs during cellular differentiation without a change in the DNA sequence. Epigenetics is mediated by chemical modifications (such as methylation and acetylation) of chromatin and an entire set of the epigenetic modifications possessed by a particular cell type is called the epigenome. We study the mechanisms regulating the mammalian epigenomes in development using the epigenetic phenomenon called genomic imprinting as a model. The studies on the epigenomic regulation are important for generating iPS cells and for tackling many human diseases including cancer.



図一 ゲノムインプリンティングのサイクル。雌雄の配偶子で生じるクロマチン修飾の違い(インプリント)(青、赤)が、受精後の両親由来アリルへ伝達・維持され、片親性の遺伝子発現を起こす。一方、インプリントは始原生殖細胞で消去され、その後新たなインプリントが生じる。各段階でDNAメチル化酵素などの関与が明らかになりつつある。

Figure - The cycle of genomic imprinting. Differential modifications of chromatin established in male and female gametes (imprints) (blue and red) are maintained and propagated as allelic differences in the embryo. Imprinting causes mono-allelic gene expression in somatic cells. By contrast, the imprints are erased in primordial germ cells. Factors involved in imprinting are being clarified.

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

佐々木研究室 Sasaki group

<http://www.bioreg.kyushu-u.ac.jp/labo/epigenome/index.html>

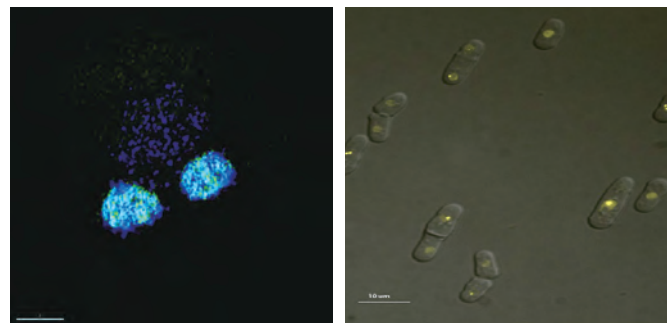


佐々木裕之
客員教授(九州大学教授)
SASAKI, Hiroyuki
Visiting Professor (Professor, Kyushu University)

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 Inheritance and reprogramming of heterochromatin with small RNA

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。私たちは分裂酵母 *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。

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.



図一 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。

図一 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期のdicer変異体細胞に蓄積している。

Figure - 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 - 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.

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

Martienssen研究室 Martienssen Group

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



マーチエンセン, ロブ A.
客員教授(HIMI, 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)

DNAトランスアクションを理解するための新たな遺伝学

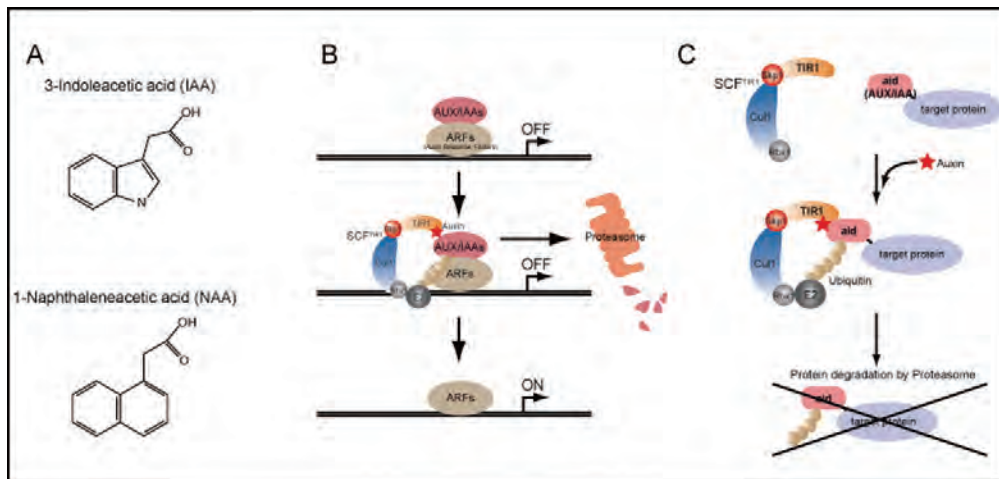
A new genetics for understanding of DNA transactions

当研究室では、新たな遺伝学的手法を利用することで動物細胞における新たな遺伝学を創生したいと思っています。すでに、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)。このように新たな手法を利用して、培養細胞の染色体DNAがいかに維持されているのか、特にS期におけるDNA複製と修復、組換えの関連性を明らかにしようとしています。

- DNA二本鎖架橋修復に対する複製と組換えの関係性の理解
- DNA複製後に起きたDNA切断損傷に対する修復機構の理解
- 複製フォークと組換え修復の関係性の理解
- AID法の改良や他の発現制御法の開発
- 動物細胞遺伝学を進展させるための、新たな遺伝子変換法や変異細胞株作成法の開発

We are aiming to generate a new genetics of vertebrate cells by employing new technologies. By transplanting a plant-specific degradation pathway to other eukaryotic species, we have already established an auxin-inducible degron (AID) system, with which the expression of a protein of interest can be timely controlled by addition of the plant hormone, auxin. We would like to understand how chromosomes are stably maintained in vertebrate cells by using AID and other new genetic technologies. In particular, we are currently studying the crosstalk of DNA replication, repair, and recombination during S phase.

- Understanding the relationship between DNA replication and recombination during DNA interstrand crosslink repair
- Understanding the mechanism of DNA double-strand break repair after DNA replication
- Understanding the relationship between replication fork and recombination-dependent DNA repair
- Improvement of AID and other gene expression control systems
- Development of new gene engineering technologies for making a new field of genetics



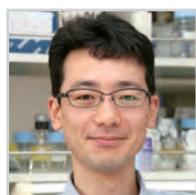
図一 オーキシン誘導デグロン(AID)法
(A) 天然オーキシンとして知られるインドール酢酸(IAA)と合成オーキシンとして知られるナフタレン酢酸(NAA)の構造。(B) 植物内でのオーキシン反応。オーキシンによって誘導される遺伝子のプロモーター上には転写因子ARFsとその抑制因子AUX/IAAが結合している。オーキシンはSCF E3ユビキチン化リガーゼのF-box因子であるTIR1を活性化することで、AUX/IAAをポリユビキチン化することで分解に導く。(C) AID法の原理。非植物細胞内で構成したSCFTIR1は標的因子にAUX/IAA(aid)を融合したものを、オーキシン依存的にポリユビ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. SCFTIR1 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.

分子機能研究室 Molecular Function Laboratory

鐘巻研究室 Kanemaki Group

http://www.nig.ac.jp/labs/MolFunc/Molecular_Function_HP/Home.html



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

Publications

Nishimura, K., Ishiai, M., Horikawa, K., Fukagawa, T., Takata, M., Takisawa, H., and Kanemaki, MT. (2012). Mcm8 and Mcm9 Form a Complex that Functions in Homologous Recombination Repair Induced by DNA Interstrand Crosslinks. *Molecular Cell*, 47, 511-522.

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

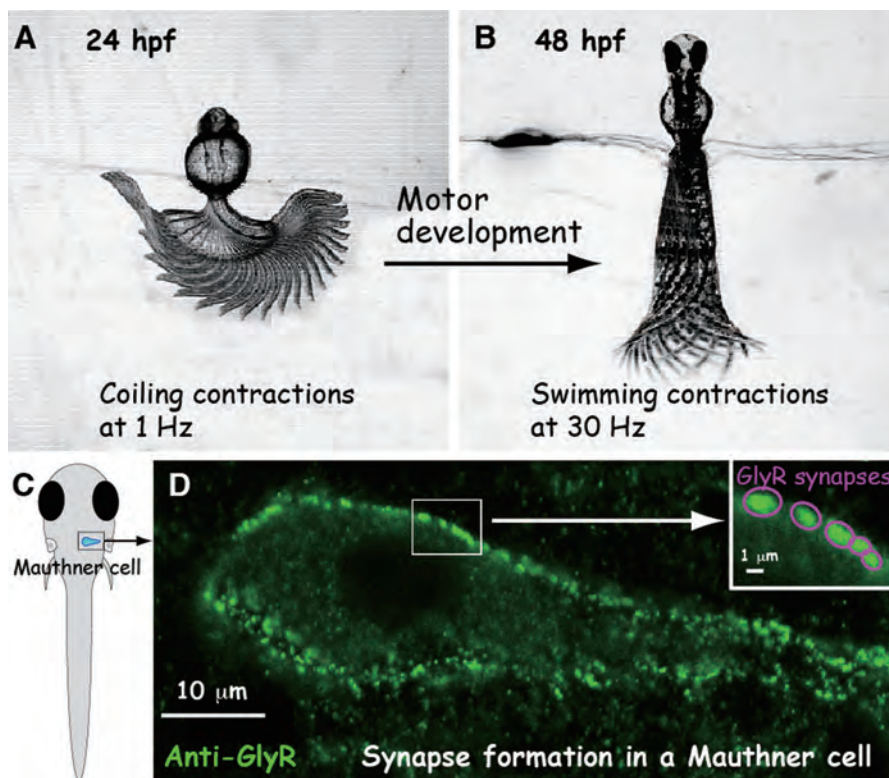
Nishimura, K., Fukagawa, T., Takisawa, H., Kakimoto, T., and Kanemaki, M. (2009). An auxin-based degron system for the rapid depletion of proteins in non-plant cells. *Nature Methods*, 6, 917-22.

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

Molecular basis of motor development and activity-dependent synapse formation

動物とは動く生き物ですが、動物の動き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。この小さな魚は成長が速く、単純な神経回路を用いて運動をするので、運動・行動の研究に適しているからです。本研究室ではゼブラフィッシュの利点を最大限活かし、運動・行動に異常のある変異体の解析や、活動依存的シナプス形成の分子基盤解明を通して、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ます。

Zebrafish is an excellent vertebrate model to study motor development. First, all stages of development occur externally and rapidly. 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 neuronal activities. Finally, electrophysiological activity of neurons can be recorded using patch-clamp methods. We employ two approaches to study motor neural circuits regulating locomotion and behavior. 1. Characterization of zebrafish mutants showing motor deficits. 2. Molecular basis of activity-dependent formation of glycinergic synapse, which plays essential a role in motor system.



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.

Publications

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.

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.

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.

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

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

細胞内共生による異種細胞の統合進化機構の解明

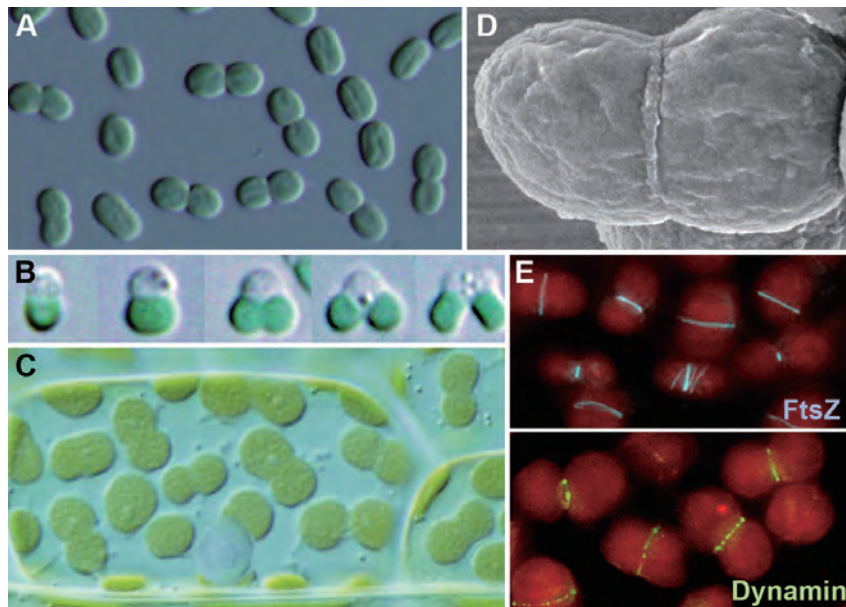
Evolutionary integration of two independent organisms by endosymbioses

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、細菌が真核細胞内に共生して誕生しました。その他にも、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存在します。このような二種の細胞の世代を超えた持続的統合には、宿主細胞と共生細胞の協調増殖機構の確立が必須です。私たちは、(1)真核細胞による葉緑体とミトコンドリアの増殖制御、(2)細胞の増殖と細胞内小器官によるエネルギー供給の調節、(3)これらの機構の進化を理解することで、細胞内共生の基本原則の解明を目指しています。

- 真核細胞による葉緑体・ミトコンドリアの分裂・増殖制御機構の解析
- 細胞周期進行、光合成・呼吸活性調節、活性酸素への対応の協調機構の解析
- これらの機構の進化過程に関する解析

Mitochondria and chloroplasts, energy-converting organelles in eukaryotic cells, are relicts of ancient bacterial endosymbionts. In addition to these particular organelles, there are many other endosymbiotic events which have integrated new functions into eukaryotic host cells. In order to maintain a permanent endosymbiotic relationship, a host cell and an endosymbiotic cell coordinate their proliferation. The major goal of our study is to understand how organelle division is controlled by host cells, how host cells proliferate depending on chemical energy that are supplied by organelles, and how these systems have evolved.

- Analyses of regulatory mechanisms of chloroplast/mitochondrial proliferation by eukaryotic host cells
- Analyses of coordinating mechanism of eukaryotic cell cycle and energy and oxidative stress which are produced by photosynthesis/respiration of chloroplasts and mitochondria
- Understanding how these coordinating mechanisms have evolved through the phagotrophic engulfment of preys, retention of endosymbionts and subsequent establishment of endosymbiotic organelles



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を明らかにした(E)。

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

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

宮城島研究室 Miyagishima Group

http://www.nig.ac.jp/labs/SyCelEvo/Index_e.html



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

Publications

Miyagishima, S., Suzuki, K., Okazaki, K., and Kabeya, Y. (2012). Expression of the nucleus-encoded chloroplast division genes and proteins regulated by the algal cell cycle. *Mol Biol Evol* 29, 2957-2970.

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

適応放散の遺伝機構

Genetics of adaptive radiation

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多様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、トゲウオやメダカを用いながら迫ります。表現型変化に関わる遺伝子は、実験モデル生物において多く同定されてきましたが、野外生物における種分化や適応進化の分子機構は多くが未解明です。また、原因対立遺伝子が野外集団内でどのように広まっていくのかについても多くが未解明です。これらを解明するために、フィールド調査から始まり、ゲノミクスや遺伝子工学、生態実験などを統合的に用います。

- 適応放散を引き起こした鍵形質の分子基盤
- 雑種異常の原因遺伝子の特定
- 表現型可塑性変異の遺伝機構
- 性的二型の進化遺伝機構

Our research goal is to understand the molecular mechanisms underlying the evolution of biodiversity. Although many genes important for animal development and behavior have been identified in model organisms, little is known about the molecular mechanisms underlying naturally occurring phenotypic variation important for adaptation and speciation in wild populations. Furthermore, little is known about how newly evolved alleles important for adaptation and speciation spread within natural populations. To understand these ecological and genetic mechanisms, we mainly use stickleback fishes as a model. Our research takes an integrative approach across diverse disciplines.

- Genetic basis of key traits that trigger adaptive radiation
- Molecular mechanisms of hybrid abnormality
- Molecular mechanisms underlying variation in phenotypic plasticity
- Genetic mechanisms of the evolution of sexually dimorphic traits



図一 地道なフィールド調査と飼育室内での実験によって、野外生物にみられる行動や生理や形態の変異を解析します。ついで、古典的な遺伝的手法や最新のゲノミクス技術などを援用し、遺伝基盤や候補遺伝子を解明していきます。また、遺伝子操作による分子機能解析に加え、ピオトープ池を用いたマイクロ生態系での生態実験を用いて分子から生態までをつないでいきます。

Figure - Our research takes an integrative approach across diverse disciplines. The first step is to conduct a detailed ecological survey of natural variation among stickleback populations collected from diverse environments. Next, we use genetic and genomic tools to study the genetic architecture of ecologically important phenotypic traits and also identify candidate genes responsible for adaptation and speciation. Then, we use transgenic and knockout approaches to study the detailed molecular and physiological functions of these candidate genes in vivo. Furthermore, we plan to use semi-natural ponds to get insight into how different alleles behave within natural populations.

Publications

Ishikawa, A., Takeuchi, N., Kusakabe, M., Kume, M., Mori, S., Takahashi, H., and Kitano, J. (2013). Speciation in ninespine sticklebacks: reproductive isolation and phenotypic divergence among cryptic species of Japanese ninespine stickleback. *J Evol Biol in press*

Yoshida, K., and Kitano, J. (2012). The contribution of female meiotic drive to the evolution of neo-sex chromosomes. *Evolution* 66, 3198-3208

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.

生態遺伝学研究室 Ecological Genetics Laboratory

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

中心体の自己複製機構と生体内動態、そして起源の解明

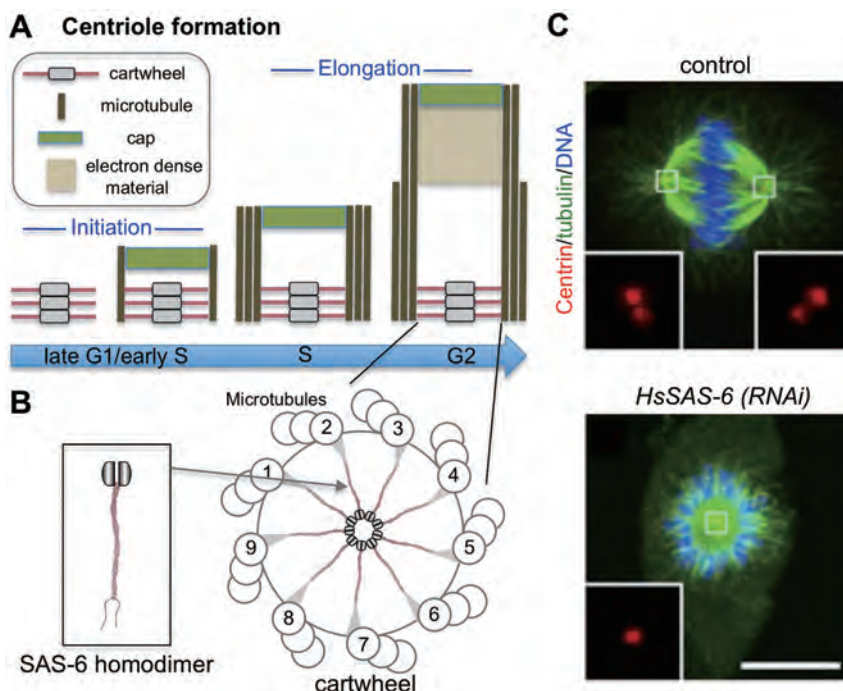
The mechanisms of centrosome duplication and dynamics

進化上保存された細胞小器官である中心体は微小管ネットワーク形成、ゲノム安定性維持を含む多様な生理現象を制御することで細胞がん化、遺伝病、不妊症を含む様々な疾患と密接に関与しています。これらの現象を司る上で、細胞分裂時に中心体は一度だけ自己複製する必要がありますが、そのメカニズムに関して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。当研究室ではヒト培養細胞、マウス、線虫を材料とし、多彩な手法を融合することで中心体構築、複製、動態の基本原則を解明することを目指します。

The centrosome is a conserved organelle that serves as the microtubule organizing center and regulates many biological processes. However, the mechanisms governing centrosome duplication and the underlying structural principles remained poorly understood and represent a long-lasting important question in biology.

We mainly focus on understanding the mechanisms of centrosome biogenesis and dynamics by using the combination of innovative and multi-disciplinary approaches. We are investigating the following specific aims by using human cells, mouse and *C. elegans* as model systems.

- 新規中心体構成因子の同定
- 中心体複製の分子機構の解明
- In vitro再構成による中心体構築の構造学的モデリング
- 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
- Identification of new players for centrosome biogenesis
- Analysis of centrosomal interactome
- In vitro reconstitution and modeling of centrosome assembly
- Centrosome dynamics and function in the context of development



図一 (A)細胞周期に依存した中心体の構築。(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体複製が阻害される。Centrin: 中心体マーカー。

Figure - (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.

中心体生物学研究室 Centrosome Biology Laboratory

北川研究室 Kitagawa Group

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



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

Publications

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.

マウス高次形質の統合的遺伝解析

Integrative genetics of mouse complex traits

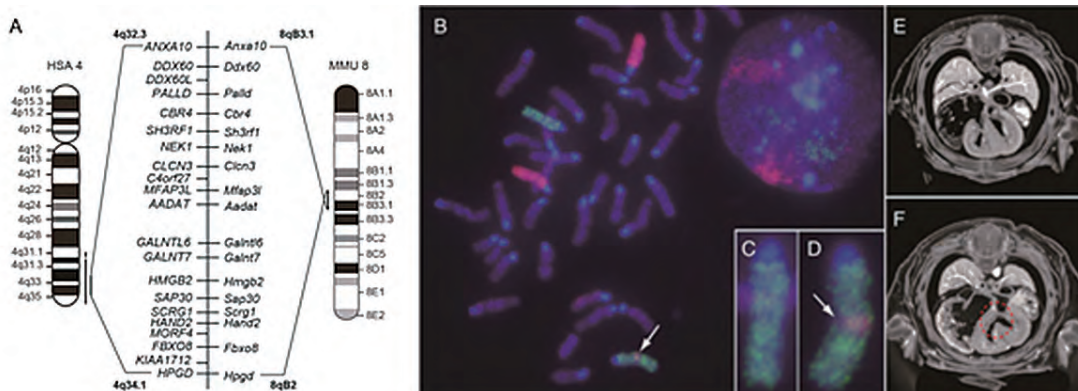
当研究室では、マウス近交系統や突然変異体の表現型に着目した“順遺伝学”と遺伝子改変マウスを用いた“逆遺伝学”の両方法論を駆使して、形態形成やエネルギー代謝などの高次生命現象を制御する遺伝メカニズムの統合的理解をめざしています。また、生物遺伝資源事業として、野生マウス由来系統を含めたゲノム多型情報や表現型情報の収集と整備を行うとともに、亜種間コンソミック系統など、マウス機能ゲノム学のためのバイオリソースの開発を進めています。個別研究課題は以下の通りです。

- 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
- マウス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
- マウス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
- マウスコンソミック系統を利用した形態・代謝の遺伝制御システム

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” using existing mouse mutants and “Reverse Genetics” using genetically engineered mice. In parallel, we are also compiling 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 wildmouse derived MSM/Ms strain. These bioresources are freely available for research community.

Current ongoing research projects are as follows:

- Chromosomal dynamics for gene regulation
- Evolution of *cis*-regulation systems of developmental genes
- Data banking of genome diversity and phenotypes of mouse strains
- Genetic mechanism of reproductive isolation in mice
- Genetic dissection of complex traits by use of mouse consomic strains



図一 マウス変異 *Rim4* にみられる染色体異常と心室中隔欠損
(A) ヒト 4 番染色体長腕 (HSA4) 4q32.3-34.1 とマウス 8 番染色体 (MMU8) 8qB2-B3.1 は、遺伝子の並びが良く保存されている。(B) *Rim4*/+ マウスの染色体 FISH 像。6 番染色体 (Chr6: 緑色)、8 番染色体 (Chr8: 赤色)。(C) 野生型 Chr6。(D) *Rim4* Chr6 の拡大像。矢印は挿入された 8qB2-B3.1 断片。(E, F) 胸部 micro-CT 像。野生型 (E) にはみられない心室中隔欠損 (点線丸) (F) が *Rim4*/*Rim4* では観察される。

Figure - Chromosome aberration and ventricular septal defect observed in *Rim4* mutant mouse.

(A) Mouse Chr8 (MMU) 8qB2-B3.1 is syntenic to human Chr4 (HSA4) 4q32.3-34.1, and gene order are well conserved in the syntenic regions of the two species. (B) Dual-color whole chromosome FISH image of Chr6 (green color) and Chr8 (magenta color). Magnified images of Wild type and *Rim4*/+ Chr6 are shown in insets, (C) and (D), respectively. Arrow in (B) and (D) indicates Chr8-derived insertion fragment. X-ray μ -CT images of E14.5 embryos of wild type (E) and *Rim4*/*Rim4* mouse (F) are shown. Dotted circle in (F) indicates ventricular septal defect.

Publications

Tamura, M., Hosoya, M., Fujita, M., Iida, T., Amano, T., Maeno, A., Kataoka, T., Otsuka, T., Tanaka, S., Sagai, T., Tomizawa, S., and Shiroishi, T. (2013). Over-dosage of *Hand2* causes limb and heart defects in human chromosomal disorder, partial trisomy distal 4q. *Hum. Mol. Genet.* in press

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.

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.

哺乳動物遺伝研究室 Mammalian Genetics Laboratory

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



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

マウス発生工学を用いた初期発生現象の解析

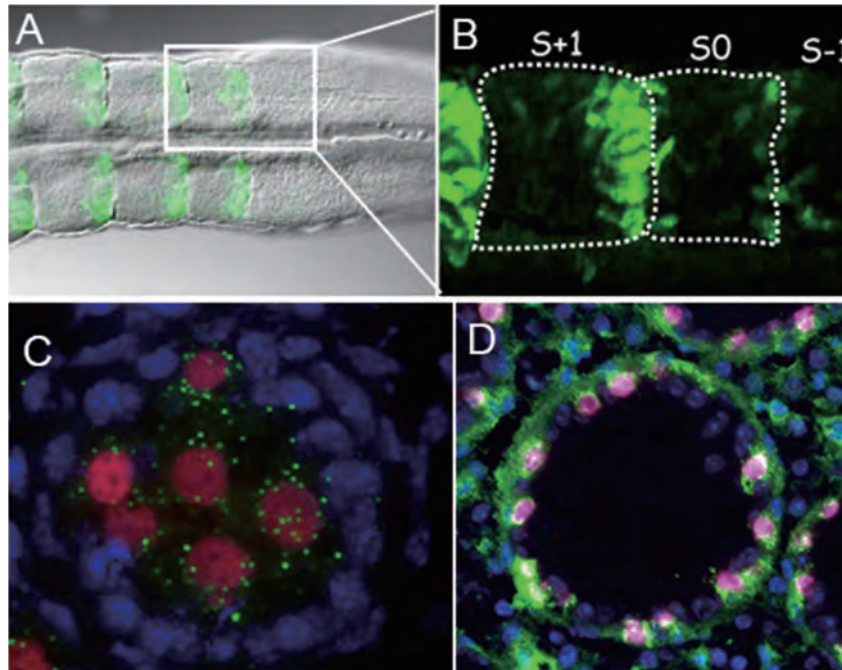
Developmental genetic studies using gene engineering technology in mice

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、

- 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
- 脊椎動物の分節性確立機構の解析
- 心臓・血管系構築機構の解析

We are interested in the mechanism of germ cell development, especially focusing on the function of RNA binding proteins, Nanos2 and Nanos3. Nanos2 is involved not only in the male germ cell fate specification, but also in the maintenance of spermatogonial stem cells. We aim to elucidate targets of Nanos2 and Nanos3 to understand the events associated with the Nanos-mediated RNA regulation. We are also interested in the molecular mechanism of heart formation and somite segmentation, which is derived from mesodermal cells. We have shown that a transient expression of Mesp2 transcription factor initiates somite segmentation via repressing the upstream signal Tbx6. We are focusing on the mechanism of this repression mechanism.

- Sexual differentiation of germ cells
- Establishment of spermatogonial stem cells
- RNA-mediated germ cell regulation
- Somite segmentation
- Heart morphogenesis



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部でのみ活性化。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 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) 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 (green) expression is maintained in the spermatogonial stem cell (magenta). Only stem cells remain, while sperm differentiation is suppressed.

発生工学研究室 Mammalian Development Laboratory

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



加藤 譲 助教 理博
KATO, Yuzuru
D. Sc., Assistant Professor



安島 理恵子 助教 理博
AJIMA, Rieko
D. Sc., Assistant Professor

Publications

Wu, Q., Kanata, K., Saba, R., Deng, CX., Hamada, H., and Saga, Y. (2013). Nodal/activin signaling promotes male germ cell fate and suppresses female programming in somatic cells. *Development* 140:291-300.

Okubo, Y., Sugawara, T., Abe-Koduka, N., Kanno, J., Kimura, A., and Saga, Y. (2012). Lfng regulates the synchronized oscillation of the mouse segmentation clock via trans-repression of Notch signalling. *Nat Commun.* 3:1141

Hasegawa, K., and Saga, Y. (2012). Retinoic acid signaling in Sertoli cells regulates organization of the blood-testis barrier through cyclical changes in gene expression. *Development* 139:4347-4355

野生由来マウスを用いた行動遺伝学

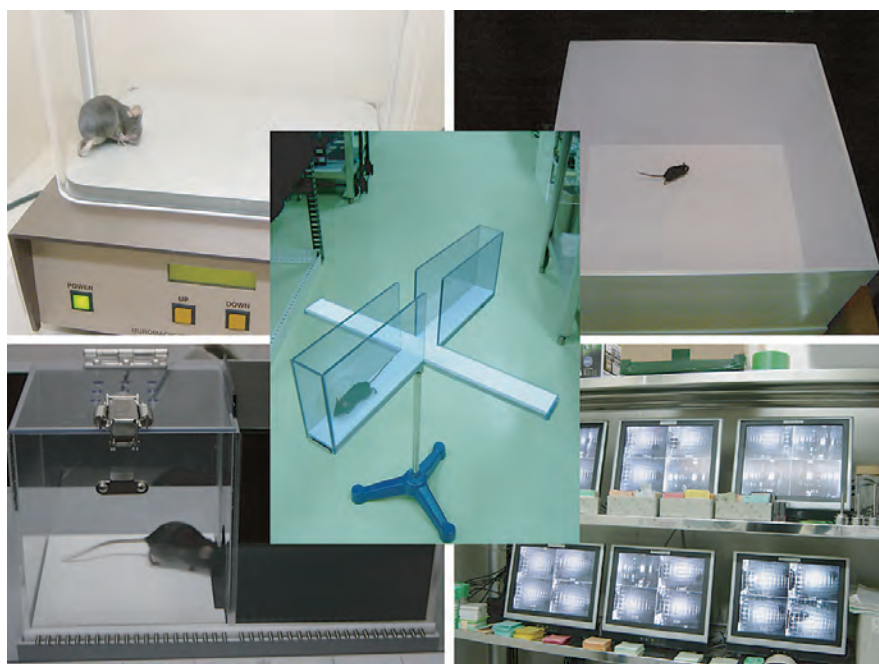
Behavioral genetics using wild-derived mouse strains

近年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、野生に特徴的な行動に加えて、表現型の顕著な系統差を示します。このような行動の多様性に関わる遺伝子を同定し、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

Understanding the genetic basis for individual differences in complex traits is one of the most important issues in current genetics. In order to clarify the mechanisms related to behavioral diversity, we are using a series of wild-derived mouse strains as well as standard laboratory strains. Wild-derived strains originate from mice that naturally inhabit a particular area, and they exhibit a prominent degree of wildness and phenotypic diversity among the strains. We are identifying genes related to behavioral differences between the strains, and are aiming to understand the role of these genes in the molecular, cellular, and neural mechanisms that underlie this behavioral diversity.

- 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



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.

Publications

Takahashi, A., Schilit, A.N., Kim, J., Debold, J.F., Koide, T., and Miczek, K.A. (2012). Behavioral characterization of escalated aggression induced by GABA(B) receptor activation in the dorsal raphe nucleus. *Psychopharmacology* 224, 155-156.

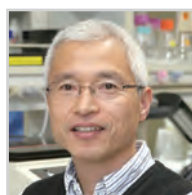
Sugimoto, H., Okabe, S., Kato, M., Koshida, N., Shiroishi, T., Mogi, K., Kikusui, T., and Koide, T. (2011). A role for strain differences in waveforms of ultrasonic vocalizations during male-female interaction. *PLoS ONE* 6: e22093.

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.

マウス開発研究室 Mouse Genomics Resource Laboratory (MGRL)

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

ゼブラフィッシュの生殖細胞と近交系を用いた遺伝子改変

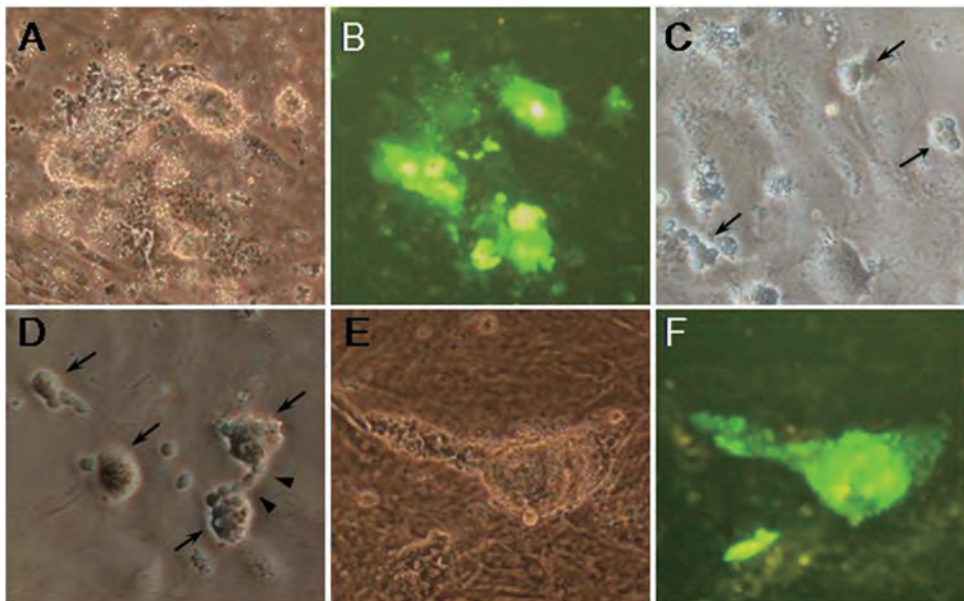
Genetic modification of germ cells and inbred lines in zebrafish

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。私たちは雄生殖細胞の培養系を確立し、この培養系による遺伝子改変技術の確立を進めています。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。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。一方で、雄生殖細胞培養系は精子形成制御因子の解析にも優れています。精子形成異常変異体と細胞培養系を用いて、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。

- 雄生殖細胞培養系による遺伝子改変技術の確立
- 近交系による順遺伝学的・逆遺伝学的解析基盤の確立
- 精子形成異常変異体による精子形成制御因子の解析

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 culture male germ cells, and focus on developing reliable protocols for producing transgenic lines by the culture system. Furthermore, 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. In addition, male germ cell culture systems are useful also in analyzing the spermatogenesis. Using spermatogenic mutants recently identified in zebrafish and the culture system, we are working on the molecular mechanisms to regulate spermatogenesis of vertebrates.

- Establishment of genetic modification protocols in the male germ cell culture
- Generation of systems for forward and reverse genetic analyses using the inbred strain
- Analyses of genes to regulate spermatogenesis with spermatogenic mutants



図一 ゼブラフィッシュ精原幹細胞の培養。A, B. *vas::egfp* 精原細胞の培養3日目。C. 培養4日目で1回目の継代直後。矢印は精原細胞を示す。D. 培養10日目で2回目の継代直後。矢印は精原細胞が鎖状につながったところを示す。E, F. 培養30日目。生殖細胞特異的な GFP が発現している。

Figure - Successful propagation and maintenance of zebrafish spermatogonial stem cells in culture. A, B. Culture of *vas::egfp* spermatogonia for 3 days. C. Spermatogonia (arrows) just after a first replating on day 4. D. Spermatogonia (arrows) just after a second replating on day 10. Arrowheads indicate chain-like structures of spermatogonia. E, F. A clump of *vas::egfp* spermatogonia after culturing for one month that express GFP.

小型魚類開発研究室 Model Fish Genomics Resource Lab

酒井研究室 Sakai Group

<http://www.nig.ac.jp/labs/FishDev/index.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

Publications

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.

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

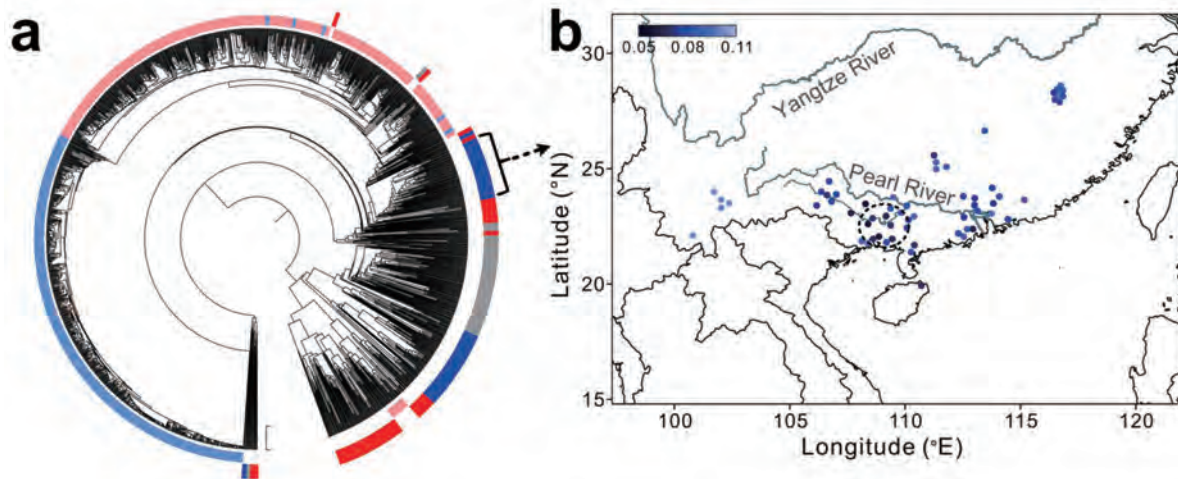
Studies on genetic diversity of *Oryza* genomes/species and mechanisms in reproductive isolation

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、および発現遺伝子解析と表現型との遺伝的相関解析を行い、種や形質の分化に関わる遺伝子を同定し、種の多様性や進化の仕組みを明らかにすることを目指しています。この中で、生殖的隔離の分子メカニズムの解明と、生殖発生過程における遺伝的プログラムの解明にも取り組んでいます。イネ遺伝資源事業として、突然変異系統の選抜、野生イネの特性解析などの研究、開発、分譲も行っています。

- 野生イネ遺伝的多様性、比較ゲノム、進化解析
- 生殖的隔離に関わる遺伝因子の同定
- イネ生殖発生過程の遺伝的プログラムの解明

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 are going to 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 in rice. We are also responsible for managing, preservation, propagation, and distribution of rice genetic resources of wild rice species collected in the NIG under the NBPR.

- 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 development



図一 イネ栽培の遺伝的、地理的起源地。(a) 446の *O. rufipogon* 系統と1083の *O. sativa* 系統の55の栽培選抜領域における遺伝変異から算出した進化系統樹 (b) 進化経過を説明する62の系統群の地理的位置。系統毎の色は、遺伝的距離を示す(aにおける色と対比)

Figure - Genetic and geographic origins of rice domestication. a, Phylogenetic tree of 446 *O. rufipogon* accessions and 1,083 *O. sativa* varieties calculated from SNPs in the 55 major domestication sweeps. b, Geographic locations of 62 *O. rufipogon* accessions, whose phylogenetic positions during domestication are indicated. Color index represents the average of the genetic distance of *O. rufipogon* accessions to all cultivated rice accessions.

Publications

Huang, X., Kurata, N., Wei, X., Wang, ZX., Wang, A., Zhao, Q., Zhao, Y., Liu, K., Lu, H., Li, W., Guo, Y., Lu, Y., Zhou, C., Fan, D., Weng, Q., Zhu, C., Huang, T., Zhang, L., Wang, Y., Feng, L., Furuumi, H., Kubo, T., Miyabayashi, T., Yuan, X., Xu, Q., Dong, G., Zhan, Q., Li, C., Fujiyama, A., Toyoda, A., Lu, T., Feng, Q., Qian, Q., Li, J., and Han B. (2012). A map of rice genome variation reveals the origin of cultivated rice. *Nature* 490, 497-501.

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

Nonomura, K., 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.

植物遺伝研究室 Plant Genetics Laboratory

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

モデル単細胞を使った環境ストレスに対する細胞増殖の応答機構

Mechanism of bacteria and yeast cell proliferation in responses to environmental stress

単細胞微生物は、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。これまでに大腸菌とジャポニカス分裂酵母で、染色体やプラスミドDNAが動く仕組みや外部環境因子に対する細胞のふるまいについて研究を進めています。遺伝学的もしくは細胞生物学的手法を用いて、細胞内で起こ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。ジャポニカス分裂酵母は酵母と菌糸の2つの生活環があり、環境に応じて転換する制御の機構について研究を始めています。

- 大腸菌のプラスミド、染色体の分配機構
- 大腸菌におけるアセチル化とパントテン酸合成経路の制御機構
- 大腸菌の細胞形態の制御機構
- ジャポニカス分裂酵母の染色体・核膜動態因子の解析
- ジャポニカス分裂酵母の菌糸形成の誘導機構とその環境ストレス応答

Bacteria and yeasts are good 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. Genetic 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. *Sz. japonicus* is a dimorphic yeast, which transit from yeast to hyphae in response to environmental stress. We study on molecular mechanism of switching the transition and responses of hyphal cell to light and temperature.

- Molecular mechanism on segregation of chromosome and plasmid DNA in *E. coli*.
- Regulation of metabolic pathway of pantothenic acid in *E. coli* cells.
- Morphogenesis of rod shaped *E. coli* cells.
- Genetic analysis on *Sz. japonicus* chromosomal and nuclear envelope segregation.
- Hyphal induction and hyphal cell cycle in *Sz. japonicus* yeast.

大腸菌バイオリソース <http://www.shigen.nig.ac.jp/ecoli/strain/top/top.jsp>

枯草菌バイオリソース <http://www.shigen.nig.ac.jp/bsub/>

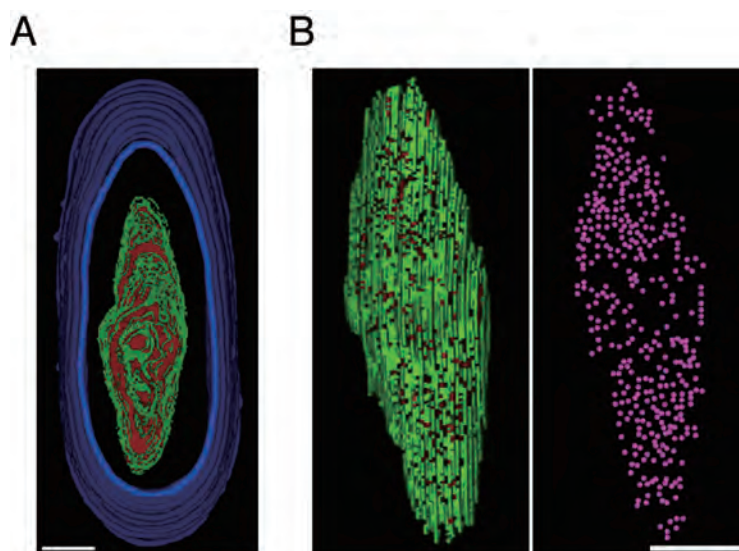


図 1 分裂期核の3次元再構成

A) ジャポニカス分裂酵母細胞の多切片電子顕微鏡画像を再構成し、核膜(緑色)と核小体(赤色)、細胞膜(青色)を3次元的に表した。スケールバーは2 μ m。
B) 再構成した核を横から見た図。核膜上には核膜孔の無数の穴が見られ、これらは両極に偏在した(マゼンタ)。スケールバーは2 μ m。

Figure 1 - 3D-reconstitution of mitotic nucleus in *Sz. japonicus*

A) Multi-sectioned TEM images were reconstituted as a 3D-image of mitotic *Sz. japonicus* nucleus. Nuclear envelope, nucleolus, and cell membrane were represented by green, red, and blue, respectively. Scale bar: 2 μ m.
B) The side view of the mitotic nucleus. Nuclear pores (marked by magenta-dots) were localized at polar region on the nucleus. Scale bar: 2 μ m.

原核生物遺伝研究室 Microbial Genetics Laboratory

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

Publications

Nozaki, S., Webb, M.E., and Niki, H. (2012). An activator for pyruvoyl-dependent L-aspartate alpha-decarboxylase is conserved in a small group of the gamma-proteobacteria including *Escherichia coli*. *MicrobiologyOpen* 1, 298-310.

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.

RNAi変異体を使ったゲノム機能の体系的解析

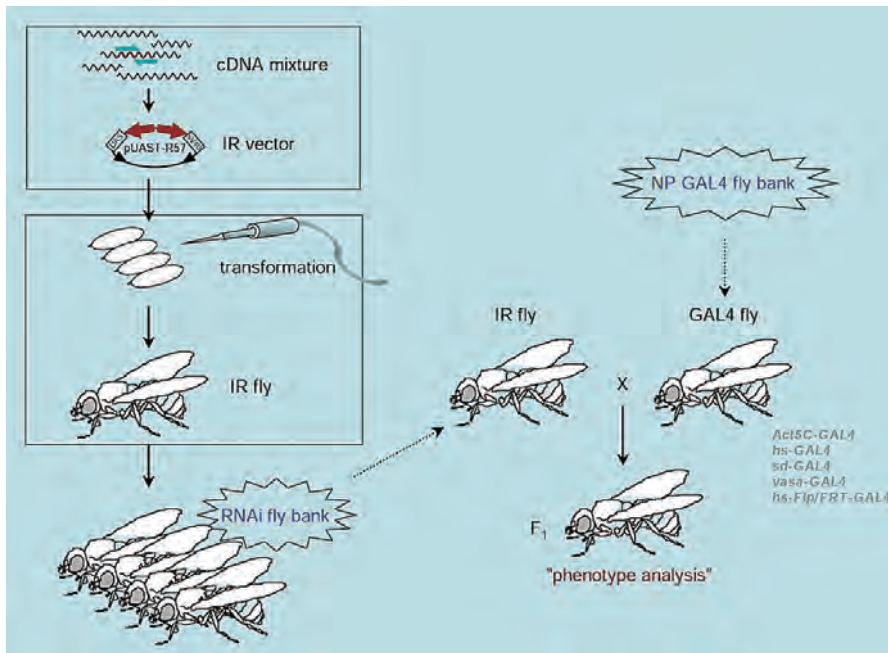
Comprehensive analyses of genome function in *Drosophila*

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

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.



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.

Publications

De Graeve, F.M., Van de Bor, V., Ghiglione, C., Cerezo, D., Jouandin, P., Ueda, R., Shashidhara, L.S., and Noselli, S. (2012). *Drosophila apc* regulates delamination of invasive epithelial clusters. *Dev Biol* 368, 76 - 85.

Yano, H., Yamamoto-Hino, M., Awano, W., Aoki-Kinoshita, KF., Tsuda-Sakurai, K., Okano, H., and Goto, S. (2012). Identification of proteasome components required for apical localization of chaoptin using functional genomics. *J Neurogenet* 26, 53 - 63.

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.

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

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

遺伝資源情報の高度利用に関する研究

Sophisticated utilization of biological resource information

インターネットから入手できるデータ量は膨大ですが、かならずしも知識量の増加にはつながりません。意味のある情報の抽出には工夫が必要です。「概念の構造化(=オントロジー)」とは、実験系や材料、学問の背景などが異なるためそのままでは同じ土俵で比較できない情報を、様々な概念レベルで整理して有効に利用しようという考え方です。

当研究室では遺伝資源情報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。

- 実験研究用バイオリソースのデータベース構築
- 生物種横断的利用システムの開発
- 生物系オントロジーの構築と利用
- 遺伝子情報のアノテーション

It is important to have an intelligent data retrieval system to extract meaningful information from huge amount of data through the internet. One of the solutions is to use ontology. The term "ontology" means a structure of concepts. The use of ontology enables data which were originally defined differently to be compatible on a conceptual level. By applying various biological ontologies such as gene ontology, plant ontology and disease ontology to biological resource databases, we have been developing an advanced retrieval system that allows users to conduct cross species search for experimental resources.

- Database construction of biological resources
- Developing cross-species data retrieval system
- Construction and utilization of biological ontologies
- Gene annotation

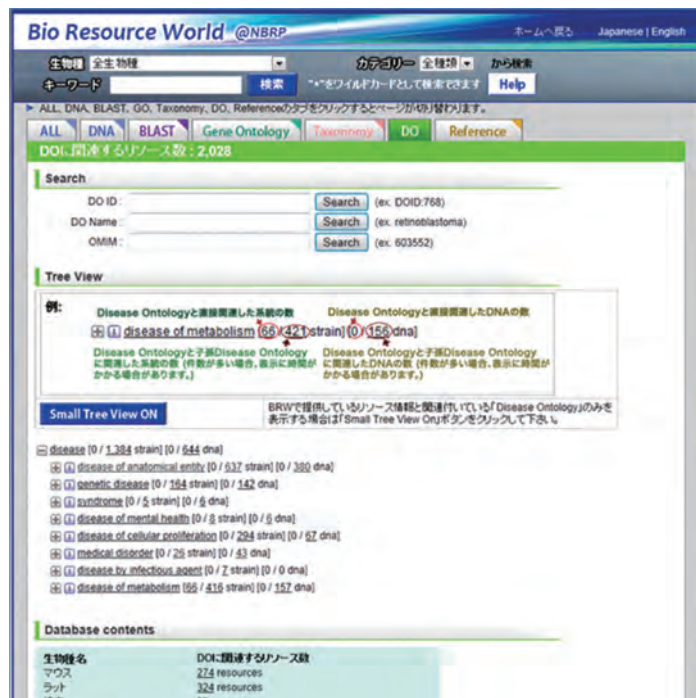


図 1 ナショナルバイオリソースプロジェクト総合検索サイト (BRW) - 全リソース約630万件を、keyword, sequence, gene ontology, disease ontology, Referenceなどで検索することができる。

Figure 1 - National BioResource Project - Integrated BioResource Database (BRW) - The BRW provides access to a collection of 6.3 million records on bioresources and supports summary browsing, keyword searching, and searching by DNA Sequences, gene ontology, disease ontology, or references.

系統情報研究室 Genetic Informatics Laboratory

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

Publications

Laurel Cooper et al. (2013). The Plant Ontology as a Tool for Comparative Plant Anatomy and Genomic Analyses. *Plant and Cell Physiology*, 54:2

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

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

線虫発生のゲノム生物学

Genome biology of *C. elegans* development

「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。

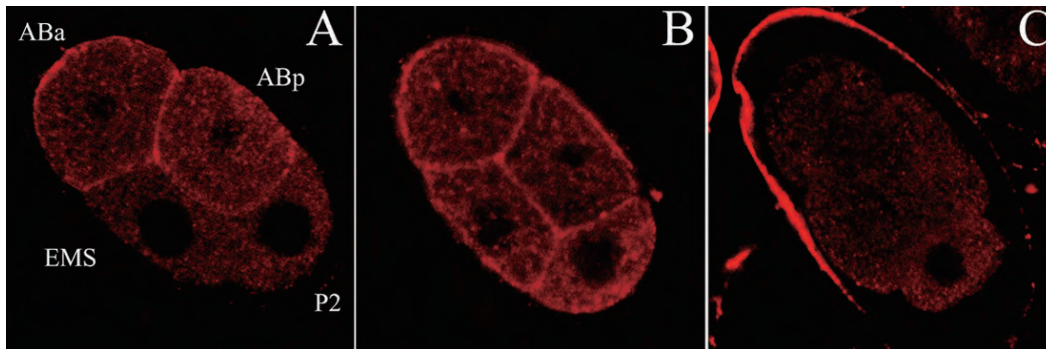
- 細胞運命決定に関わる母性遺伝子の mRNA 局在や翻訳制御メカニズム
- 遺伝子発現クラスタリング解析と遺伝子カスケードの解析
- マイクロ RNA の機能解析
- 細胞特異的発現調節領域の同定と発生の遺伝子制御機構
- 近縁種の発生パターンと遺伝子発現パターンの比較解析

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。

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.



図一 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 - 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.

Publications

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.

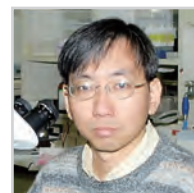
生物遺伝資源情報研究室 Genome Biology Laboratory

小原研究室 Kohara Group

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



小原雄治 特任教授 理博
KOHARA, Yuji
D. Sc., Project Professor



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

ゲノムクロマチンの折り畳み構造とダイナミクス

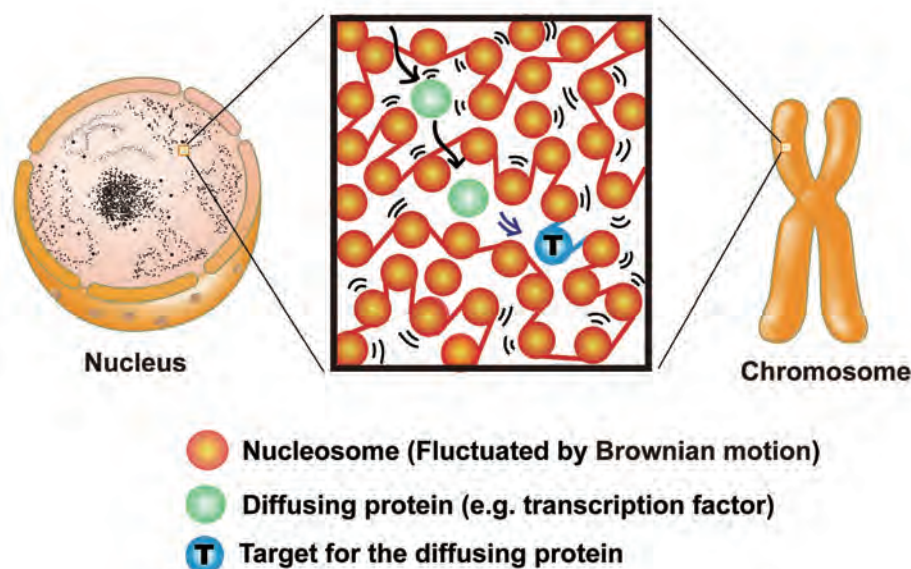
3D-organization and dynamics of human genome chromatin

本研究室では、「ヒトゲノムDNAが細胞のなかに、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、細胞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。X線散乱解析、定量的ライブイメージング、シミュレーション、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。

- 定量的ライブセル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線散乱を用いたヒト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とエピジェネティクス
- 高次構造によってゲノムDNAが放射線などから守られるメカニズムの解析

Our research interest is to know how a long string of genomic DNA is three-dimensionally organized in the cell, 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. Recently, we found that the chromatin in mammalian cells is irregularly folded without a 30-nm chromatin fiber. This kind of irregular folding has a high dynamics (chromatin fluctuation), and leads to advantage of various genome functions.

- 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
- Genome-wide study and epigenetics of higher-order chromatin change(s) during mouse cell differentiation
- Analysis of how higher-order chromatin structure can protect genome DNA from radiation damage



図一 クロマチン(赤いボールと赤線)が細胞の中に不規則に収納されている。クロマチンの揺らぎ(小刻みな動き)のおかげで、タンパク質(緑のボール)はより自由に動ける。この結果、ターゲット(青ボール)へたどり着きやすくなる。

Figure - In the cell, chromatin (red balls) is irregularly folded. A chromatin fluctuation, driven by Brownian motion, facilitates chromatin accessibility and proteins (green ball) to target a certain site (blue ball).

生体高分子研究室 Biological Macromolecules Laboratory

前島研究室 Maeshima Group

<http://www.nig.ac.jp/labs/MacroMol/index.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

Publications

Hihara, S., Pack, C.G., Kaizu, K., Tani, T., Hanafusa, T., Nozaki, T., Takemoto, S., Yoshimi, T., Yokota, H., Imamoto, N., *et al.* (2012). Local nucleosome dynamics facilitate chromatin accessibility in living Mammalian cells. *Cell Rep* 2, 1645-1656.

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* 31, 1644-1653.

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.

細胞建築学:細胞内空間のデザイン原理と力学的基盤の理解

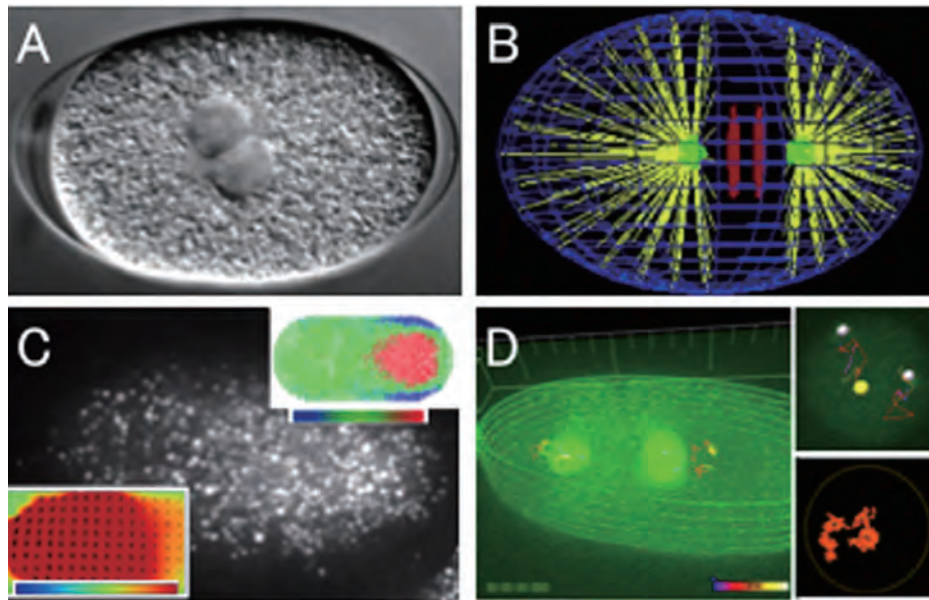
Design principles and mechanical bases of the architecture of the cell

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。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」について研究をすすめています。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た研究をすすめています。

- 細胞内の核と紡錘体の配置や形づくりの解析
- 染色体の動きと形づくりの解析
- 細胞内流動の定量化と数理モデルの構築

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.

- Intracellular positioning and morphogenesis of the nucleus and spindle
- Dynamics and morphogenesis of the chromosomes
- Quantitative measurement and modeling of cytoplasmic flow



図一 (A) 研究に用いている線虫初期胚。(B) 細胞分裂に伴う紡錘体伸長のシミュレーション。(C) 細胞質流動の画像解析。(D) 染色体ダイナミクスの解析。

Figure - (A) *Caenorhabditis elegans* embryo. (B) Computer simulation of spindle elongation during cell division. (C) Image analysis of cytoplasmic flows. (D) Quantitative analysis of chromosome dynamics.

Publications

Kimura, K., and Kimura, A. (2012). Rab6 is required for the exocytosis of cortical granules and the recruitment of separate to the granules during the oocyte-to-embryo transition in *Caenorhabditis elegans*. *J Cell Sci* 125, 5897-905.

Hayashi, H., Kimura, K., and Kimura, A. (2012). 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

細胞建築研究室 Cell Architecture Laboratory

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



木村 健二 助教 博(薬)
KIMURA, Kenji
D. Pha., Assistant Professor

線虫を用いた非対称細胞分裂機構の研究

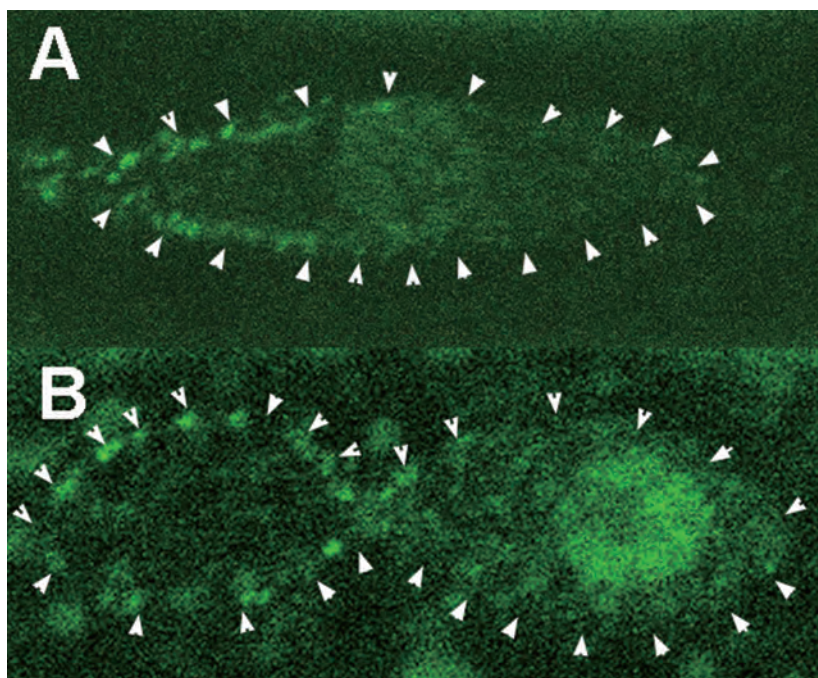
Mechanisms of asymmetric division in *C. elegans*

多細胞生物体の構築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、分裂などのふるまい)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します。私たちは生きている状態で細胞の運命を観察することができる線虫をモデルとして用い非対称分裂のメカニズムを研究しています。また数多くの非対称分裂がどのように協調され機能的な細胞集団を作り出すのか研究しています。

- 非対称分裂に關与する遺伝子の同定
- 非対称分裂の制御機構の解明
- 細胞極性が協調される機構の解明
- 細胞浸潤の機構の解明

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. 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.

- Identification of genes involved in asymmetric cell division
- Elucidation of mechanisms of asymmetric cell division
- Elucidation of mechanisms that coordinate cell polarity
- Elucidation of mechanisms of cell invasion



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*.

多細胞構築研究室 Multicellular Organization Laboratory

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

Publications

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

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

X線結晶解析を用いたタンパク質作用機序の解明

Mechanism-oriented protein structure determination by X-ray diffraction

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。当研究室ではそのためにX線結晶回折法を用います。これまで、それぞれが興味深い固有の作動機構を持つ、

- ATP合成関連蛋白
- 転写因子、翻訳関連因子
- 耐塩性酵素

など多岐に渡る分子の構造解析を行ってきました。現在、私たちはこれらの研究をまとめる段階にあります。

We have worked 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:

- sub-complexes of F1-ATPase, ATP synthase,
- transcription factors,
- translation factors, and salt-tolerant glutaminase..

Some of those targets have exhibited extreme difficulties.

We are now making full efforts to summarize all those studies mentioned above.



図一F1-ATPase $\alpha_3\beta_3\gamma\epsilon$ 複合体の結晶と三次元構造。 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 - Crystals and a schematic representation of structure of $\alpha_3\beta_3\gamma\epsilon$ complex of F1-ATPase. Crystals were grown in absence of added nucleotide. In the structure figure, 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

Publications

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.

超分子構造研究室 Biomolecular Structure Laboratory

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

神経回路形成の分子・細胞メカニズム

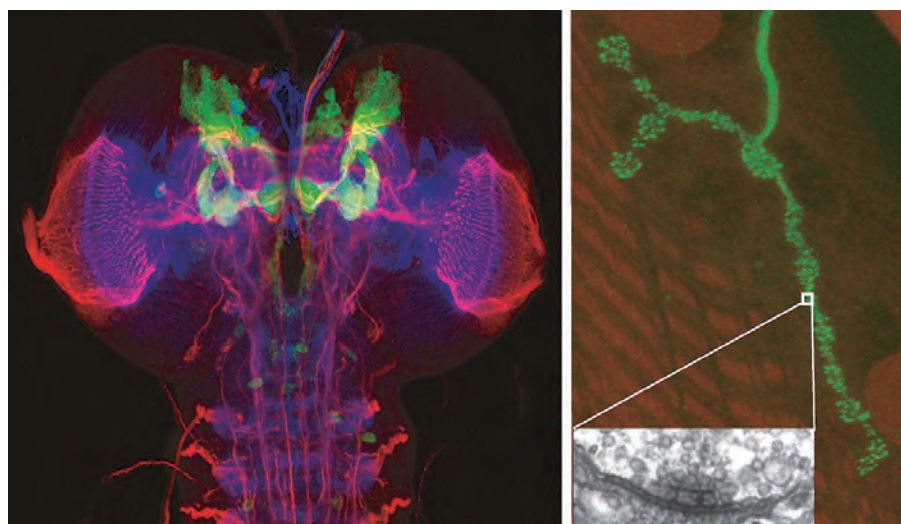
Molecular and cellular mechanisms for neural network formation

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。分子遺伝学の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。

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

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



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.

遺伝子回路研究室 Gene Network Laboratory

鈴木研究室 Suzuki Group

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



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

Publications

Kurusu, M., Katsuki, T., Zinn, K., and Suzuki, E. (2012). Developmental changes in expression, subcellular distribution, and function of *Drosophila* N-cadherin, guided by a cell-intrinsic program during neuronal differentiation. *Dev Biol* 366, 204-217.

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.

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.

ゲノム配列と遺伝子発現からみた分子進化学

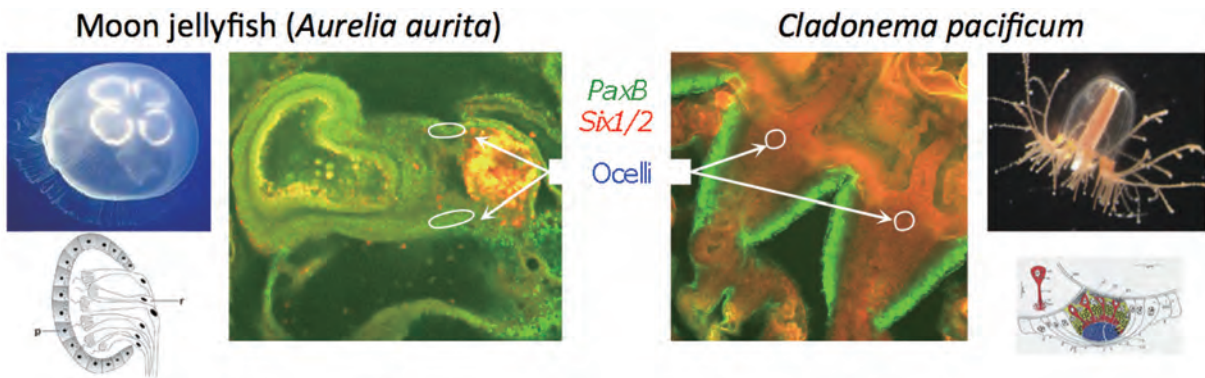
Study for molecular evolution using genome sequence and gene expression

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、動物や細菌、ウイルス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手法のパイプライン開発、(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に力を注いで研究を行っております。また、その他にも以下のような研究課題に精力的に取り組んでいます。

- 構造生命科学データクラウドの構築と高度化
- 共生の分子基盤の解明～ヒドラと藻類を例に～
- 海洋メタゲノム解析
- レトロウィルスの分子系統解析
- ショウジョウバエにおける遺伝子量補償の進化機構の解明

We have studied the evolutionary process for acquisition of novel phenotypic characters by comparative genomics and molecular evolutionary approaches, using animals, bacteria, and viruses. Particularly, we have recently focused more on (1) Developing pipelines for analyzing data from next-generation sequencers and (2) Evolutionary dynamics of gene expression profiles underlying the evolution of central nervous system and sensory organs. In addition, we have tackled the following projects.

- Establishing cloud computing system for structural biology and its sophistication
- Elucidating Molecular bases of mutualism by using hydrae and algae
- Analysis of marine metagenomics
- Molecular phylogenetic analysis of retroviruses
- Unraveling the evolutionary mechanism of dosage compensation in *Drosophila*



図一2種の刺胞動物における*paxB*と*six1/2*の発現。(左)ミズクラゲ、(右)エダアシクラゲ、Ocelli:眼点。ミズクラゲはカップ眼、エダアシクラゲはレンズ眼を持つ。*paxB* (*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ある。

Figure - Expression of eye patterning genes, *paxB* and *six1/2* in two species of jellyfishes. While *pax6* 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 the eye formation of these jellyfishes.

Publications

Nakamura, Y., Sasaki, N., Kobayashi, M., Ojima, N., Yasuike, M., Shigenobu, Y., Satomi, M., Fukuma, Y., Shiwaku, K., Tshujimoto, A., Konayashi, T., Nakayama, I., Itoh, F., Nakajima, K., Sano, M., Wada, T., Kuhara, S., Inouye, K., Gojobori, T., and Ikeo, K. (2013). The first symbiont-free genome sequence of marine red alga, *Susabi-nori* (*Pyropia yezoensis*). PLOS ONE (In press)

Hwang, J. S., Takaku, Y., Momose, T., Adamczyk, P., Ozbek, S., Ikeo, K., and Gojobori, T. (2010). Nematogalectin, a nematocyst protein with GlyXY and galectin domains, demonstrates nematocyte specific alternativesplicing in *Hydra*. Proc Natl Acad Sci USA 107, 18539-18544.

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

遺伝情報分析研究室 Laboratory for DNA Data Analysis

五條堀研究室 Gojobori Group

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



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



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



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

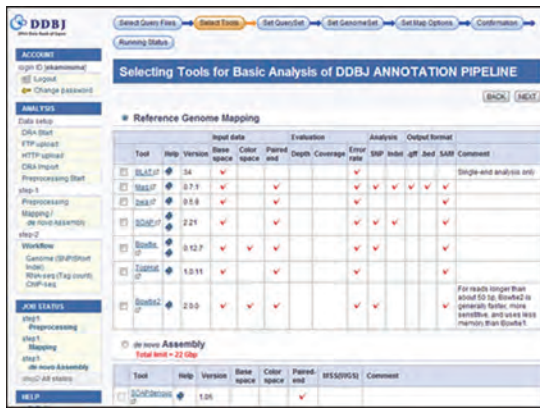
生物研究の基盤データベースとしてのDDBJ事業の推進

Promotion of DDBJ as an infrastructure database for lifescience

高速シーケンサの技術革新と共に、塩基配列のデータベースは大規模化が進んでいます。これよりデータ処理が難しくなり、配列注釈不足や特微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。特に、①次世代シーケンサ (NGS) の大量データ配列解析、②クラウド型データ解析システム構築、③ゲノム配列注釈の評価尺度研究を中心に、ゲノム配列のアノテーション・キュレーション処理の効率化を目指します。

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 annotations in DDBJ databases. We have been constructing an automatic analytical system "DDBJ Read Annotation Pipeline" in NIG supercomputers, and "TogoAnnotation" system as the integrated support tool for manual curations. Structural and functional annotations by automatic and manual processing are evaluated by using proposed statistical methods.

(1) DDBJ Pipeline <http://p.ddbj.nig.ac.jp/>



(2) TogoAnnotation <http://togo.annotation.jp/>



(3) DNAPod <http://tga.nig.ac.jp/dnapod/>

DNA accession	accession	taxonomy group	type	pos	ref	coverage	depth	SNP	hom	SNP	hom	SNP	hom	SNP	hom
SR000026	Oryza sativa	Terraeform japonica	Landrace	Fangyuhendao	HF13	30.9	1.8	20,626	20,592	236	1.13				
SR000028	Oryza sativa	Terraeform japonica	Landrace	Qiangmichuan	HF14	17.8	1.8	56,449	56,299	1,510	2.87				
SR000029	Oryza sativa	Terraeform japonica	Landrace	Changmudong-1	HF15	42.4	1.8	28,861	28,765	988	2.43				
SR000030	Oryza sativa	Terraeform japonica	Landrace	Hanbei-3-1	HF16	36.7	1.8	38,210	37,928	282	1.81				
SR000032	Oryza sativa	Terraeform japonica	Landrace	Muzengao-3	HF17	42.7	1.7	28,432	28,267	539	2.53				
SR000034	Oryza sativa	India	Landrace	Sherman	HF18	33.8	1.6	163,841	163,643	2,232	1.36				
SR000035	Oryza sativa	India	Landrace	Nagabau	HF177	34.3	1.7	181,123	178,443	2,680	1.48				
SR000038	Oryza sativa	Intermediate	Landrace	Hongyan	HF179	38.9	1.7	82,878	82,636	2,240	1.44				
SR000039	Oryza sativa	India	Landrace	Yangji	HF178	33.5	2.9	80,842	80,281	531	2.73				
SR000040	Oryza sativa	Terraeform japonica	Landrace	Donglingmiao	HF18	38.4	1.6	38,962	38,291	668	1.68				
SR000042	Oryza sativa	India	Landrace	Yuhui	HF180	33.8	1.7	132,016	130,627	2,388	1.38				
SR000043	Oryza sativa	India	Landrace	Bachau	HF181	36.9	1.7	211,773	208,371	3,402	1.61				
SR000044	Oryza sativa	India	Landrace	Shimoga	HF182	31	1.1	127,618	126,767	850	2.28				

(4) H2DB <http://tga.nig.ac.jp/h2db/>



図一 大量研開発のツール群: (1)NGS配列解析システム「DDBJ Read Annotation Pipeline(DDBJ Pipeline)」, (2) ソーシャル・ゲノム注釈ツール「TogoAnnotation」, (3) DNA多型注釈データベース「DNAPod」, (4) 形質遺伝率及び関連多型データベース「H2DB」

Figure - A NGS data analytical system, "DDBJ Read Annotation Pipeline(DDBJ Pipeline)", (2) A social genome annotation tool "TogoAnnotation", (3) DNA Polymorphism Annotation Database "DNAPod", (4) Trait heritability and trait-associated polymorphism database "H2DB".

大量遺伝情報研究室 Genome Informatics Laboratory

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

Publications

Cochrane, G., Karsch-Mizrachi, I., and Nakamura, Y.: On behalf of the International Nucleotide Sequence Database Collaboration. (2013). The International Nucleotide Sequence Database Collaboration. *Nucleic Acids Res 41 (Database issue)*, D21-4.

Kaminuma, E., Fujisawa, T., Tanizawa, Y., Sakamoto, N., Kurata, N., Shimizu, T., and Nakamura, Y. (2013). H2DB: A Heritability Database across Multiple Species by Annotating Trait-Associated Genomic Loci. *Nucleic Acids Res 41 (Database issue)*, D880-4.

Kodama, Y., Mashima, J., Kaminuma, E., Gojbori, 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. *Nucleic Acids Research:40(Database issue)*: D38-42.

並列分散処理技術のゲノム情報処理への適用研究

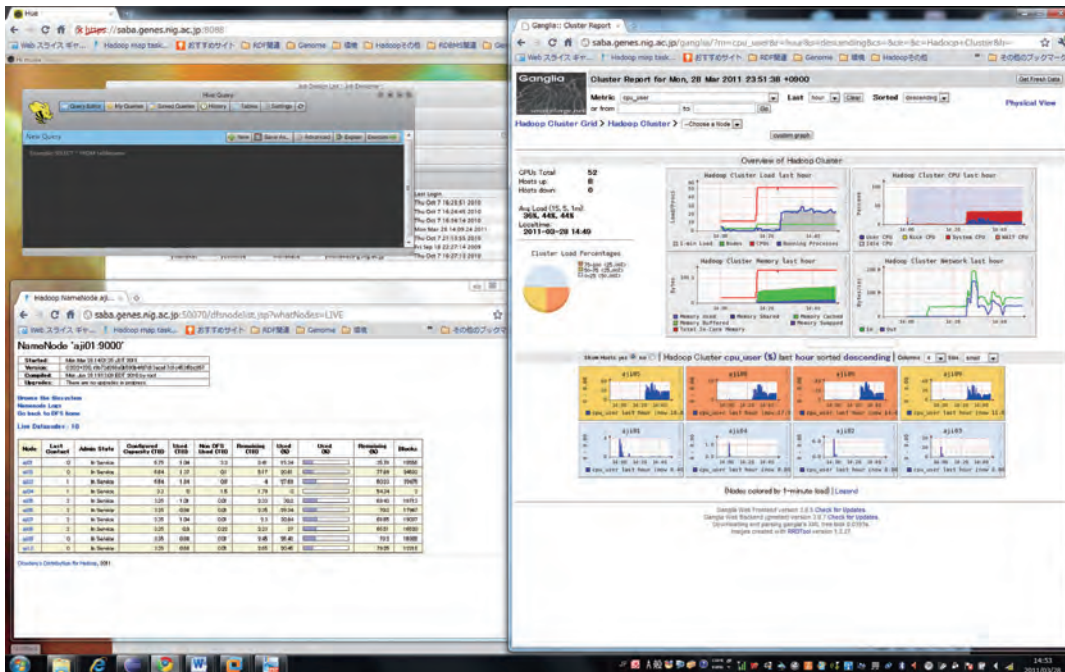
Application study of parallel-distributed computing technology to genome data processing

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。

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

- 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Key-ValueStore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。

- 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.



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

Publications

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.

Ogasawara, O., Mashima, J., Kodama, Y., Kaminuma, E., Nakamura, Y., Okubo, K., and Takagi, T. (2013). DDBJ new system and service refactoring. *Nucl. Acids Res.* 41(D1): D25-D29.

データベース運用開発研究室 Laboratory for Research and Development of Biological Databases

高木研究室 Takagi Group

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



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

ゲノムワイドな測定からの知識発見

Knowledge discovery through genome-wide measurements

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。

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.



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/>

遺伝子発現解析研究室 Laboratory for Gene-Expression Analysis

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

Publications

Ogasawara, O., Mashima, J., Kodama, Y., Kaminuma, E., Nakamura, Y., Okubo, K., and Takagi, T. (2013). DDBJ new system and service refactoring. Nucleic Acids Res. 41(Database issue):D25-29.

Kodama, Y., Mashima, J., Kaminuma, E., Gojohori, 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. Nucleic Acids Res. 40(Database issue):D38-42.

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

大規模比較ゲノム研究による生命の多様性と特異性の理解

Comparative genomics through ultra-large scale sequencing

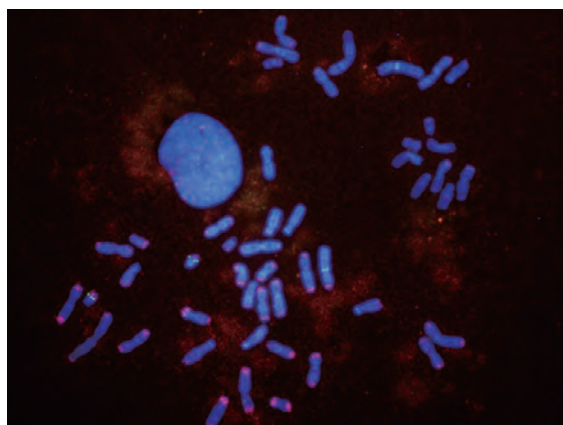
当研究室では、ヒトを含む霊長類から、生命研究上の重要生物種や極地などの極限環境に棲息する生物まで、ゲノム構造多様性の徹底的な解読を通じて生命現象の原理原則を理解することを目標に研究活動を行っています。

当研究室は、先端ゲノミクス推進センターと協力して超並列新型シーケンサとインフォマティクスをコアとする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

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.



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

Publications

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

Huang, X., Kurata, N., Wei, X., Wang, Z.X., Wang, A., Zhao, Q., Zhao, Y., Liu, K., Lu, H., Li, W., Guo, Y., Lu, Y., Zhou, C., Fan, D., Weng, Q., Zhu, C., Huang, T., Zhang, L., Wang, Y., Feng, L., Furuumi, H., Kubo, T., Miyabayashi, T., Yuan, X., Xu, Q., Dong, G., Zhan, Q., Li, C., Fujiyama, A., Toyoda, A., Lu, T., Feng, Q., Qian, Q., Li, J., and Han, B. (2012). A map of rice genome variation reveals the origin of cultivated rice. *Nature* 490, 497-501.

Hamaji, T., Smith, D.R., Noguchi, H., Toyoda, A., Suzuki, M., Kawai-Toyooka, H., Fujiyama, A., Nishii, I., Marriage, T., Olson, Bradley J. S. C., and Nozaki, H. (2013). Mitochondrial and Plastid Genomes of the Colonial Green Alga *Gonium pectorale* Give Insights into the Origins of Organelle DNA Architecture within the Volvocales. *PLoS One.*, in press.

比較ゲノム解析研究室 Comparative Genomics Laboratory

藤山研究室 Fujiyama Group

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

植物の生殖細胞発生過程の分子細胞遺伝学

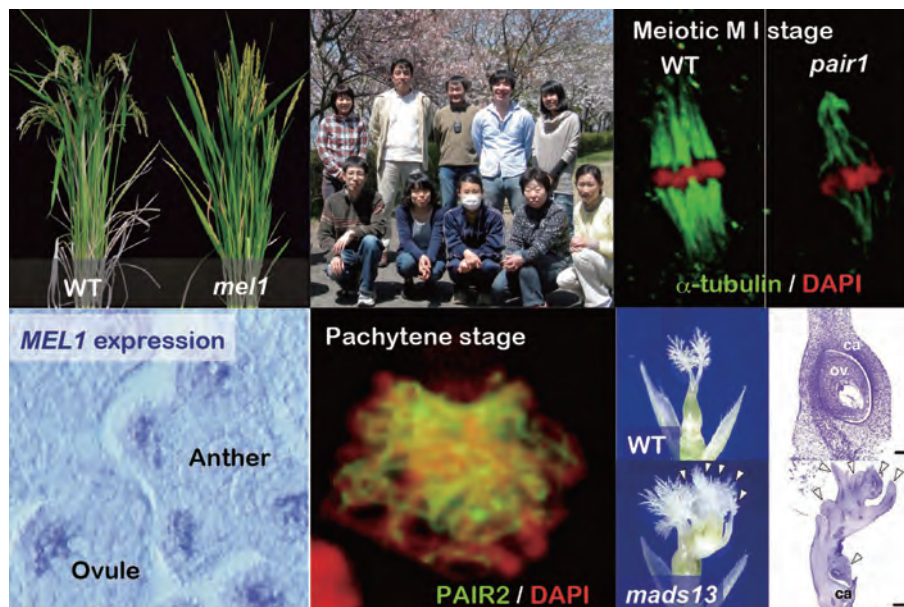
Molecular cytogenetics of plant germ-cell development

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。被子植物の減数分裂細胞は、花の各器官の形成が完了した直後に、雄蕊および雌蕊の原基内部で分化する生殖始原細胞が数回の体細胞分裂を経ることで形成されます。私たちは主にイネの突然変異体を用いて、植物の生殖細胞がどのように分化し、維持されて減数分裂に至るのかについて、細胞レベルの観察や分子レベルの解析など幅広い手法を駆使して研究しています。

- 種子不稔を生じる突然変異の原因遺伝子の同定と機能解析
- 生殖細胞発生・減数分裂の進行に寄与する small RNA 経路の機能解析
- 体細胞分裂から減数分裂への移行を制御するメカニズムの解析
- 野生イネ系統の保存・提供と、遺伝学的・進化学的な生殖研究への利用

Meiosis is a central event of genetic inheritance, since it generates a new gene combination different from that of parents by homologous recombination. Meicytes of angiosperm species are produced by several rounds of mitotic division of primordial germ cells, which differentiate at hypodermis of anther (male) and pistil (female) primordia. How do plants differentiate and maintain germ cells subsequent to floral development, and how do they achieve meiosis? We aim to settle these questions by means of various techniques from cytological observation to molecular level analyses, mainly using rice mutants.

- Analyses of causal genes for seed-sterile mutation
- Analyses of small RNA pathways promoting germ-cell development and meiosis
- Studies on the mechanisms controlling transition from mitosis to meiosis
- *Ex situ* conservation and distribution of wild rice accessions, and the use of them for genetic and evolutionary researches on reproductive events



図一 種子不稔を生じるイネ突然変異体を用いて、植物生殖細胞の初期発生および減数分裂を促進する遺伝的メカニズムの解析を行っています。

Figure - We have performed functional analyses of genetic mechanisms promoting early germ-cell development and meiosis in plants, using seed-sterile mutants of rice.

実験圃場 Experimental Farm

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

Publications

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.

Nonomura, K.I., Morohoshi, A., Nakano, M., Eiguchi, M., Miyao, A., Hirochika, H., and 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.

研究成果の社会発信と成果を活かす方策を検討・実行

Communicate research findings at NIG with the outer world

● 知的財産室

研究成果を知財マネジメントの観点で取り扱い、また取り扱いに関する方策を検討・実行しています。特許の管理、活用、MTAおよびライセンスを実施しています。さらに、研究成果有体物や生物遺伝資源としての取り扱いを行うとともに、それらの適正な取り扱い方法についての相談対応を行っています。

● 広報室

広報室では研究所の研究成果をできるだけわかりやすい形で社会や研究者コミュニティに発信しています。具体的には、研究所ホームページでの研究成果発信のためのコンテンツ作成、要覧などの広報資料作成、公開講座などの広報イベントを開催しています。

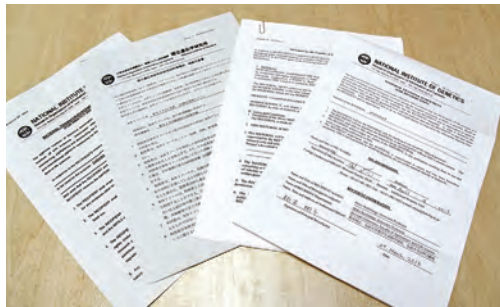
● Intellectual property Unit

Intellectual Property Unit manages the intangible and tangible products resulted from research activities of NIG scientists, including management of patent, licensing and MTA from the viewpoint of effective utilization of basic life sciences for innovation. Furthermore, we provide consultation for appropriate access and benefit sharing for genetic resources.

● Public relationship Unit

Public Relationship Unit is actively engaged in publicizing the research results of NIG through our website contents, press releases, brochures, annual reports, open symposiums and public events to enhance scientific communication with citizen and society.

知的財産 IP	件数 QUANTITY
特許登録 (国内) Patent registration (domestic)	2
特許登録 (海外) Patent registration (Foreign country)	3
ライセンス契約 Licensing	2
MTA Material Transfer Agreement	1,145



Invited Lecture

<招待講演>

AUTM Asia 2013 Kyoto, Need for Lowering of International Barrier to Material Transfer (2013.03)

徳島大学ABSセミナー 名古屋議定書と国内措置検討経過の報告 (2013.03)

日本知財学会10周年記念事業 特別シンポジウム 学術研究におけるABSの課題-二つの誤解と二つの心配-(東京2013.02)

知的財産室 / 広報室 Intellectual Property Unit / Public Relationship Unit

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



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

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) takes 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.

遺伝研のマウス系統

NIG Mouse Genetic Resources
www.shigen.nig.ac.jp/mouse/nig/



遺伝研のヒドラ系統

Hydra Genetic Resources
www.nig.ac.jp/labs/OntoGen/keitou.html



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

Zebrafish Gene trap & enhancer trap DB
kawakami.lab.nig.ac.jp/



マウス系統間 SNP 情報

NIG Mouse Genome Database
molossinus.lab.nig.ac.jp/msmdb/



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

National BioResource Project HP
www.nbrp.jp



イネ総合データベース

Integrated Rice Science Database
www.shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabaseV4/



日本のマウス系統

Japan Mouse/Rat Strain Resources Database
www.shigen.nig.ac.jp/mouse/jmsr/



遺伝研のショウジョウバエ系統

NIG Fly Stocks
www.shigen.nig.ac.jp/fly/nigfly/



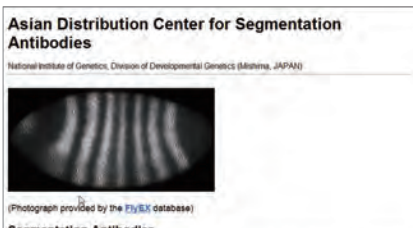
遺伝研の大腸菌リソース

NBRP E.coli Strain
www.shigen.nig.ac.jp/ecoli/strain/



ショウジョウバエ・体節形成蛋白質抗体

Asian Distribution Center for Segmentation Antibodies
www.nig.ac.jp/labs/DevGen/segmentation/



遺伝研の野生イネ系統データベース

NIG Wild Species of Rice; Strain Database
www.shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabaseV4/strain/wildCore/



ナショナルバイオリソースプロジェクト

National BioResource Project (NBRP)

□ 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研究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



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



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



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

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塩基配列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ENA/EBIおよび米国のNCBI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『INSID 国際塩基配列データベース』がつけられます。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データ研究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ノテーターを中心に行われています。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INSID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B)。DDBJへ登録する研究者は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C)。

2007年には文部科学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(パネルD)。

DDBJ (DNA Data Bank of Japan) was established in 1987 and joined international data exchange and archiving scheme between NCBI and ENA/EBI. This tripartite collaboration is called INSIDC (International Nucleotide Sequence Database Collaboration).

DDBJ, as well as NCBI and EBI, is serving as one of three data inlet and outlet to the "INSID".

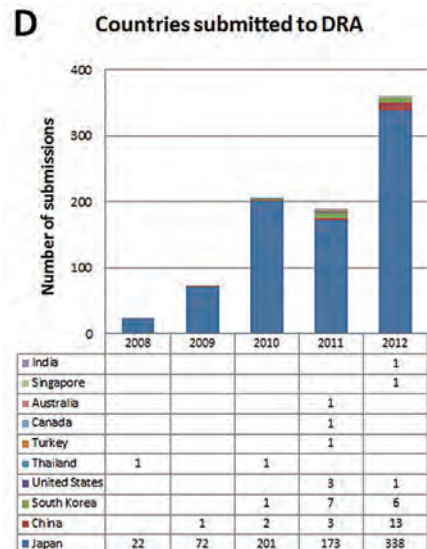
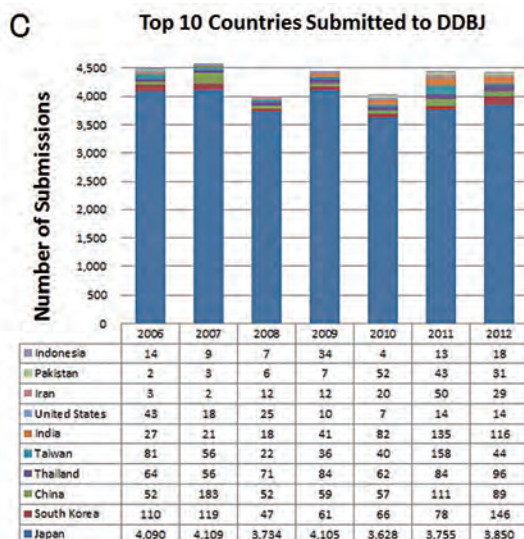
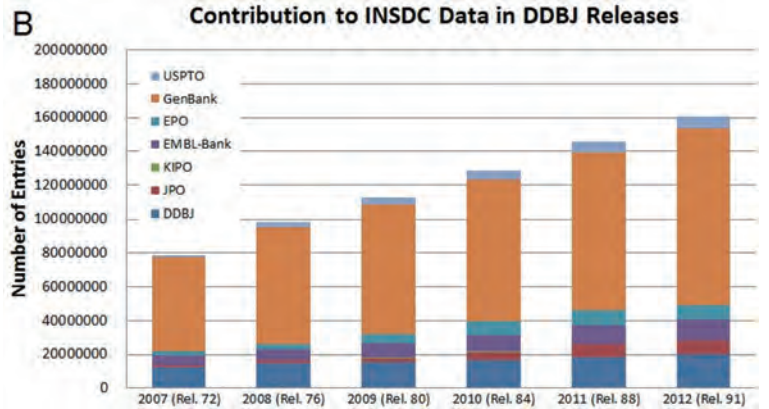
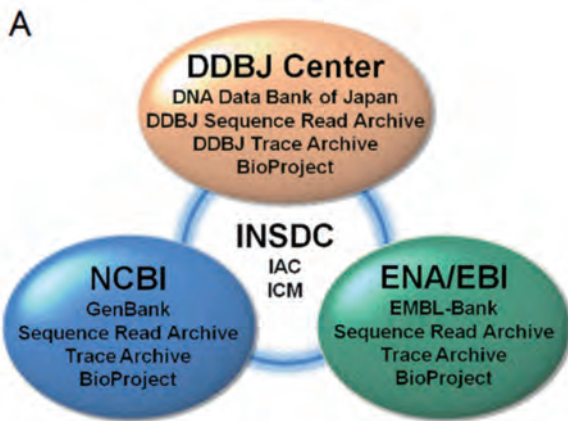
DDBJ is reviewed and advised by its own advisory board and also by international advisory board to INSIDC (panel A).

Daily operation of DDBJ is performed by 10 bio-annotators and 10 system engineers under staffs' supervision.

Every year, sequence data are submitted to DDBJ by almost constant number of groups, 3,000~4000, for the last 10 years. It always consists about 10% of INSID records.

Since 1993, sequences related to patent claims are also submitted to DDBJ by Japan Patent Office because INSID is used as a framework of sequence data exchange among JPO, USPTO and EPO. Recently, KIPO started to join this data sharing though DDBJ with help of Korean Bioinformatics Institute. Researchers who use DDBJ to add their data in INSID have been mostly Japanese (>90% of Japanese submit the data to DDBJ), but recently researchers in neighboring 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.



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, supercomputing 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.

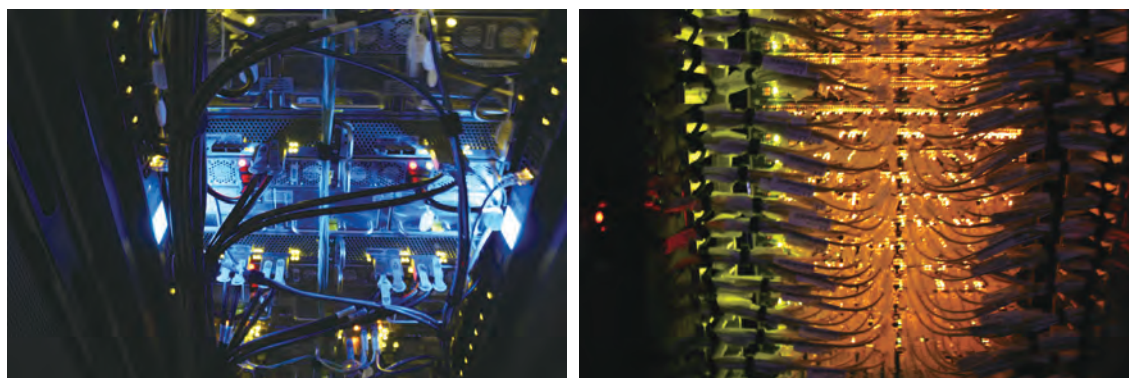
This supercomputing system is available to any researchers belonging to research organizations in Japan. So this system is expected to play an important role in the development of life sciences in Japan.

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

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



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)

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シーケンス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。

2011年10月に設立された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ゲノム解読の要請に対し、最新のゲノム解析技術を基盤とした先端的ゲノム科学研究の共同利用・共同研究拠点として活動を進めています。

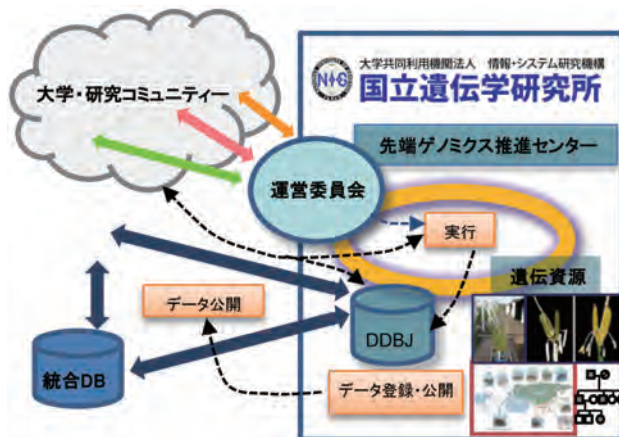
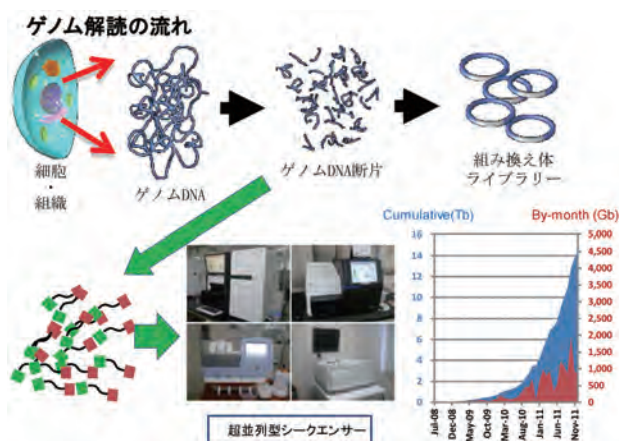
NIG Advanced Genomics Center was established October 1st., 2011, with the aim to combine the latest genomics technology, i.e., next generation sequencing, for example, and the genetic resources, that have been collected and constructed throughout the history of this institute, to create resources for 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

□ 先端ゲノミクス推進センターの活動

- 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

□ 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。

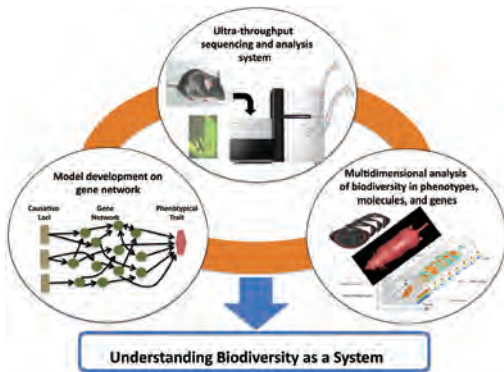


「遺伝機能システム学」プロジェクト

Systems Biology of Genetic Function

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

Systems biology is a data-centric inter-disciplinary 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.



図一 多元的表現型と遺伝因子群のネットワーク解析システムの構築

Figure - Development of analytical systems for revealing functional genetics network.

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、政策研究大学院大学、新潟大学、京都工業繊維大学、愛知工科大学、大阪府立大学

遺伝研で研究しているメンバー

- 博士研究員 木曾 彩子 ● 特任研究員 堀内 陽子
- 商 維昊 松崎 肖子
- 辰本 将司 望月 孝子
- 春島 嘉章
- 後藤 達彦
- 程 朝陽
- 和田 浩則

Members at NIG

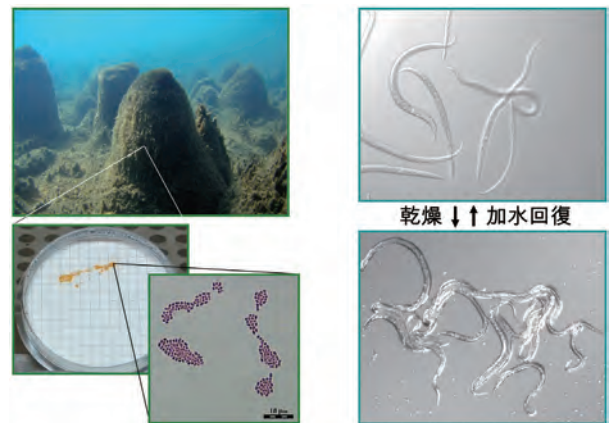
- Postdoc KISO, Ayako
- SHAHNG, Wei-Hao
- TATSUMOTO, Shoji
- HARUSHIMA, Yoshiaki
- GOTO, Tatsuhiko
- CHEN, Chaoyan
- WADA, Hironori
- Project Researcher HORIUCHI, Yoko
- MATSUZAKI, Ayuko
- MOCHIZUKI, Takako

「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)

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。

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.



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 *Plectus murrayi*

Figure - [Left] Bacteria *Pseudomonas* sp. isolated from "Moss Pillar", ecosystem on bottom of an Antarctic lake. [Right] Desiccation tolerant Antarctic nematode *Plectus murrayi*.

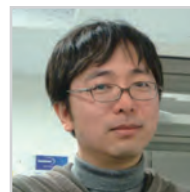
参加研究機関：国立極地研究所、国立遺伝学研究所、統計数理研究所、国立情報学研究所、北海道大学、筑波大学、千葉大学、東京工業大学、玉川大学、長浜バイオ大学、京都大学、京都府立大学、広島大学、海洋研究開発機構、東京大学、理化学研究所、新潟大学

遺伝研で研究しているメンバー

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

Members at NIG

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



柳原克彦 特任准教授
YANAGIHARA, Katsuhiko
Project Associate Professor



馬場知哉 特任准教授
BABA, Tomoya
Project Associate Professor

研究を促進するための活動と行事

Activities and Events for Research Promotion

研究を促進するための活動 Activities for Research Promotion

□ 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GRESS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。

□ バイオロ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。



内部交流セミナー
NIG colloquium

□ NIG Colloquium

Seminars are held by researchers every Friday to present their research activities. They are not only by faculty members but also by fifth year students as a part of their D5 Progress Report.

□ Biological Symposium

Biological Symposia are presented featuring distinguished speakers from varied areas of biological sciences worldwide.



バイオロジカルシンポジウム Sir John Sulston 講演
Biological Symposium Presented by Sir John Sulston

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、研究所の一部を一般に公開しています。



一般公開 2013年4月6日

□ Open House

As one of the events for "Science and Technology Week", NIG opens to the public in early April every year. Visitors enjoy our exhibits at each lab and special lectures as well as viewing varied types of cherry blossoms in the institute campus.



Open House on April 6, 2013

□ 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 a year NIG presents a Public Lecture by faculty members in the Tokyo area.

国立遺伝学研究所 2012年度の公開講演会

- 開催日/2012年11月3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
知っていますか?細胞の「中心体」 北川大樹 特任准教授
新しい種はどのように誕生するか〜トゲウオの例〜 北野潤 特任准教授
たくさんのゲノム情報をみんなで共有するために 中村保一 教授



公開講演会 北川特任准教授講演
Public Lecture Presented by Dr. Kitagawa Daiju

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。2009年、創立60周年にあたり、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「遺伝学電子博物館」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、少しだけ中身を紹介しましょう。



□ 遺伝学の歴史 …… メンデルから現代まで

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。

□ 進化と遺伝 …… 生きものはどこから来たか

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。

□ 分子遺伝学 …… DNAの視点から生命を考える

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。

□ 生物種の遺伝学 …… いろんな生物のゲノム研究

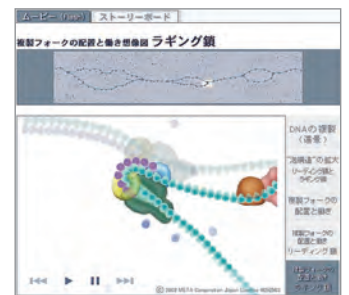
ゲノムプロジェクトにより、生命現象の基本プログラムの詳細な姿を明らかにするための基礎となる「情報」が日々蓄積されています。それらは、ゲノムの構造と密接に関連した生物情報知識ベースとしてコンピュータ化され、バイオサイエンス研究の基盤情報として広く使われているのです。

□ マルチメディア資料館 生物・ザ・ムービー …… ムービーで見る分子の世界

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。

□ クイズ遺伝学 ゲノムアニメ劇場 电脑紙芝居 …… 楽しく遺伝学を知ろう！

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



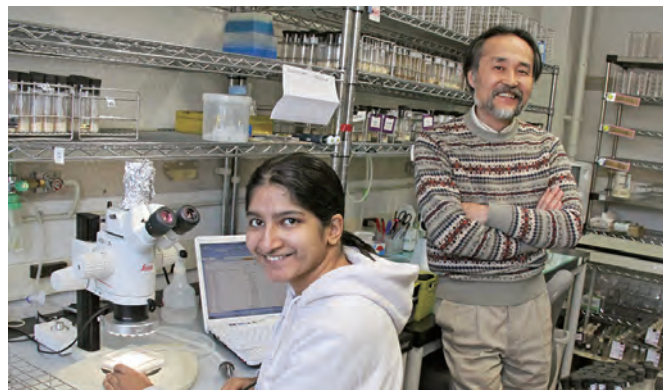
生物・ザ・ムービー

国際交流

International Activities

□ 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。2012年は、インドの IISER (Indian Institute of Science Education and Research) Pune との共同研究プロジェクト実施のため、同研究所より大学院生が2カ月間遺伝研に滞在しました。Ratnaparkhi 研の大学院生 BHAGYASHREE KADUSKAR さんは「無脊椎動物遺伝研究室 上田研究室」において『Enhancer-suppressor screen for MADF-BESS domain protein CG9437 (MADF-BESS ドメインを持つ CG9437 蛋白質の遺伝学的相互作用スクリーニング)』についての研究を行いました。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 BHAGYASHREE KADUSKAR 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 worldwide, NIG has been sponsoring collaboration projects and international symposia. We continued an ongoing collaboration program with IISER (Indian Institute of Science Education and Research) Pune, by inviting a graduate student from Dr. Ratnaparkhi's lab for a 2-months collaboration project. PhD student BHAGYASHREE KADUSKAR worked in the Ueda Lab (Invertebrate Genetics Laboratory), under the project title "Enhancer-suppressor screen for MADF-BESS domain protein CG9437".
<http://www.nig.ac.jp/english/topics/1032/1197.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。2012年度は、国際シンポジウム2012「The 8th 3R Symposium」を開催しました。

- 会期：2012年11月25日(日)～同28日(水)
- 場所：兵庫県立 淡路夢舞台国際会議場

□ NIG International Symposium

In order to contribute to advancing the frontiers of genetics, NIG has been organizing and sponsoring international symposium and promoting academic interactions among researchers from diverse backgrounds and disciplines. This year, we supported an international symposium titled "The 8th 3R Symposium", held in Hyogo, Japan.

- Dates: November 25 (Sun.) - 28 (Wed.), 2012
- Venue: Awaji Yumebutai International Conference Center, Japan

3R Replication, Recombination and Repair

NIG National Institute of Genetics

Home Meeting Information Speakers Program Registration & Abstracts Venue Contact

The 8th 3R Symposium

Together with
National Institute of Genetics "2012 International Symposium"

"Molecular Mechanisms and Pathology of the 3R"

25-28 November, 2012
Awaji Yumebutai International Conference Center, Japan

Thank you for coming to the 3R Symposium 2012.
The next 3R Symposium will be held in Götterbe (Makoto), Nov. 17th-21st, 2014.
See you again!
<http://www.gotterbeinternational.jp/index.html>

About the 3R (Replication, recombination and repair) meeting of 2012

We cordially announce the 8th 3R Symposium (International Symposium on DNA Replication, Recombination and Repair), which will be held at the Awaji Yumebutai International Conference Center, Japan, which is located in Awaji Island, full of beautiful nature and Japanese mythological history. The 4-day meeting will begin in the afternoon on November 25th (Sun.), 2012, and conclude around the noon on November 28th (Wed.), 2012.

The 3R Symposium was founded in 1997 and has been held almost every other year. This 8th 3R Symposium will be held together with the "2012 International Symposium" of the National Institute of Genetics. The topics in this 8th 3R Symposium will include:

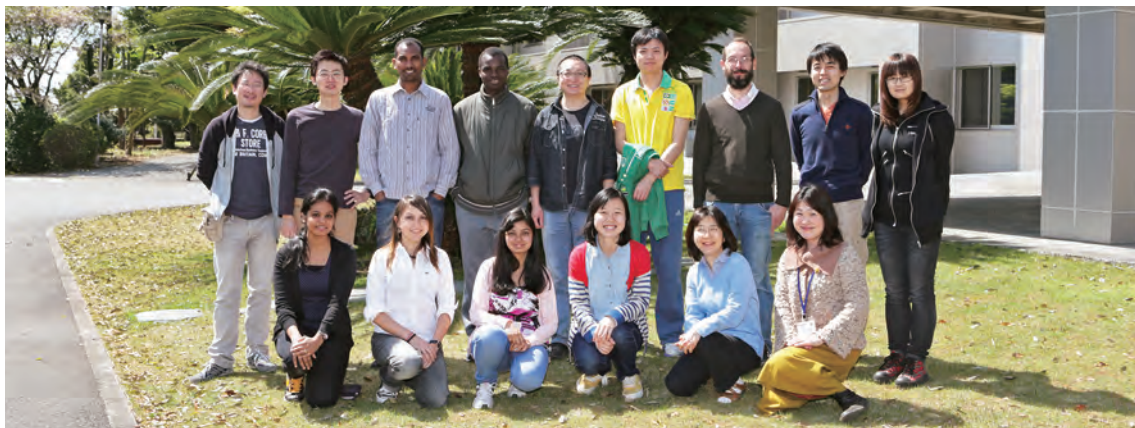
- Molecular mechanisms of 3R
- Genome instability and mutagenesis
- Chromosome dynamics and functions
- Cell cycle and checkpoints
- Interplay with transcription and epigenetic regulation
- 3R and human diseases

The official language in this Symposium is English. As well as lectures by international invited speakers, all participants (especially young researchers and students) are encouraged to present his/her own posters. From the submitted abstracts, selected poster presenters will be invited to short oral presentation.

Page Top

□ 外国人研究者に対するサポート

□ Support for International Researchers



遺伝研の国際的な研究環境を整備・発展させるために、国際化推進委員会が様々な活動を行っています。外国人研究者・留学生が言葉の壁を感じることなく研究に専念できるよう、国際化推進グループ(GIP)が来日前のビザ申請から、来日後の事務手続き、住居探しや三島エリアの生活情報の提供に至るまで、幅広いサポートを提供しています。日本語の無料レッスンも行っています。

NIG is committed to support international researchers so that they can dedicate themselves to research in a stimulating but yet unfamiliar environment. New international NIG members will receive assistance from the Group for Internationalization Promotion (GIP) with their initial move to Japan – and throughout their stay at NIG / SOKENDAI. The support offered by GIP includes help in visa applications, administrative procedures upon relocation/employment, flat hunting and medical care. GIP will also provide useful information of the area to enrich your academic and personal life in Mishima. Free Japanese lessons are offered to those who wish to learn Japanese language. For more details, visit GIP web page: <http://www.nig.ac.jp/jimu/token/GIP/index.html>



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

GIP Help Desk Coordinator (General Affairs /Education Team):
MIURA, Chikako cmiura@nig.ac.jp

Chair of Internationalization Promotion Committee:
Professor AKASHI, Hiroshi 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
遺伝研博士研究員 NIG Postdoc JINAM, Timothy Joseph 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	
博士研究員 Postdoc 王 子軒 WANG, Zi-Xuan	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 Oryza.		植物遺伝研究室 Plant Genetics Laboratory	
博士研究員 Postdoc 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 Oryza.		植物遺伝研究室 Plant Genetics Laboratory	
博士研究員 Postdoc 李 慶範 LEE, KyungBum	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.		DDBJセンター DDBJ Center	
博士研究員 Postdoc 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 Project Researcher GURUMURTHY, Aishwarya	遺伝子発現プロファイル解析および制御検索による疾患病態の解明 Gene expression profile and regulation for understanding disease pathophysiology.		人類遺伝研究部門 Division of Human Genetics	
遺伝研博士研究員 NIG Postdoc 周 智 ZHOU, Zhi	マウス雄性生殖細胞特異的因子Nanos2の標的RNAの同定と機能解析 Identification of target genes of Nanos 2 in germ cell.		発生工学研究室 Mammalian Development Laboratory	
博士研究員 Postdoc 吴 泉 WU, Quan	マウス生殖細胞の性分化決定機構の解析 Study on the mechanism of sex determination of murine germ cells.		発生工学研究室 Mammalian Development Laboratory	
博士研究員 Postdoc 劉 華 LIU, Hua	イネの生殖細胞発生に関わるRNA結合蛋白質の解析 Analysis of RNA-binding proteins promoting germ-cell development in rice.		実験農場 Experimental Farm	
博士研究員 Postdoc KRYUKOV, Kirill	ゲノム進化研究に有用なソフトウェアの開発 Development of softwares useful for studies of genome evolution.		集団遺伝研究部門 Division of Population Genetics	
博士研究員 Postdoc 付 煜 FU, Yu	植物転移因子の転移と活性化の機構解析 Study on transposition and trans-activation of a Mutator-like transposable element in <i>Arabidopsis thaliana</i> .		育種遺伝研究部門 Division of Agricultural 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,
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。

□ 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.

□ 充実した教育

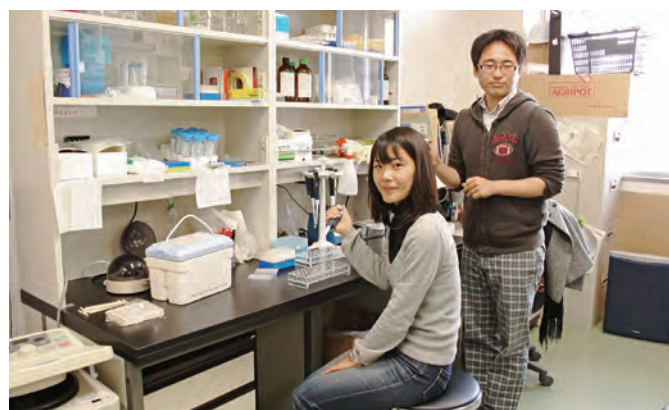
遺伝研では、教授も准教授もそれぞれ独立の研究室を組織して研究を行っています。各研究室の構成員は10人前後と小規模ですので、教員と頻繁な密度の濃い議論が可能です。博士課程の大学院生1人あたりの教員数は2.08人であり、大学院大学ならではの非常に恵まれた研究教育環境であるといえます。教員1人あたりの学生数、学生1人の教育にかかる経費などを総合した「教育の偏差値」は、全国の国立大学のなかでトップに位置しています。

□ 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 2.08faculty/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!

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。分子細胞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。

□ 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

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「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。

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90回以上も開かれ、活発な議論が行われています。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することができます。



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 question and answer session with active 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.



□ 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れません。

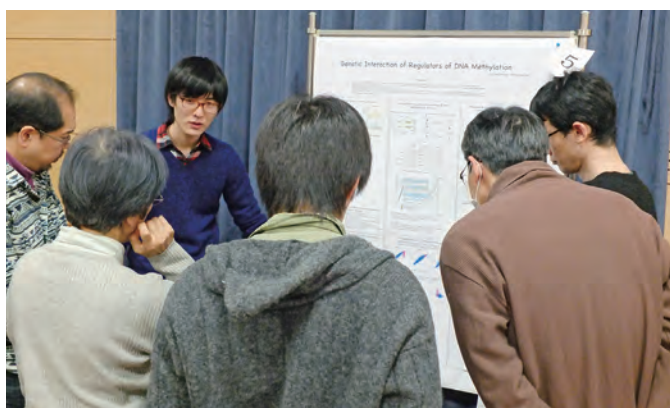
これらの制度が、研究が行き詰まったときの助けになるのはもちろんですが、様々な分野の研究者の意見を聞く機会をもつことで、研究者としての視野を広げるのに役立っています。また、英語論文を書くための準備やプレゼンテーションの訓練という意味でも経験を積むことができます。

□ 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.

□ 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、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。



□ 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. NIG also hosts 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.



□ 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 Various aids to students

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。

□ 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。最近の実績では、希望者全員が奨学金給付を認められています。入学料、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。

□ 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/sciwr/>
Scientific presentation : <http://www.nig.ac.jp/jimu/soken/courses/EfS/>

□ 就職支援活動

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

□ 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。

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

□ 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.

□ Courses on scientific writing and presentation

Scientist 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:

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



□ 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.

□ 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.

□ 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.



□ 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@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@nig.ac.jp).



□ 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。下の表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



The temporal sequence of the mammalian neocortical neurogenetic program drives mediolateral pattern in the chick pallium.

Suzuki, K.I., Kawasaki T., Gojobori, T., and Hirata, T.
Developmental Cell 22, 863-870 (2012)

鈴木郁夫 (2010.3 卒業)

遺伝研・総研大では、所内の人から意見をもらえる機会が多かった事、そして本当に自由に研究させてもらえた事に感謝しています。

Ikuo Suzuki (Graduated in March 2010)

I enjoyed my research in a multidisciplinary atmosphere thanks to a lot of encouraging discussions with our colleagues in NIG/SOKENDAI.



Localized accumulation of tubulin during semi-open mitosis in the *Caenorhabditis elegans* embryo.

Hayashi, H., Kimura, K., and Kimura, A.
Mol. Biol. Cell 23, 1688-1699 (2012)

林 華子 (2011.3 卒業)

生きている細胞の構造は一度作り上がっても、すぐに作り変えられる。それがいきものらしさの一つの特徴だと考えています。その仕組みの分子機構を知ろうと、今は細胞内の構造形成に重要な細胞骨格に注目して研究を進めています。

Hanako Hayashi (Graduated in March 2011)

The character of cell appears to be unique aspect for our organism. In living cells, cellular structure can build up and reshape with a rapid turnover. To know this molecular mechanism, I'm focusing on regulation in dynamics of a essential factor, cytoskeletal actin structure.



Local nucleosome dynamics facilitate chromatin accessibility in living mammalian cells.

Hihara, S., Pack, C.G., Kaizu, K., Tani, T., Hanafusa, T., Nozaki, T., Takemoto, S., Yoshimi, T., Yokota, H., Imamoto, N., Sako, Y., Kinjo, M., Takahashi, K., Nagai, T., and Maeshima, K.
Cell Reports 2, 1645-1656 (2012)

日原さえら (2012.9 卒業)

レベルの高い環境で、研究に熱く真剣になれる自分を感じることができました。

Saera Hihara (Graduated in September 2012)

Thanks to the high-level environment of NIG, I could find myself in devoting to my research passionately and sincerely.

遺伝研で研究しよう Varied program to host researchers

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. In addition to institutionally-founded postdoc positions (NIG postdoctoral fellow; <http://www.nig.ac.jp/english/about/recruit.html>), 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 Management

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.

小川智子 OGAWA, Tomoko	岩手看護短期大学副学長 Vice-Director, Iwate College of Nursing	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
篠崎一雄 SHINOZAKI, Kazuo	独立行政法人理化学研究所環境資源科学研究センター長 Director, Center for Sustainable Resource Science, RIKEN	黒田真也 KURODA, Sinya	東京大学大学院理学系研究科教授 Professor, Graduate School of Sciences, The University of Tokyo
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	杉本亜砂子 SUGIMOTO, Asako	東北大学大学院生命科学研究所教授 Professor, Graduate School of Life Sciences, 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	松崎文雄 MATSUZAKI, Fumio	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グループディレクター Group Director, Center for Developmental Biology, RIKEN
舘田英典 TACHIDA, Hidenori	九州大学大学院理学研究院教授 Professor, Faculty of Sciences, Kyusyu University	森川耿右 MORIKAWA, Kousuke	(財) 国際高等研究所チーフリサーチフェロー Chief Research Fellow, International Institute for Advanced Studies

(所外委員)

五條堀 孝 GOJOBORI, Takashi	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	大久保公策 OKUBO, Kousaku	生命情報研究センター長 Head, Center for Information Biology
荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	副所長 Vice-Director	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji	総合遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Integrated Genetics	仁木宏典 NIKI, Hironori	放射線・アイソトープセンター長 Head, Radioisotope Center
小林武彦 KOBAYASHI, Takehiko	細胞遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Cell Genetics	広海 健 HIROMI, Yasushi	新分野創造センター長 Head, Center for Frontier Research	倉田のり KURATA, Nori	生物遺伝資源センター長 Head, Genetic Resource Center
川上浩一 KAWAKAMI, Koichi	個体遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Developmental 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

研究所に係る重要事項について、所長又は運営会議の求めに応じ助言を行う。
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	東京大学名誉教授 Emeritus Professor, The University of Tokyo	Walter J. Gehring	Emeritus Professor, Biozentrum, University of Basel
榊 佳之 SAKAKI, Yoshiyuki	豊橋技術科学大学学長 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。

Under the Director-General's supervision, the Office handles research plans, evaluation, Industry-Academia partnerships, planning and coordinating public relations as well as corresponds to Office of Strategy Planning and Coordination, ROIS.

研究企画担当 Research Planning	五條堀 孝 GOJOBORI, Takashi	新領域融合研究センター担当 Transdisciplinary Research Integration Center	仁木宏典 NIKI, Hironori
	倉田のり KURATA, Nori	評価担当 Evaluation	上田 龍 UEDA, Ryu
	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	広報・知財担当 Public Relations/Intellectual Property	鈴木睦昭 SUZUKI, Mutsuaki
	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki		

運営会議共同利用委員会 Inter-University Collaboration Committee

(委員長) Chair	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji	総合遺伝研究系教授 Professor, Department of Integrated Genetics
(所外委員) Non-NIG members	舘田英典 TACHIDA, Hidenori	九州大学大学院理学研究院教授 Professor, Faculty of Sciences, Kyusyu University
	松崎文雄 MATSUZAKI, Fumio	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グループディレクター Group Director, Center for Developmental Biology, RIKEN
(所内委員) NIG members	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji	総合遺伝研究系教授 Professor, Department of Integrated Genetics
	五條堀 孝 GOJOBORI, Takashi	生命情報研究センター教授 Professor, Center for Information Biology
	小林武彦 KOBAYASHI, Takehiko	細胞遺伝研究系教授 Professor, Department of Cell Genetics
	広海 健 HIROMI, Yasushi	個体遺伝研究系教授 Professor, Department of Developmental Genetics
	澤 斉 SAWA, Hitoshi	構造遺伝学研究センター教授 Professor, Structural Biology Center

各種個別委員会 NIG Committees

委員会名 Committee	委員長 Chair	委員会名 Committee	委員長 Chair
将来計画委員会 Future Planning	五條堀 孝 GOJOBORI, Takashi	遺伝子組換え実験安全委員会 Recombinant Experiments	上田 龍 UEDA, Ryu
予算委員会 Budget	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	動物実験委員会 Animal Experiment	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko
施設整備委員会 Facility Management	小林武彦 KOBAYASHI, Takehiko	防火・防災管理委員会 Fire & Disaster Prevention	管理部長 General Manager
共通機器委員会 Common Equipment	川上浩一 KAWAKAMI, Koichi	生物遺伝資源委員会 Genetic Resources	生物遺伝資源センター長 Head, Genetic Resource Center
電子計算機委員会 Computer	藤山秋佐夫 FUJIYAMA, Asao	マウス小委員会 Mouse Bioresource	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko
図書委員会 Library	澤 斉 SAWA, Hitoshi	イネ小委員会 Rice Bioresource	倉田のり KURATA, Nori
セミナー委員会 Seminar	野々村賢一 NONOMURA, Kenichi	大腸菌小委員会 E. Coli Bioresource	仁木宏典 NIKI, Hironori
事業委員会 NIG Projects	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji	ハラスメント防止・対策委員会 Harassment Prevention	副所長 Vice-Director
広報委員会 Publicity	仁木宏典 NIKI, Hironori	ヒトゲノム・遺伝子解析 研究倫理審査委員会 Ethics of Human Genome Research	大久保公策 OKUBO, Kousaku
知的財産委員会 Intellectual Property	前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro	安全衛生委員会 Safety & Health	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki
放射線安全委員会 RI Safety	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	利益相反委員会 Conflict of Interests	所長 Director-General
DNAデータ研究利用委員会 DNA Database Advisory	高木利久 TAKAGI, Toshihisa	遺伝学博物館委員会 Museum of Genetics	斎藤成也 SAITO, Naruya
		国際化推進委員会 Internationalization	明石 裕 AKASHI, Hiroshi
		博士研究員選考委員会 PD Selection	小林武彦 KOBAYASHI, Takehiko

DNAデータ研究利用委員会 所外委員 DNA Database Advisory (Non - NIG members)

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	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 Global Scientific Information and Computing Center
黒川 顕 KUROKAWA, Ken	東京工業大学大学院 生命理工学研究科 教授 Professor, Tokyo Institute of Technology School and Graduate School of Bioscience and Biotechnology	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
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	宮野 悟 MIYANO, Satoru	東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター教授 Professor, Human Genome Center, Institute of Medical Science, University of Tokyo
長洲毅志 NAGASU, Takeshi	エーザイ株式会社 理事・CSO 付担当部長 OFFICER, Special Associate to Chief Scientific Officer, Eisai Co., Ltd.	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
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 ユニット長 Director, Genome Resource Unit, Agrogenomics Research Center, National Institute of Agrobiological Sciences	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
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	藤田信之 FUJITA, Nobuyuki	独立行政法人製薬評価技術基盤機構バイオテクノロジーセンター 上席参事官 Director-General for Genomics and Biosafety, Biological Resource Center, National Institute of Technology and Evaluation

遺伝子組換え実験安全委員会 所外委員 Recombinant Experiments Committee (Non - NIG members)

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	小田 司 ODA, Tsukasa	日本大学法学部教授 Professor, School of Law, Nihon University
-------------------------	--	----------------------	---

動物実験委員会 所外委員 Animal Experiments Committee (Non - NIG members)

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 Genetic Resources Committee (Non - NIG members)

明石 良 AKASHI, Ryo	宮崎大学農学部畜産草地科学科教授 Professor, Department of Animal and Grassland Science, Miyazaki University	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
阿部 純 ABE, Jun	北海道大学大学院農学研究院教授 Professor, Research Faculty of Agriculture, Hokkaido University	中瀬直己 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
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	中桐 昭 NAKAGIRI, Akira	鳥取大学農学部附属菌類きのご遺伝資源研究センター長 Director, Fungus/Mushroom Resource and Research Center, Faculty of Agriculture, Tottori 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	中辻憲夫 NAKATSUJI, Norio	京都大学物質—細胞統合システム拠点長 Director General, Institute for Integrated Cell-Material Science, Kyoto University
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	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
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	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
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	那須田周平 NATSUDA, Shuhei	京都大学大学院農学研究科助教 Assistant Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University
小笠原直毅 OGASAWARA, Naotake	奈良先端科学技術大学院大学長 President, Nara Institute of Science and Technology	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
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	西尾 剛 NISHIO, Takeshi	東北大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University
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副センター長 Deputy Director, RIKEN Brain Science Institute	仁田坂英二 NITASAKA, Eiji	九州大学大学院理学研究科講師 Lecturer, Graduate School of Science, Kyushu University
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	仁藤伸昌 NITO, Nobumasa	近畿大学生物理工学部地域交流センター長 Director, Regional Exchange Center, Faculty of Biology-Oriented Science and Technology, Kinki University
加藤俊一 KATO, Shunichi	東海大学医学部教授 Professor, School of Medicine, Tokai University	伴野 豊 BANNO, Yutaka	九州大学大学院農学研究科准教授 Associate Professor, Graduate School of Agriculture, Kyushu University
金子嘉信 KANEKO, Yoshinobu	大阪大学大学院工学研究科教授 Professor, Graduate School of Engineering, Osaka University	平井啓久 HIRAI, Hirohisa	京都大学霊長類研究所長 Director, Primate Research Institute, Kyoto University
河瀬眞琴 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 Director, Genetic Resources Center, National Institute of Agrobiological Sciences	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
河地正伸 KAWACHI, Masanobu	独立行政法人国立環境研究所生物生態系環境研究センター生物資源保存研究推進室長 Head, Biodiversity Resource Conservation Section, Center for Environmental Biology and Ecosystem Studies, National Institute for Environmental Studies	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
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	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
庫本高志 KURAMOTO, Takashi	京都大学大学院医学研究科附属動物実験施設准教授 Associate Professor, Institute of Laboratory Animals, Graduate School of Medicine, Kyoto University	増井 徹 MASUI, Tohru	独立行政法人医薬基盤研究所難病・疾患資源研究部長 General Manager, Department of Disease Bioresearch, National Institute of Biomedical Innovation
小林正智 KOBAYASHI, Masatomo	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
酒泉 満 SAKAIZUMI, Mitsuru	新潟大学理学部教授 Professor, Faculty of Science, Niigata University	松浦啓一 MATSUURA, Keiichi	独立行政法人国立科学博物館名誉研究員 Honorary Fellow, National Museum of Nature and Science
佐藤和広 SATO, Kazuhiro	岡山大学資源植物科学研究科附属大麦・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	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 Biagricultural Science, Nagoya University
鈴木健一朗 SUZUKI, Kenichiro	独立行政法人製薬評価技術基盤機構バイオテクノロジーセンター参事官 Counsellor, Biological Resource Center, National Institute of Technology and Evaluation	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
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		

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	矢口貴志 YAGUCHI, Takashi	千葉大学 真菌医学研究センター バイオリソース管理室長 Associate Professor, Management Unit, Medical Mycology Research Center, Chiba University
森脇和郎 MORIWAKI, Kazuo	独立行政法人理化学研究所筑波研究所特別顧問 Special Adviser, RIKEN Tsukuba Institute	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

マウス小委員会 所外委員 Mouse Bioresource Committee (Non- NIG members)

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, Center for Developmental Biology, RIKEN Kobe Institute	松田潤一郎 MATSUDA, Junichiro	独立行政法人医基盤研究所難病・疾患資源研究部研究リーダー Head, Department of Disease Bioresources Research, National Institute of Biomedical Innovation
伊藤豊志雄 ITO, Toshio	公益財団法人実験動物中央研究所マーモセット研究部長 Director, Marmoset Research Department, 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, BioResource Center, RIKEN Tsukuba Institute
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, BioResource Center, RIKEN Tsukuba Institute	八神健一 YAGAMI, Kenichi	筑波大学医学医療系教授 Professor, Faculty of Medicine, University of Tsukuba
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, Kumamoto University
木南 凌 KOMINAMI, Ryo	新潟大学大学院医歯学総合研究科客員研究員 Visiting Researcher, 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実験動物開発室長 General Manager, Experimental Animal Division, BioResource Center, RIKEN Tsukuba Institute
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 研究員 Researcher, Institute of Laboratory Animals, Graduate School of Medicine, Kyoto University		

イネ小委員会 所外委員 Rice Bioresource Committee (Non- NIG members)

芦荊基行 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	熊丸敏博 KUMAMARU, Toshihiro	九州大学大学院農学研究院附属遺伝子資源開発研究センター准教授 Associate Professor, Institute of Genetic Resources, Faculty of Agriculture, Kyushu 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	土井一行 Doi, Kazuyuki	名古屋大学大学院生命農学研究科准教授 Associate Professor, Graduate School of Bioagricultural Sciences, School of Agricultural Sciences, Nagoya University
江花薫子 EBANA, Kaworu	独立行政法人農業生物資源研究所遺伝資源センター主任研究員 Chief Researcher, Genetic Resources Center, National Institute of Agrobiological Sciences	長村吉晃 NAGAMURA, Yoshiaki	独立行政法人農業生物資源研究所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
奥野眞敏 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	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
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	安井 秀 YASUI, Hideshi	九州大学大学院農学研究院准教授 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu 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	横井修司 YOKOI, Shuji	岩手大学農学部准教授 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Iwate 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	吉村 淳 YOSHIMURA, Atsushi	九州大学大学院農学研究院教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyushu University

大腸菌小委員会 所外委員 E. Coli Bioresource Committee (Non- NIG members)

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	佐藤 勉 SATO, Tsutomu	法政大学生命科学部教授 Professor, Faculty of Bioscience and Applied Chemistry, Hosei 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	関根靖彦 SEKINE, Yasuhiko	立教大学理学部教授 Professor, College of Science, Rikkyo University
板谷光泰 ITAYA, Mitsuhiro	慶應義塾大学先端生命科学研究所教授 Professor, Institute for Advanced Biosciences, Keio University	田中 寛 TANAKA, Kan	東京工業大学大学院総合理工学研究科教授 Professor, Interdisciplinary Graduate School of Science and Engineering, Tokyo Institute of Technology
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	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, Division of Health Science, Graduate School of Medicine, Osaka University
内海龍太郎 UTSUMI, Ryutarō	近畿大学農学部教授 Professor, Faculty of Agriculture, Kinki 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長 President, Graduate School of Information Science, Nara Institute of Science and Technology	矢口貴志 YAGUCHI, Takashi	千葉大学真菌医学研究センターバイオリソース管理室長 Unit Leader, Management unit, Medical Mycology Research Center, Chiba University
小倉光雄 OGURA, Mitsuo	東海大学海洋研究所専任教授 Professor, School of Marine and Technology, Tokai University	吉川博文 YOSHIKAWA, Hirofumi	東京農業大学応用生命科学部教授 Professor, Faculty of Applied Bio-Science, Tokyo University of Agriculture
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	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
川岸郁朗 KAWAGISHI, Ikuro	法政大学生命科学部教授 Professor, Faculty of Bioscience and Applied Chemistry, Hosei University		

ヒトゲノム・遺伝子解析研究倫理審査委員会 所外委員 Ethics of Human Genome Research Committee (Non- NIG members)

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	静岡大学非常勤講師 Part-time Lecturer, 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	公益財団法人佐野美術館館長 Curator, Sano Art Museum

利益相反委員会 所外委員 Conflict of Interests Committee (Non-NIG members)

瀬戸 篤 SETO, Atsushi	小樽商科大学ビジネススクール教授 Professor, Otaru University of Commerce
-----------------------	---

研究教育職員・研究員・学生

Research Staff & Students

所長	桂 勲	Director-General	KATSURA, Isao
副所長	五條堀 孝	Vice-Director	GOJOBORI, Takashi
副所長	荒木弘之	Vice-Director	ARAKI, Hiroyuki

分子遺伝研究系 Department of Molecular Genetics

研究主幹(兼)	深川竜郎	Head	FUKAGAWA, Tatsuo
---------	------	------	------------------

□ 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	Assist. Prof.	HORI, Tetsuya
助教	西野達哉	Assist. Prof.	NISHINO, Tatsuya
遺伝研博士研究員	古田満衣子	NIG Postdoc	FURUTA, Maiko
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
総研大 D5	高木恵次	D5 Student SOKENDAI	TAKAGI, Keiji
総研大 D1	ナグパル, ハルシュ	D1 Student SOKENDAI	NAGPAL, Harsh

□ 分子機構研究室 Molecular Mechanism Laboratory

助教	清野浩明	Assist. Prof.	SEINO, Hiroaki
----	------	---------------	----------------

□ 核酸化学客員研究部門 Division of Nucleic Acid Chemistry

客員教授	アーンショウ, 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)	小林武彦	Head	KOBAYASHI, Takehiko
---------	------	------	---------------------

□ 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	Assist. Prof.	IIDA, Tetsushi
助教	赤松由布子	Assist. 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 D4	榮岩春奈	D4 Student SOKENDAI	HAEIWA, Haruna
総研大 D3	鶴之沢英理	D3 Student SOKENDAI	UNOSAWA, Eri
総研大 D3	高橋明大	D3 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	Assist. Prof.	TANAKA, Seiji
助教	日詰光治	Assist. 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	シエラット, デヴィット	Visiting Prof.	SHERRATT, David
客員教授	ロステイン, ロドニー	Visiting Prof.	ROTHSTEIN, Rodney

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	Assist. Prof.	ASAOKA, Miho
助教	林 貴史	Assist. Prof.	HAYASHI, Takashi

□ 発生遺伝研究部門 Division of Developmental Genetics

助教	清水 裕	Assist. 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	Assist. Prof.	MIZUNO, Hidenobu
日本学術振興会特別研究員	香取将太	JSPS Research Fellow	KATORI, Shota
総研大 D5	岩田亮平	D5 Student SOKENDAI	IWATA, Ryohei
総研大 D5 (学振特別研究員)	鈴木亜友美	D5 SOKENDAI, JSPS Research Fellow DC	SUZUKI, Ayumi
総研大 D5 (学振特別研究員)	羅ブンジュウ	D5 SOKENDAI, JSPS Research Fellow DC	LUO, Wenshu
総研大 D1	中沢信吾	D1 Student SOKENDAI	NAKAZAWA, Shingo

□ 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	Assist. Prof.	ASAKAWA, Kazuhide
助教	武藤 彩	Assist. Prof.	MUTO, Akira
遺伝研博士研究員	田辺英幸	NIG Postdoc	TANABE, Hideyuki
総研大 D5	ラル, プラディーブ	D5 Student SOKENDAI	LAL, Pradeep
総研大 D4	吉野彬子	D4 Student SOKENDAI	YOSHINO, Akiko
総研大 D3	アイラニ, ディープク	D3 Student SOKENDAI	AILANI, Deepak
総研大 D1	ミラー, スティーブ, アンドリュー	D1 Student SOKENDAI	MILLER, Steven Andrew

□ 生理遺伝客員研究部門 Division of Physiological Genetics

客員教授	エンガルト, フローリアン	Visiting Prof.	ENGERT, Florian
客員教授	ファーロング, 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	Assist. Prof.	SUMIYAMA, Kenta
総研大 D5	神澤秀明	D5 Student SOKENDAI	KANZAWA, Hideaki
総研大 D3	ヘッチャーラッチ, ナディーカ	D3 Student SOKENDAI	HETTIARACHCHI, Nadeeka
総研大 D3	ババリンデ, アイザック, アデーヤミ	D3 Student SOKENDAI	BABARINDE, Isaac Adeyemi

□ 進化遺伝研究部門 Division of Evolutionary Genetics

教授	アカシ ヒロシ	Prof.	AKASHI, Hiroshi
助教	長田直樹	Assist. Prof.	OSADA, Naoki
総研大 D2	ミシュラ, ネハ	D2 Student SOKENDAI	MISHRA, Neha
遺伝研研究生	伊藤史人	Research Student	ITO, Fumito

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

客員教授	フォン・ヘーゼラー, アーント	Visiting Prof.	von HAESELER, Arndt
客員教授	龍 漫遠	Visiting Prof.	LONG, Manyuan

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 Assist. 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
 博士研究員 山田思郎 Postdoc YAMADA, Shirou
 特任研究員 グルムルティ, アイシュワリヤ Project Researcher GURUMURTHY, Aishwarya
 総研大 D1 □メロ, バネッサ D1 Student SOKENDAI ROMERO, Vanessa
 総研大研究生 オマル, フリードフセイン Research Student, SOKENDAI OMER, Waleed Hussein

□ 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 Assist. Prof. INAGAKI, Soichi
 助教 樽谷芳明 Assist. Prof. TARUTANI, Yoshiaki
 遺伝研博士研究員 藤 泰子 NIG Postdoc TO, Taiko
 博士研究員 付 煜 Postdoc FU, Yu
 総研大 D4 保坂 碧 D4 Student SOKENDAI HOSAKA, Aoi
 特別共同利用研究員 (東京大学大学院) 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 Assist. 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 佐々木裕之 Visiting Prof. SASAKI, Hiroyuki
 客員教授 マーチエンセン, ロバ Visiting Prof. MARTIENSSEN, Rob A.

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
 博士研究員 夏目豊彰 Postdoc NATSUME, Toyoaki
 日本学術振興会特別研究員 西村浩平 JSPS Research Fellow NISHIMURA, Kohei
 研究員 渡瀬成治 Researcher WATASE, George

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

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

□ 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, Yukihiko
 博士研究員 墨谷暢子 Postdoc SUMIYA, Nobuko
 博士研究員 廣岡俊亮 Postdoc HIROOKA, Shunsuke
 博士研究員 恵良厚子 Postdoc ERA, Atsuko
 日本学術振興会特別研究員 藤原崇之 JSPS Research Fellow FUJIWARA, Takayuki
 総研大 D2 中村真心 D2 Student SOKENDAI NAKAMURA, Mami
 総研大 D1 宇塚明洋 D1 Student SOKENDAI UZUKA, Akihiko

□ 生態遺伝学研究室 Ecological Genetics Laboratory

特任准教授 北野 潤 Project Assoc. Prof. KITANO, Jun
 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 川尻舞子 JSPS Research Fellow KAWAJIRI, Maiko

□ 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
 遺伝研博士研究員 太田 緑 NIG Postdoc OTA, Midori
 博士研究員 松浦利絵子 Postdoc MATSUURA, Rieko
 博士研究員 吉場聡子 Postdoc YOSHIBA, Satoko
 博士研究員 白土 玄 Postdoc SHIRATSUCHI, Gen
 総研大 D1 グプタ, アクシャリ D1 Student SOKENDAI GUPTA, Akshari

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 高田豊行 Assist. Prof. TAKADA, Toyoyuki
 遺伝研博士研究員 毛利巨輔 NIG Postdoc MOURI, Kousuke
 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
 博士研究員 片岡太郎 Postdoc KATAOKA, Taro

□ 発生工学研究室 Mammalian Development Laboratory

教授 相賀裕美子 Prof. SAGA, Yumiko
 助教 加藤 譲 Assist. Prof. KATO, Yuzuru
 助教 安島理恵子 Assist. Prof. AJIMA, Rieko
 遺伝研博士研究員 周 智 NIG Postdoc ZHOU, Zhi
 博士研究員 吳 泉 Postdoc WU, Quan
 総研大 D5 小池紘子 D5 Student SOKENDAI KOIKE, Hiroko
 総研大 D4 坂口あかね D4 Student SOKENDAI SAKAGUCHI, Akane
 総研大 D4 櫻井隆順 D4 Student SOKENDAI SAKURAI, Takayuki
 総研大 D3 プイ, ハン ピン D3 Student SOKENDAI PUI, Han Pin
 特別共同利用研究員 (東京大学大学院) 趙 薇 Special joint researcher ZHAO, Wei

□ 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 Assist. Prof. TAKAHASHI, Aki
 総研大 D5 田邊 彰 D5 Student SOKENDAI TANAVE, Akira
 総研大 D1 松本悠貴 D1 Student SOKENDAI MATSUMOTO, Yuki

□ 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 Assist. Prof. SHINYA, Minori
 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 久保貴彦 Assist. Prof. KUBO, Takahiko
 博士研究員 藤田雅文 Postdoc FUJITA, Masahiro
 博士研究員 シェントン, マシュー Postdoc SHENTON, Matthew
 博士研究員 王 子軒 Postdoc WANG, Zi-Xuan

□ 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	Assist. Prof.	AOKI, Keita
遺伝研博士研究員	岡本 尚	NIG Postdoc	OKAMOTO, Sho
博士研究員	野崎晋五	Postdoc	NOZAKI, Shingo
博士研究員	矢野晃一	Postdoc	YANO, Koichi
日本学術振興会特別研究員	中井亮佑	JSPS Research Fellow	NAKAI, Ryosuke

□ 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	Assist. Prof.	KONDO, Shu

□ 系統情報研究室 Genetic 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

特任教授	小原雄治	Project Prof.	KOHARA, Yuji
助教	安達佳樹	Assist. 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	Assist. Prof.	HIRATANI, Ichiro
特別共同利用研究員 (慶応義塾大学大学院 学振特別研究員)	野崎 慎	Special joint researcher, JSPS Research Fellow	NOZAKI, Tadasu
総研大 D1	今井亮輔	D1 Student SOKENDAI	IMAI, Ryosuke
総研大 D1	端保 舞	D1 Student SOKENDAI	TAMBO, Mai

□ 細胞建築研究室 Cell Architecture Laboratory

准教授	木村 暁	Assoc. Prof.	KIMURA, Akatsuki
助教	木村健二	Assist. Prof.	KIMURA, Kenji

□ 多細胞構築研究室 Multicellular Organization Laboratory

教授	澤 斉	Prof.	SAWA, Hitoshi
助教	伊原伸治	Assist. Prof.	IHARA, Shinji
遺伝研博士研究員	中山創平	NIG Postdoc	NAKAYAMA, Sohei
博士研究員	宗 修平	Postdoc	SO, Shuhei
特任研究員	横尾成子	Project Researcher	YOKOO, Masako
総研大 D5	吉田直樹	D5 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	Assist. Prof.	IHO, Hiroshi

□ 遺伝子回路研究室 Gene Network Laboratory

准教授	鈴木えみ子	Assoc. Prof.	SUZUKI, Emiko
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	Assist. Prof.	NOZAWA, Masafumi
博士研究員	金城その子	Postdoc	KINJO, Sonoko
博士研究員	佐々木直文	Postdoc	SASAKI, Naobumi
博士研究員	森 隆久	Postdoc	MORI, Takahisa
特任研究員	村岡正文	Project Researcher	MURAOKA, Masafumi
日本学術振興会特別研究員	吉田真明	JSPS Research Fellow	YOSHIDA, Masa-aki
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	Assist. Prof.	KAMINUMA, Eli
博士研究員	長崎英樹	Postdoc	NAGASAKI, Hideki
博士研究員	飯田直子	Postdoc	IIDA, Naoko
特任研究員	藤澤貴智	Project Researcher	FUJISAWA, Takatomo
研究員	谷澤靖洋	Researcher	TANIZAWA, Yasuhiro
研究員	坂本直子	Researcher	SAKAMOTO, Naoko

□ データベース運用開発研究室 Laboratory for Reseach and Development of Biological Databases

教授	高木利久	Prof.	TAKAGI, Toshihisa
博士研究員	鶴澤武士	Postdoc	TSURUSAWA, Takeshi
博士研究員	奥田喜弘	Postdoc	OKUDA, Yoshihiro

□ 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	Assist. Prof.	OGASAWARA, Osamu
博士研究員	原 一夫	Postdoc	HARA, Kazuo
遺伝研博士研究員	鈴木郁美	NIG Postdoc	SUZUKI, Ikumi

□ 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	Assist. Prof.	MIYAZAKI, Saori
博士研究員	劉 華	Postdoc	LIU, Hua
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

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)	倉田のり	Head	KURATA, Nori
----------	------	------	--------------

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
特任教授(兼)	小原雄治	Project 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	Assist. Prof.	TAKADA, Toyoyuki
助教(兼)	浅川和秀	Assist. Prof.	ASAKAWA, Kazuhide
助教(兼)	武藤 彩	Assist. Prof.	MUTO, Akira
助教(兼)	新屋みのり	Assist. Prof.	SHINYA, Minoru
助教(兼)	近藤 周	Assist. Prof.	KONDO, Shu
助教(兼)	清水 裕	Assist. Prof.	SHIMIZU, Hiroshi
助教(兼)	青木敬太	Assist. Prof.	AOKI, Keita
助教(兼)	久保真彦	Assist. Prof.	KUBO, Takahiko
助教(兼)	宮崎さおり	Assist. Prof.	MIYAZAKI, Saori

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

センター長事務取扱	桂 勲	Head	KATSURA, Isao
-----------	-----	------	---------------

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)	高木利久	Prof.	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	Assist. Prof.	KAMINUMA, Eli
助教(兼)	小笠原 理	Assist. Prof.	OGASAWARA, Osamu
博士研究員	李 慶範	Postdoc	LEE, KyungBum
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)	藤山秋佐夫	Prof.	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	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	春島嘉章	Postdoc	HARUSHIMA, Yoshiaki
融合プロジェクト博士研究員	辰本将司	Postdoc	TATSUMOTO, Shoji
融合プロジェクト博士研究員	鹿兒島 浩	Postdoc	KAGOSHIMA, Hiroshi
融合プロジェクト博士研究員	松本知高	Postdoc	MATSUMOTO, Tomotaka
融合プロジェクト博士研究員	和田浩則	Postdoc	WADA, Hironori
融合プロジェクト博士研究員	増本博司	Postdoc	MASUMOTO, Hiroshi
融合プロジェクト特任研究員	堀内陽子	Project Researcher	HORIUCHI, Youko
融合プロジェクト特任研究員	望月孝子	Project Researcher	MOCHIZUKI, Takako
融合プロジェクト特任研究員	松崎肖子	Project Researcher	MATSUZAKI, Ayuko

データ中心科学リサーチcommons

□ 遺伝研で研究しているメンバー Members at NIG

博士研究員	二宮洋一郎	Postdoc	NINOMIYA, Youichiro
博士研究員	荒井律子	Postdoc	ARAI, Ritsuko
博士研究員	近藤 興	Postdoc	KONDO, Tomo

知的財産室 Intellectual Property Unit

室 長	鈴木睦昭	Director	SUZUKI, Mutsuaki
-----	------	----------	------------------

管理部と技術課職員

Staff of Administration Department and Technical Section

所長	Director - General	1	
教授	Professors	22	
准教授	Associate Professors	11	
助教	Assistant Professors	36	
客員教授	Adjunct Professors	10	
小計	Subtotal	69	(所長、客員教授を除く excluding Director - General and Adjunct Professors)
管理部	Administration Staffs	19	
技術課	Technicians	13	
合計	Total	101	(所長、客員教授を除く excluding Director - General and Adjunct Professors)

(2013年4月1日現在)

管理部 Department of Administration

管理部長 General Manager 井上明夫 INOUE, Akio

総務企画課 General Affairs Project Section

課長 Manager 山崎勝也 YAMASAKI, Katsuya

副課長 Deputy Manager 引地光夫 HIKICHI, Mitsuo

□ 総務・教育チーム General Affairs / Education 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

□ 研究推進チーム Research Promotion Team

係長 Subsection Chief 鈴木由美子 SUZUKI, Yumiko

財務課 Financial Affairs Section

課長 Manager 富澤 広 TOMIZAWA, Hiroshi

副課長 Deputy Manager 根木忠広 NEGI, Tadahiro

副課長 Deputy Manager 堀籠利宏 HORIGOME, Toshihiro

□ 財務チーム Financial Affairs Team

係長(兼) Subsection Chief 根木忠広 NEGI, Tadahiro

□ 調達チーム Supplies Team

係長 Subsection Chief 鈴木政敏 SUZUKI, Masatoshi

□ 施設チーム Facilities Team

係長(兼) Subsection Chief 堀籠利宏 HORIGOME, Toshihiro



技術課 Technical Section

課長(兼) Manager 倉田のり KURATA, Nori

課長補佐 Deputy Manager 谷田勝教 YATA, Katsunori

動物班 Animal Unit

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

班長 Unit Leader 永口 貢 EIGUCHI, Mitsugu

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 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



沿革

History

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		Aug. 10	Prof. Kan Oguma was elected the 1st Director.
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	1953	Jan. 1	Three research departments were reorganized as the Departments of Morphological Genetics, Cytological Genetics and Physiological Genetics.
	8月1日	生化学遺伝部設置		Aug. 1	Department of Biochemical Genetics was added.
昭和29年	7月1日	応用遺伝部設置		July 1	Department of Applied Genetics was added.
昭和30年	9月15日	変異遺伝部設置		Sept. 15	Department of Induced Mutation was added.
	10月1日	木原 均 第2代所長就任	1954	Oct. 1	Prof. Hitoshi Kihara was elected the 2nd Director.
昭和35年	4月30日	人類遺伝部設置	1960	Apr. 30	Department of Human Genetics was added.
昭和37年	4月1日	微生物遺伝部設置	1962	Apr. 1	Department of Microbial Genetics was added.
昭和39年	4月1日	集団遺伝部設置	1964	Apr. 1	Department of Population Genetics was added.
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	1969	Apr. 1	Prof. Daigoro Moriwaki was elected the 3rd Director. Department of Molecular Biology was added.
昭和49年	4月1日	植物保存研究室設置	1974	Apr. 1	Plant Genetic Stock Laboratory was established.
昭和50年	3月1日	田島彌太郎 第4代所長就任	1975	Mar. 1	Dr. Yataro Tajima was elected the 4th Director.
	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	1976	Oct. 1	Animal Section was added in the Genetic Stock Center.
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	1976	Oct. 1	Microbial Section was added in the Genetic Stock Center.
昭和58年	10月1日	松永 英 第5代所長就任	1983	Oct. 1	Dr. Ei Matsunaga was elected the 5th 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	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	1985	Apr. 1	The DNA Synthesis and DNA Data Analysis Laboratories were added in the DNA Research Center.
昭和62年	1月12日	日本DNAデータバンク稼働	1987	Jan. 12	The DNA Data Bank of Japan began its operations.
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	1988	Apr. 8	The Radio-isotope Center was established. The Gene Library Laboratory was 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		Oct. 1	The Graduate University for Advanced Studies was established. The Department of Genetics, School of Life Science of the University began accepting students.
平成元年	10月1日	富澤純一 第6代所長就任	1989	Oct. 1	Dr. Jun-ichi Tomizawa was elected the 6th Director.
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	1993	Apr. 1	The Mammalian Development Laboratory was added in the Genetic Stock Research Center.
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	1994	June 24	The Gene Function Research Laboratory was added in the DNA Research Center.
平成7年	4月1日	生命情報研究センター設置	1995	Apr. 1	The Center for Information Biology was established.
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)	1996	May 11	The DNA Research Center was reorganized as the Structural Biology Center consisting of 5 laboratories (Biological Macromolecules, Molecular Biomechanism, Multicellular Organization, Biomolecular Structure and Gene Network).

平成9年	4月1日	系統生物研究センター設置 (遺伝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)	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).	
		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)		Oct. 1	Dr. Yoshiki Hotta was elected the 7th Director.	
	10月1日	堀田凱樹 第7代所長就任		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10年	4月9日	個体遺伝研究系に初期発生研究部門を設置, 総合遺伝研究系に脳機能研究部門を設置		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)		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		2003	Apr. 1	The Molecular Mechanisms was added to the molecular Genetics. The Laboratory for Frontier Research was added to the Genetic Strains Research Center. Two laboratories, Comparative Genomics Laboratory and Publicity and Intellectual Property Unit, were added to the Center for Genetic Resource Information.
平成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		2004	Apr. 1	Reorganized as Research Organization of Information and Systems, Inter-University Research Institute Corporation, together with three other national institutes.
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		Dec. 1	Dr. Yuji Kohara was elected the 8th Director.	
	12月1日	小原雄治 第8代所長就任		2005	Apr. 1	Intellectual Property Unit was added.
平成17年	4月1日	知的財産室を設置		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)		2011	Oct.1	Advanced Genomics Center was established.
平成23年	10月1日	先端ゲノミクス推進センター設置		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.
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		Dec. 1	Dr. Isao Katsura was elected 9th Director.	
	12月1日	桂 勲 第9代所長就任				

予算／科学研究費

Budget / Grant-in-Aid for Scientific Research

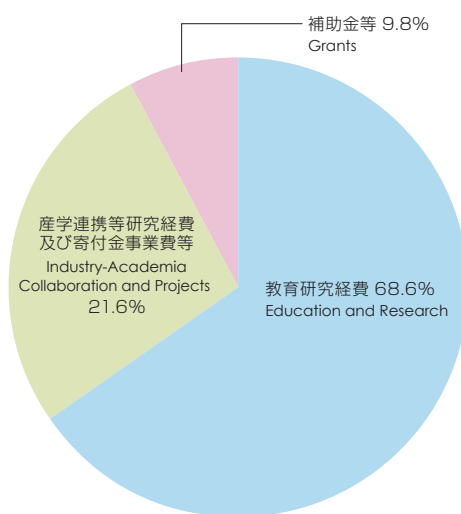
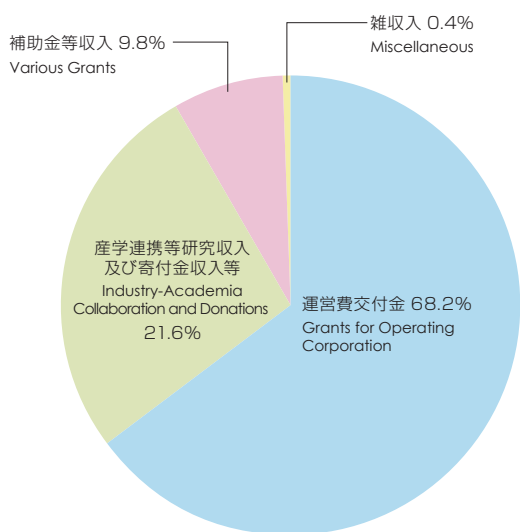
予算 Budget

平成25年度 (FY2013)

収入	Revenue
区分	金額
運営費交付金 Grants for Operating Corporation	2,810,612
補助金等収入 Various Grants	402,488
雑収入 Miscellaneous	17,727
産学連携等研究収入及び寄付金収入等 Industry-Academia Collaboration and Donations	891,199
合計 Total	4,122,026

(×1,000yen)

支出	Expenditure
区分	金額
教育研究経費 Education and Research	2,828,339
補助金等 Grants	402,488
産学連携等研究経費及び寄付金事業費等 Industry-Academia Collaboration and Projects	891,199
合計 Total	4,122,026



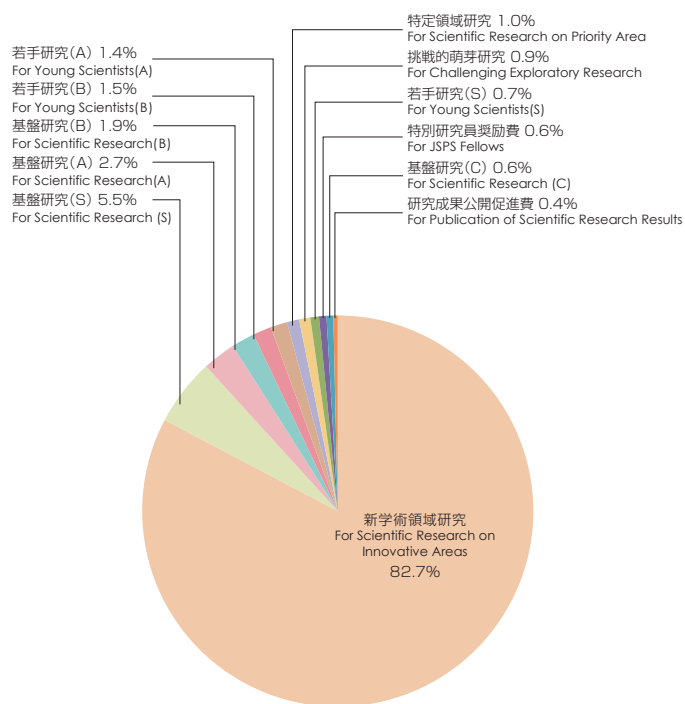
科学研究費 Grant-in-Aid for Scientific Research

平成24年度 (FY2012)

(×1,000yen)

研究種目	交付額 / 交付件数
	Amount / the Number of Applications Granted
特定領域研究 For Scientific Research on Priority Area	16,900 / 2
新学術領域研究 For Scientific Research on Innovative Areas	1,389,100 / 25
基盤研究 (S) For Scientific Research (S)	93,100 / 3
基盤研究 (A) For Scientific Research (A)	46,100 / 5
基盤研究 (B) For Scientific Research (B)	32,300 / 7
基盤研究 (C) For Scientific Research (C)	9,400 / 9
挑戦の萌芽研究 For Challenging Exploratory Research	15,500 / 10
若手研究 (S) For Young Scientists (S)	12,000 / 1
若手研究 (A) For Young Scientists (A)	23,200 / 6
若手研究 (B) For Young Scientists (B)	25,600 / 17
研究活動スタート支援 For Research Activity Start-Up	0 / 0
研究成果公開促進費 For Publication of Scientific Research Results	6,100 / 1
特別研究員奨励費 For JSPS Fellows	10,300 / 12
合計 Total	1,679,600 / 98

(H25.3月末現在)



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、2012年度も計106件の共同研究と計13件の研究会を行い、着実な成果をあげています。

共同研究 Collaborative Research

「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 2012, 106 Collaborative Researches and 13 Research Meetings have been held and achieved excellent results.

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.

環境ストレスにより活性化するトランスポゾンとゲノムの安定性 Analysis of Stress-induced Transposons and Genome Stability

□北海道大学 大学院理学研究院
助教 伊藤 秀臣

環境の変化は生物の進化にとって受動的なものなのか、それとも能動的なものなのか。この疑問に対する一つの答えを得るためにシロイヌナズナを用いて高温ストレス活性型トランスポゾンの転移によるストレス耐性植物作出の可能性を検証しました。その結果、植物ホルモンであるABAストレスに耐性を示す個体を同定することができました。また近縁種における類似のトランスポゾンの存在様式を明らかにし、トランスポゾンが異なる環境で生息する種において進化過程で何らかの適応に関わっているかどうかを検証しました。その結果近縁種にも熱活性型トランスポゾンが保存されていることが明らかとなりました。

□Hokkaido University, Faculty of Science
Assistant Professor, Hidetaka Ito

Whether the environment has only a passive role in evolution by selecting the fittest or it may have an active role in generating genetic diversity for selection? To answer the question, I focused on a mobile element, transposon. We demonstrated that transposon generated stress-tolerant plants. We also analyzed the organization and heat-induced activation of the transposon family among several species of Brassicaceae. Although most species of Brassicaceae have the transposon sequences, some have completely lost the transposon during evolution.

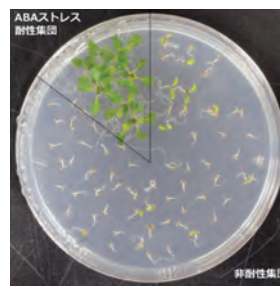


写真1: ABAストレス耐性を獲得したトランスポゾン転移集団と非耐性シロイヌナズナ
Transposon-activated population that acquired ABA stress tolerance in Arabidopsis thaliana.

研究会 Research Meetings

「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少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。

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.



平成24年度 公募による共同研究

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。「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

- 1 オミクスと遺伝学による染色体機能複合体の解析
- 2 染色体機能ドメインの構築原理と機能解析
- 3 ニワトリの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
- 4 X染色体不活性化とヒストンバリエーション
- 5 クロマチン構造変換におけるヒストンバリエーション H2A. Z アイソフォームの機能解析
- 6 合成有機化合物の酵母に対する薬理効果に関する研究
- 7 微細藻 *Prototheca wickerhamii* がもつキメラ rRNA 遺伝子群の組換え領域が、その細胞機能に与える影響
- 8 出芽酵母を用いたイネの POLA1 サブユニットの機能解析
- 9 Assembly of Pol epsilon holoenzyme in the conditions of overproduction of wild type or mutant forms of noncatalytic Dpb2 subunit in *S. cerevisiae*.
- 10 海産ヒドロ虫類のポリプ群体の重力受容機構の解明
- 11 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
- 12 クラスター型プロトカドヘリンによる皮質性感覚野におけるパレル形成機構
- 13 ゴールドシュミット文庫所蔵文献からみた遺伝学形成における他領域からの影響
- 14 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
- 15 遺伝的システムにおける適応の相互作用のモデリング
- 16 Statistical models infer ancestral genomes
- 17 Comparative genomics of *Miscanthus* (Poaceae), a biofuel crop

- 18 次世代シーケンサを利用した、パーソナルゲノム解析に基づくヒト遺伝性疾患の原因解明
- 19 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
- 20 棘皮動物ウミシダの外部形態と分子系統関係の再検討
- 21 転写共役因子 HR を介したエネルギー代謝制御の解析
- 22 日本産野生マウス由来の MSM システムを用いた、マウス肺腫瘍発生関連遺伝子のマッピング
- 23 海馬における虚血耐性蛋白の同定
- 24 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
- 25 心臓発生において Notch シグナル伝達を制御する新規因子の同定と機能解析

- 26 社会的環境要因がマウスの行動に与える影響
- 27 雌マウスの情動の神経内分泌調節における遺伝的基盤の検討
- 28 琵琶湖固有魚類における細胞株の樹立
- 29 魚類における環境適応能力に関する遺伝子の探索
- 30 海産魚類の精原幹細胞培養技術開発
- 31 イネの種間交雑における胚乳崩壊現象の解析
- 32 イネの栽培種、野生種を用いた、発育過程の分子遺伝学
- 33 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
- 34 動的クロマチン制御のスナップショット解析
- 35 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
- 36 tmRNA による定常期の維持
- 37 DNA 相同組換えによる染色体構造維持の分子メカニズム
- 38 チェックポイントタンパク質のフィードバック制御機構の分子遺伝学解析
- 39 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
- 40 種特異的進化を遂げた遺伝子群の同定を目指した有袋類ゲノム配列情報の構築
- 41 ハクサンハタザオとダイコンの次世代シーケンズ解析
- 42 原生動物ミドリゾウリムシに共生する共生藻の共生メカニズムの解明
- 43 アナナスショウジョウバエ単為生殖系統のゲノム解析

研究代表者

- | | |
|-------------------|--|
| 小布施力史 | 北海道大学大学院 先端生命科学研究院 |
| 胡桃坂仁志 | 早稲田大学 理工学術院 |
| 榊 建二郎 | 東京女子医科大学 医学部 |
| 佐渡 敬 | 九州大学 生体防御医学研究所 |
| 原田昌彦 | 東北大学大学院 農学研究科 |
| 矢倉達夫 | 関西学院大学 理工学部生命科学科 |
| 上野良平 | 山梨県環境科学研究所 地域環境政策研究部
環境資源学研究室 |
| 中村郁郎 | 千葉大学大学院 園芸学研究科 |
| Iwona Fijalkowska | Institute of Biochemistry and Biophysics
Polish Academy of Sciences |
| 並河 洋 | 国立科学博物館 動物研究部 |
| 西丸広史 | 筑波大学 医学医療系 |
| 八木 健 | 大阪大学大学院 生命機能研究科 |
| 溝口 元 | 立正大学 社会福祉学部 |
| 松田道行 | 京都大学大学院 生命科学研究科 |
| 間野修平 | 統計数理研究所 数理・推論研究系 |
| Ziheng Yang | University College London |
| Tzen-Yuh Chiang | National Cheng Kung University, Department of Life Sciences |
| 要 匡 | 琉球大学 医学研究科 |
| 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 |
| 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 |
| 田中成和 | 順天堂災害医学研究所 |
| 宮下信泉 | 香川大学 研究推進機構 総合生命科学研究センター |
| 森 健太郎 | 順天堂大学 医学部 脳神経外科 |
| 若菜茂晴 | 理化学研究所 バイオリソースセンター |
| 坂部正英 | 奈良県立医科大学 先端医学研究機構 循環器システム医科学 |
| 下位香代子 | 静岡県立大学 環境科学研究所 |
| 富原一哉 | 鹿児島大学 法文学部 |
| 高田達之 | 立命館大学 薬学部 |
| 中嶋正道 | 東北大学大学院 農学研究科 |
| 松山倫也 | 九州大学大学院 農学研究院 |
| 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 |
| 長戸康郎 | 東京大学大学院 農学生命科学研究科 |
| 片山 勉 | 九州大学 薬学研究院 |
| 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 |
| 筒井康博 | 東京工業大学大学院 生命理工学研究科 |
| 中山秀喜 | 京都産業大学 総合生命科学部 |
| 菱田 卓 | 学習院大学 理学部生命科学科 |
| 古谷寛治 | 京都大学 放射線生物研究センター |
| 齋藤忠夫 | 東北大学大学院 農学研究科 |
| 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 |
| 花田耕介 | 理化学研究所 植物科学研究センター |
| 細谷浩史 | 広島大学大学院 理学研究科生物科学専攻 |
| 平井和之 | 杏林大学 医学部 |

44 脊椎小脳変性症SCA36におけるRNA foci形成機構の解明	土生敏行	京都大学 放射線生物研究センター
45 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
46 線虫(<i>C.elegans</i>)を用いた放射性セシウム由来ガンマ線被爆に対する抗酸化剤による延命効果の研究	木村芳滋	浜松医科大学 医学部 解剖学講座
47 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
48 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
49 膜蛋白質複合体結晶化のための膜調製方法の検討	村上 聡	東京工業大学大学院 生命理工学研究科
50 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
51 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
52 電子顕微鏡を用いたシナプスタンパク質 Dig の局在解析	浜 千尋	京都産業大学 総合生命科学部
53 キンギョの全ゲノム解析に基づいた分子進化的研究	小見山智義	東海大学 医学部 医学科
54 海洋プランクトン(カイアシ類)の進化機構の解明	茂里 康	産業技術総合研究所 健康工学研究部門
55 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
56 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
57 ゼブラフィッシュにおける γ -グルタミルトランスペプチダーゼの機能解析	肥塚崇男	京都大学化学研究所 生体触媒化学研究領域
58 新規巨大タンパク質ミステリンの機能解析	森戸大介	京都産業大学 総合生命科学部
59 Mcm8-9複合体とミスマッチ修復因子の相互作用がDNA損傷修復に果たす機能の解析	高橋達郎	大阪大学 理学研究科
60 脊椎動物における組換え依存的複製再開機構の解明	橋本吉民	東京薬科大学 生命科学部
61 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 海洋生命科学部門
62 エゾサンショウウオ(<i>Hynobius retardatus</i>)の表現型可塑性に関するEco-genomics	西村欣也	北海道大学大学院 水産科学研究院
63 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
64 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
65 イネの葍で発現するヒストンH3遺伝子の解析	上田健治	秋田県立大学 生物資源科学部
66 イネの生殖器官における転移因子の発現パターン解析	真島祐治	北海道大学大学院 農学研究院
67 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
68 DNA複製開始因子-DNA修復酵素複合体のX線結晶構造解析	大山拓次	山梨大学大学院 医学工学総合研究部
69 ユビキチン修飾によるDNA相同組換え・組換え修復制御機構の研究	黒川裕美子	東京工業大学 情報生命博士教育院
70 エピジェネティックな遺伝子発現調節機構におけるrDNAの関与	沖 昌也	福井大学大学院 工学研究科
71 三叉神経核における体部位マップ特異的Creマウスの作成	宮田麻理子	東京女子医科大学 医学部
72 ヒレ形成過程におけるGal4トランスジェニックフィッシュを用いた長期間の細胞標識系の開発およびその解析	阿部玄武	Academia Sinica, Taiwan Institute of Cellular and Organismic Biology
73 Identification of sensory organ specific expression patterns among zebrafish enhancer and gene trap transgenic lines	Alex Nechiporuk	Oregon Health & Science University
74 Characterisation of gene expressions in the developing telencephalon of Danio Rerio	Corinne Houart	King's College London
75 A genetic screen for cancer susceptibility using zebrafish GAL4 transgenic lines	Maria Caterina Mione	Institute of Toxicology and Genetics, Karlsruhe Institute of Technology
76 Identification and Characterization of novel regulators of liver growth	Wolfram Goessling	Brigham and Women's Hospital, Harvard Medical School, Harvard Stem Cell Institute
77 ゼブラフィッシュの運動ニューロン発生におけるCLAC-P/type XXV collagenの機能解析	若林朋子	東京大学大学院 医学系研究科
78 Evolution of the blood group and MHC genes in primates	Antoine BLANCHER	University Toulouse 3 (Université Paul Sabatier)
79 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
80 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 医学部基礎医学系
81 アブラナ科植物の1塩基解像度でのメチローム解析	高山誠司	奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科
82 Molecular mechanisms of mechanosensation in somatosensory neurons and haircells	Sean Eric Low	The Rockefeller University
83 ショウジョウバエの雑種における遺伝子発現解析	澤村京一	筑波大学 生命環境系
84 脂肪酸合成酵素阻害剤等を用いたがん予防に関する検討	折田 創	順天堂大学附属静岡病院 外科
85 マウスの社会行動に関わる遺伝的要因の解析	浅田伸彦	岡山理科大学 理学部動物学科
86 前脳モノアミンレベル変調後のマウスの行動解析	上田秀一	獨協医科大学 解剖学(組織)教室
87 メダカコンジェニック系統作出と次世代シークエンサー技術を利用した行動形質に影響を与える遺伝子座の絞り込み	竹内秀明	東京大学大学院 理学系研究科
88 有益微生物である乳酸菌新菌株のゲノム配列解析	遠野雅徳	農業・食品産業技術総合研究機構 畜産草地研究所 家畜飼養技術研究領域
89 大量塩基配列のデータ解析系の高度化	平川英樹	かずさDNA研究所 植物ゲノム研究部
90 オミックス情報データベースシステムの共同開発	矢野健太郎	明治大学 農学部

共同研究B

研究課題

- 1 大腸菌DNAポリメラーゼVの活性化とDNA合成反応の原子間力顕微鏡による解析
- 2 環境ストレスにより活性化するトランスポゾンとゲノムの安定性
- 3 F₁雑種と両親系統間でのエピゲノムの比較解析
- 4 軟口蓋発生におけるソニック・ヘッジホッグの役割
- 5 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？
- 6 心臓形成におけるWnt antagonistの機能
- 7 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
- 8 次世代シーケンサーを用いた類人猿ゲノム計画
- 9 ヒトテロメア配列特異的な蛍光性ピロール・イミダゾールポリアミドの開発
- 10 中枢シナプスの神経活動依存的な増強に伴う構造的変化
- 11 酸素分圧変化により誘導される追いつき成長が個体の運動機能の発達に与える影響の解析
- 12 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
- 13 αキメラ欠損による神経回路形成異常と眼球運動制御への影響
- 14 ゼブラフィッシュの後脳血管ネットワークの形態形成
- 15 アフリカツメガエル卵無細胞複製系における配列特異的複製起点の構築
- 16 Analysis of the transcriptome of the CC-genome wild rice *Oryza officinalis*

研究代表者

- | | |
|-----------------------|---------------------|
| 唐田清伸 | 千葉大学大学院 薬学研究院 |
| 伊藤秀臣 | 北海道大学大学院 理学研究院 |
| 藤本 龍 | 新潟大学大学院 自然科学研究科 |
| 井関祥子 | 東京医科歯科大学 分子発生学分野 |
| 山本博章 | 長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部 |
| 吉栖正生 | 広島大学大学院 医歯薬学総合研究科 |
| 阿形清和 | 京都大学大学院 理学研究科 |
| 郷 康広 | 京都大学 霊長類研究所 |
| 杉山 弘 | 京都大学大学院 理学研究科 |
| 鈴木崇之 | 東京工業大学大学院 生命理工学専攻 |
| 亀井宏泰 | 九州大学 農学生命科学研究科 |
| 釣本敏樹 | 九州大学 理学研究院 |
| 加藤 明 | 東海大学 創造科学技術研究機構医学部門 |
| 藤田深里 | 東洋大学 生命科学部 |
| 久保田弓子 | 大阪大学 理学研究科 |
| Benild G.de los Reyes | University of Maine |

研究会

研究課題

- 1 染色体ドメインの形成と機能発現機構
- 2 大脳皮質機能的神経回路の構築メカニズム
- 3 Evolutionary Genetics and Proteomics of Natural Resources in Asia
- 4 マウス Forward genetics の新潮流
- 5 日本Notch研究会 VII
- 6 イネ分子遺伝学の夢
- 7 単細胞システムの構築とその維持機構の研究
- 8 微生物細胞の構造と機能研究会
- 9 遺伝情報の安定性を支える分子メカニズム
- 10 人類集団の進化的起源と文化的分化要因～学習戦略による旧人と新人の交代劇に関連して～
- 11 比較ゲノム多様性研究におけるNGS活用
- 12 Genomics, Proteomics, and Bioinformatics with the Asian Perspective
- 13 オルガネラと生殖:細胞質における遺伝情報の次世代への伝達・分配

研究代表者

- | | |
|-----------------|---|
| 胡桃坂仁志 | 早稲田大学 理工学術院 |
| 田川義晃 | 京都大学大学院 理学研究科 |
| Chang Hung Chou | Ceng Kung University Department of Life Sciences |
| 吉川欣亮 | 東京都医学総合研究所 ゲノム医科学研究分野 |
| 松野健治 | 大阪大学大学院 理学研究科 |
| 長戸康郎 | 東京大学大学院 農学生命科学研究科 |
| 秋山芳展 | 京都大学 ウイルス研究所 |
| 大津巖生 | 奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科 |
| 横井雅幸 | 学習院大学 理学部生命科学科 |
| 五條堀 孝 | 国立遺伝学研究所 遺伝情報分析研究室 |
| 五條堀 孝 | 国立遺伝学研究所 遺伝情報分析研究室 |
| Hong Gil Nam | School of New Sciences, (Pohang) University of Science and Technology |
| 風間智彦 | 東北大学大学院 農学研究科 |

平成24年度 民間等との共同研究

Joint Research with the Private Sector

共同研究先	研究課題(研究項目)	研究代表者	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	哺乳動物遺伝研究室 教授 城石俊彦	20.4.1 ~ 25.3.31
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	比較ゲノム解析研究室 特任准教授 豊田 敦	20.4.1 ~ 25.3.31
協和発酵キリン株式会社	トランスポゾンの哺乳動物細胞への応用に関する研究	初期発生研究部門 教授 川上浩一	22.1.1 ~ 26.3.31
独立行政法人海洋研究開発機構	深海・地殻内環境のメタゲノム解析研究	比較ゲノム解析研究室 特任准教授 豊田 敦	22.4.1 ~ 26.3.31
国立大学法人東京工業大学	新型シークエンサを利用した、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	比較ゲノム解析研究室 特任准教授 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	遺伝情報分析研究室 教授 五條堀 孝 准教授 池尾一穂	23.2.18 ~ 25.3.31
独立行政法人理化学研究所	DeepCAGE法を用いたクララ/繊毛細胞の二者択一的分化過程の時系列的解析	発生工学研究室 助教 森本 充	23.2.1 ~ 24.9.30
独立行政法人理化学研究所	次世代シークエ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	大量遺伝情報研究室 教授 中村保一	23.9.1 ~ 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 教授 齊藤成也	24.2.1 ~ 25.3.31
独立行政法人理化学研究所	非対称細胞分裂に関する遺伝子の研究	多細胞構築研究室 教授 澤 斉	23.10.1 ~ 25.3.31
Genentech,inc	ゼブラフィッシュの系統を創出する研究	初期発生研究部門 教授 川上浩一	23.11.24 ~ 25.11.23
第一三共株式会社	ゼブラフィッシュ近郊系の創薬スクリーニングにおける有用性の評価	小型魚類開発研究室 助教 新屋みのり	25.2.1 ~ 26.3.31

平成24年度 受託研究

Commissioned Research

委託者	研究課題(研究項目)	研究代表者	契約期間
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 さきがけ研究者 和田浩則	24.4.1 ~ 25.3.31
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	分子遺伝研究部門 助教 堀 哲也	24.4.1 ~ 26.3.31
科学技術振興機構	Immortal DNA 機構解明への挑戦	細胞遺伝研究系 助教 飯田哲史	24.4.1 ~ 26.3.31
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	生体高分子研究室 教授 前島一博	24.4.1 ~ 27.3.31
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	生態遺伝学研究室 特任准教授 北野 潤	24.4.1 ~ 26.3.31
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	運動神経回路研究室 准教授 平田普三	24.4.1 ~ 27.3.31
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	生体高分子研究室 助教 平谷伊智朗	24.4.1 ~ 27.3.31
科学技術振興機構	高いバイオマス生産能及び環境耐性能を持つ藻類の作出	共生細胞進化研究室 特任准教授 宮城島進也	24.4.1 ~ 27.3.31
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	遺伝情報分析研究室 教授 五條堀 孝	24.4.1 ~ 27.3.31
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用化	大量遺伝情報研究室 教授 中村保一	24.4.1 ~ 26.3.31
科学技術振興機構	遺伝統計学的計算手法の開発	人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗	24.4.1 ~ 26.3.31
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	遺伝情報分析研究室 教授 五條堀 孝	24.4.6 ~ 25.3.22
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	実験圃場 准教授 野々村賢一	24.4.6 ~ 25.3.1
環境省	被災後の生物の遺伝的多様性の減少と絶滅リスク	生態遺伝学研究室 特任准教授 北野 潤	24.7.2 ~ 25.3.29
公益財団法人静岡県産業振興財団	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	分子遺伝研究部門 助教 堀 哲也	24.4.1 ~ 25.3.31
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	遺伝情報分析研究室 教授 五條堀 孝	24.4.1 ~ 25.3.31
独立行政法人日本学術振興会	食物の前滅数分裂期に関する国際共同研究	実験圃場 准教授 野々村賢一	24.4.1 ~ 26.3.31
株式会社プリチストン	パラゴムノキのゲノム解析	大量遺伝情報研究室 教授 中村保一	24.4.1 ~ 25.3.31

革新的細胞解析研究プログラム(セルイノベーション)

文部科学省	データ解析拠点の構築と情報研究開発	遺伝情報分析研究室 教授 五條堀 孝	24.4.5 ~ 25.3.31
-------	-------------------	--------------------	------------------

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	人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗	24.4.5 ~ 25.3.31
-------	----------------------------	-------------------	------------------

平成24年度 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(若手研究者の自立的な研究環境整備促進)

課題名	事業実施センター責任者	事業実施期間
文部科学省 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 センター長 広海 健	22.7.13 ~ 27.3.31

平成24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(NBRP)

研究課題	課題管理者	研究期間
文部科学省 イネ属の多様性を生かすリソース基盤の構築	植物遺伝研究室 教授 倉田のり	24.4.1 ~ 25.3.31
文部科学省 モデル原核生物(大腸菌・枯草菌)遺伝資源の整備と活用	原核生物遺伝研究室 教授 仁木宏典	24.4.1 ~ 25.3.31
文部科学省 ショウジョウバエ遺伝資源の総合的維持管理および提供	無脊椎動物遺伝研究室 教授 上田 龍	24.4.1 ~ 25.3.31
文部科学省 ゼブラフィッシュの収集・保存および提供(トランスジェニックゼブラフィッシュ系統及び近交系ゼブラフィッシュの収集・保存及び提供)	初期発生研究部門 教授 川上浩一	24.4.1 ~ 25.3.31
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	系統情報研究室 准教授 山崎由紀子	24.4.1 ~ 25.3.31
文部科学省 NBRPに登録された300菌種の日和見病原体ゲノム解析(次世代シーケンサー(Illumina)を用いたゲノム解析)	比較ゲノム解析研究室 特任准教授 豊田 敦	24.6.1 ~ 25.3.31
文部科学省 ショウジョウバエ系統凍結保存法の開発	無脊椎動物遺伝研究室 教授 上田 龍	24.6.1 ~ 25.3.31

創薬等ライフサイエンス研究支援基盤事業

文部科学省	構造生命科学データクラウドの構築運用と高度化	遺伝情報分析研究室 教授 五條堀 孝	24.4.1 ~ 25.3.31
-------	------------------------	--------------------	------------------

平成24年度 表彰・受賞歴

Awards・Honors

内容	氏名
平成24年度科学技術分野の文部科学大臣表彰 科学技術賞「細胞内の遺伝子増幅機構及びその生理作用の研究」	細胞遺伝研究部門 教授 小林武彦
平成24年度科学技術分野の文部科学大臣表彰 若手科学者賞「脊椎動物の運動システム発達における分子基盤の研究」	運動神経回路研究室 准教授 平田普三
平成24年度科学技術分野の文部科学大臣表彰 若手科学者賞「細胞移動や浸潤における分子機構の研究」	多細胞構築研究室 助教 伊原伸治
第59回日本実験動物学会総会 若手優秀発表賞「日本産野生由来マウス系統MSMにおける高い不安様行動の分子遺伝学的解析」	マウス開発研究室 大学院生 田邊 彰
日本蛋白質科学会 若手奨励賞「新規セントロメア特異的ヒストン様複合体CENP-TWSXの構造機能解析」	分子遺伝研究部門 助教 西野達哉
第7回国際トゲウオ学会 最優秀口頭発表賞 ポストドク部門 第1位 “Genetic basis for variation in phenotypic plasticity among stickleback populations”	生態遺伝学研究室 研究員 石川麻乃
FASEB Science Research Conferences: The Lung Epithelium in Health & Disease, Jo Rae Wright Award “Notch signaling regulates the spatial balance of lung epithelial cells”	発生工学研究室 助教 森本 充
第28回日本微生物生態学会大会 優秀ポスター賞「南極湖底に広がるコケ坊主生物圏の微生物が窒素サイクルに関与する可能性」	原核生物遺伝研究室 研究員 中井亮佑
第13回日本動物遺伝育種学会 学会長特別賞「マウスの従順性行動に関わる遺伝子座マッピングの試み」	マウス開発研究室 研究員 後藤達彦
Academia Europaea Member	遺伝情報分析研究室 教授 五條堀 孝
平成24年度日本生化学会奨励賞「細胞移動・浸潤過程を制御する分子の発見と解析」	多細胞構築研究室 助教 伊原伸治
第1回竹中奨励賞「基底膜の穴のサイズに破綻をきたした変異体の確立」	多細胞構築研究室 助教 伊原伸治
第29回井上學術賞「遺伝子増幅の分子機構の全容解明と癌化や老化との関係性の発見」	細胞遺伝研究部門 教授 小林武彦

平成24年度 知的財産権

Intellectual Property Rights

国内出願2件

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

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8件

マルチュエルプレート	西村昭子	第4764972号
GsdmA 遺伝子の機能が抑制され、癌化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システム	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
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

国外登録 1件

マルチュエ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
-----------------------------------	------	-----------------

大学共同利用機関法人 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/>

統計数理研究所
The Institute of Statistical Mathematics
〒190-8562 東京都立川市緑町10-3
TEL (050) 5533-8500
<http://www.ism.ac.jp/>

国立情報学研究所
National Institute of Informatics
〒101-8430 東京都千代田区一ツ橋2-1-2
TEL (03) 4212-2000
<http://www.nii.ac.jp/>

国立遺伝学研究所
National Institute of Genetics
〒411-8540 静岡県三島市谷田1111
TEL (055) 981-6707
<http://www.nig.ac.jp/>

□ 機構の理念

生命、環境、情報など、21世紀の人間の変容に関わる重要課題の解決には、従来の学問領域の枠にとらわれない研究への取り組みが必要となっています。

情報・システム研究機構は、4研究所が連携することにより、生命、地球、環境、社会などに関わる複雑な問題を情報とシステムという視点から総合的に捉え、実験・観測による多種・大量のデータの産生とそこから情報の抽出、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。

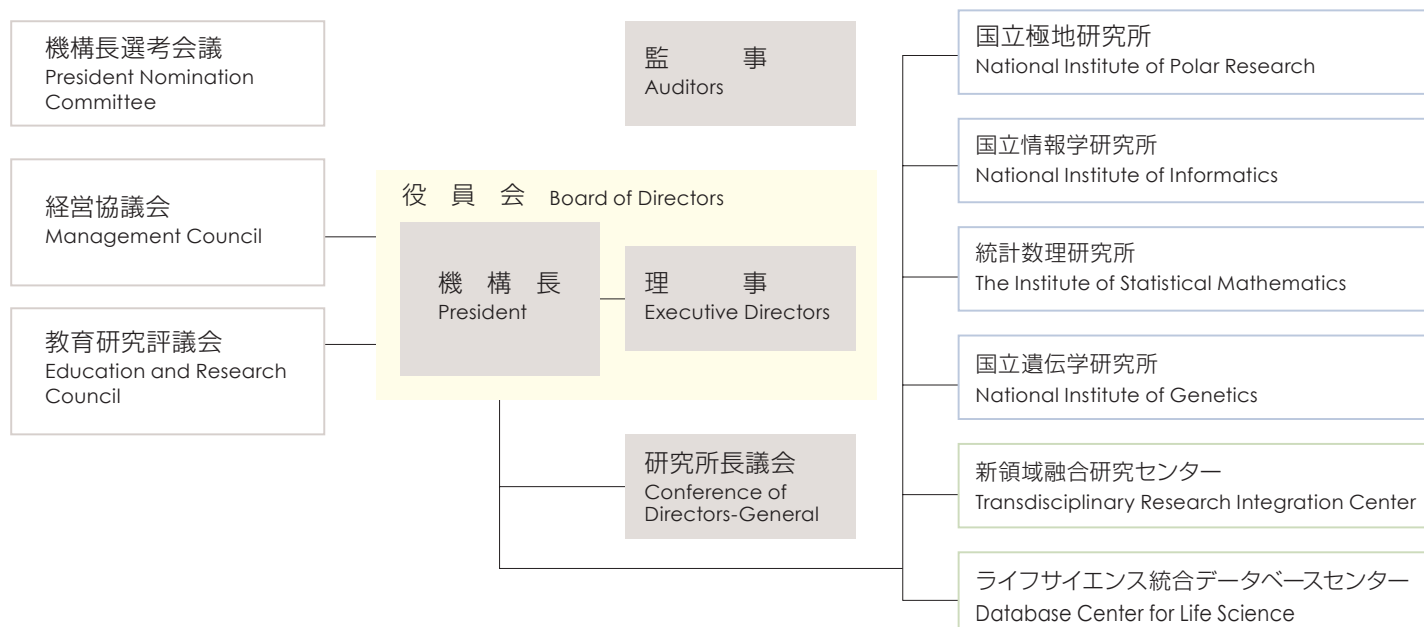
このように、情報・システム研究機構においては、各研究所が従来から進めてきた大学共同利用機関としての研究の充実発展に加え、これまでの研究所の枠を超えた先端的な融合研究を新たな構想の下に推進していこうとしています。

□ 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



2013年5月 発行 MAY, 2013

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 2013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







2013 要覽

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

