

■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

2014 要覧

National Institute of Genetics

Department of Genetics, SOKENDAI





遺伝学と 「遺伝研の役割」

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。

所長 桂 勲

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.

KATSURA, Isao Director-General

目次

Contents

02 所長あいさつ
Message from the Director-General

04 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

57 知的財産室
Intellectual Property Unit

58 リサーチ・アドミニストレーター室
Office for Research Development

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

64 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

65 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

66 国際交流
International Activities

68 遺伝学電子博物館
Cyber Museum of Genetics

□ 遺伝研の教育

69 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

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

76 運営
Management

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

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

84 沿革
History

86 2013年に発行された論文一覧
Publications in 2013

89 バイオロジカルシンポジウム
Biological Symposium

91 予算
Budget

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

92 共同研究・研究会
Collaborative Research・Research Meetings

93 公募による共同研究
Collaborative Research

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

96 受託研究／研究開発施設共用等促進費補助金
Commissioned Research

97 表彰・受賞歴
Awards・Honors

97 知的財産権
Intellectual Property Rights

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



遺伝研の活動



遺伝学の最先端研究 ▶ p6

CUTTING-EDGE RESEARCH IN GENETICS

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ます。

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

知的基盤整備事業 ▶ p7

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、先端ゲノミクス推進事業、DDBJ事業を行っています。

NIG houses Bioresources Center, Advanced Genomics Center and DDBJ Center, as a core institute to build the intellectual infrastructure that supports Life Sciences.

国際交流 ▶ p66

INTERNATIONAL COLLABORATION

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

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

大学院教育 ▶ p69

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とともにその他の大学の大学院教育に協力します。

This institute accepts graduate students as the Department of Genetics, School of Life Science, Graduate University for Advanced Studies (SOKENDAI), and also participates in the education of students from other universities.

共同利用 ▶ p92

RESEARCH COLLABORATIONS

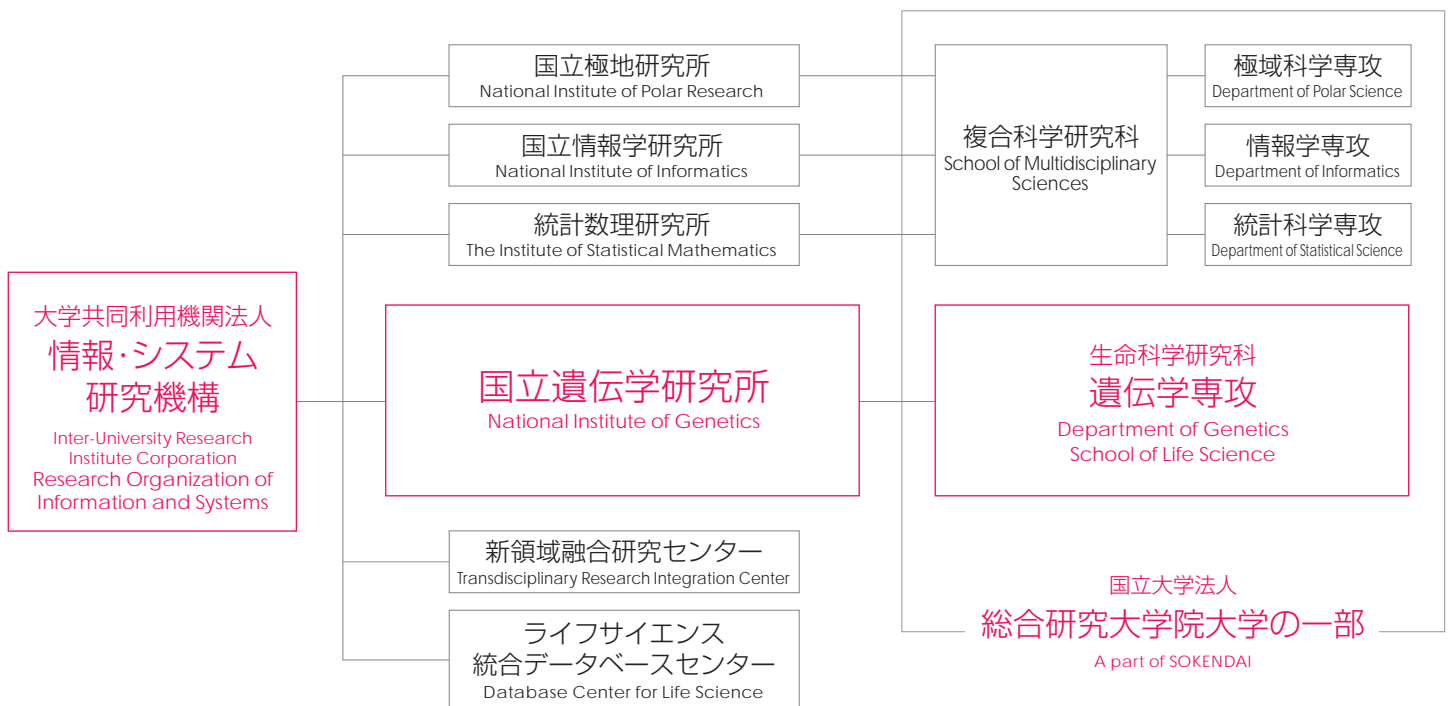
全国の研究者のために共同研究の機会を提供し、またそのための施設の利用に応じます。

This institute offers collaborative research opportunities to researchers throughout Japan.

国立遺伝学研究所は、遺伝学の基礎とその応用に関する総合的研究を行い、学術研究の発展に寄与することを目的として設置された大学共同利用機関です。

National Institute of Genetics (NIG) was established to carry out broad and comprehensive research in genetics. NIG contributes to the development of academic research as one of the inter-university research institutes constituting the Research Organization of Information and Systems (ROIS).

組織図



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

生命はゲノムに書き込まれた遺伝情報と内外環境との相互作用で作られる複雑なシステムです。この生命システムの解明をめざして、細胞機能、発生・分化、進化・生物多様性、ゲノム情報などについて先端研究を進めています。

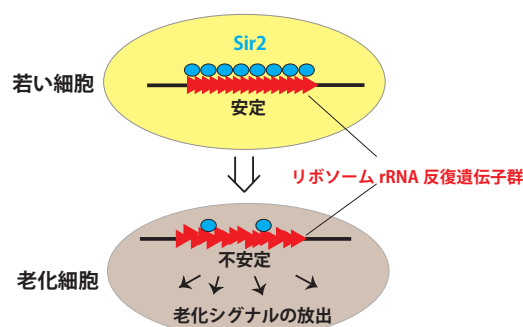
Life is a complex system generated by the mutual interaction between genetic information engraved in the genomes and the internal and external environment. At the National Institute of Genetics (NIG), cutting-edge research is conducted in areas such as cell function, development and differentiation, evolution and diversity, and genome information, aiming to clarify the system of life.

□ 最近の研究成果より Research Highlights

長寿遺伝子が寿命を延ばすメカニズムの解明 SIR2 regulates cellular senescence through stability of the ribosomal RNA gene repeat

老化はガンや多くの病気を引き起こす大きな要因です。しかし、老化の原因やメカニズムは、まだよくわかっていません。小林教授らは、老化速度に関わるとされる長寿遺伝子(サーチュイン遺伝子/SIR2)がリボソームRNA反復遺伝子群という不安定なゲノム領域を安定に保持することで、細胞老化を防いでいることを発見しました。ヒトの老化機構解明へまた一歩近づきました。

Cellular senescence is a significant cause for cancer and disease. Mechanisms that produce age-dependent cellular changes are largely unknown. Prof. Kobayashi and colleagues found that an "anti-aging gene" Sirtuin (SIR2) prevents cellular senescence through maintaining the stability of ribosomal RNA gene repeats, which is one of the most unstable regions in the genome. This finding is a big step in answering the long-standing question: why and how do we age as we get older?



長寿遺伝子(Sirtuin/SIR2)から作られるタンパク質はリボソームRNA反復遺伝子群に結合し、その安定性を保つことで老化シグナルの発生を抑え、細胞の老化を抑制します。

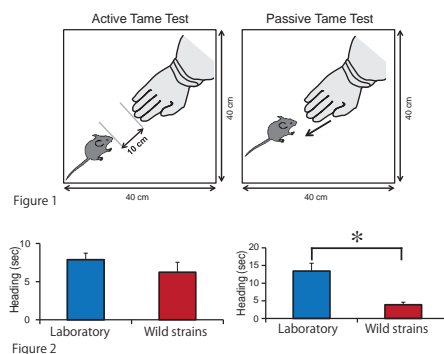
Proteins from the anti-aging gene "Sirtuin (SIR2)" bind to the ribosomal RNA gene repeat and maintain its stability. This represses production of aging signals that induce cellular senescence.

Saka, K., Ide, S., Ganley, A.R.D., and Kobayashi, T. (2013). Cellular senescence in yeast is regulated by rDNA noncoding transcription. *Curr. Biol.* 23, 1794-1798.

野生マウスの愛玩化の過程を解き明かす Unlock the process for domestication in mice

小出准教授らは、新たに開発した行動テスト(テームテスト)により、野生由来系統と実験用系統について解析し、実験用マウスは「愛玩化」の過程で、ヒトからの接触を避けられないような行動特性が選抜されてきたものの、人に積極的に接近する性質については選択されてこなかったことを明らかにしました。

Associate Prof. Koide and colleagues developed novel behavioral tests to measure the level of tameness in mice. By comparing results of tame tests in two groups, wild strains and laboratory strains, they found that domesticated strains were predominantly selected for reluctance to avoid humans over the course of their domestication history.



愛玩化を調べるために考案したテームテストとそれにより明らかになった実験用系統における逃避行動の減少。

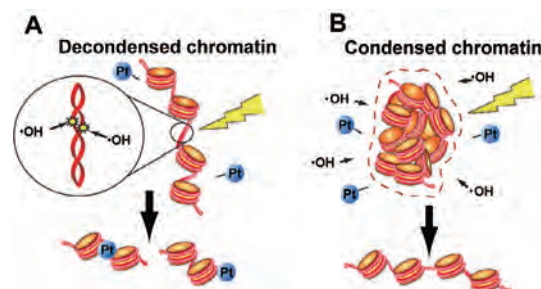
Tame tests developed for measuring levels of tameness in mice. Domesticated strains showed significantly higher level of reluctance to avoid human than wild-derived mice.

Goto, T., Tanave, A., Moriwaki, K., Shiroishi, T., and Koide, T. (2013). Selection for reluctance to avoid humans during the domestication of mice. *Genes Brain and Behavior* 12, 760-70.

DNAを有害な放射線から守る新しい仕組み Compaction protects DNA from radiation damage

放射線は生物にとって大きな脅威です。学振研究員高田英昭さんと前島教授らはDNAが密に集まって存在(凝縮)するか、散らばって存在するかが、放射線によるDNAの損傷の程度に大きく影響することを明らかにしました。自然界から浴びる放射線を、生物は細胞中のDNAをコンパクトに凝縮させることで、日々防御しようとしていることがわかったのです。今回の研究成果は、がんの放射線治療など、医療応用の面でも重要な基礎知識を提供するものです。

JSPS Posdoc Dr Takata, Prof. Maeshima and their colleagues reported that compaction of chromatin protects DNA from radiation damage. They found that the frequency of double-strand breaks (DSBs) in condensed DNA after ionizing irradiation was 5-50-fold lower than in decondensed DNA. Their findings suggest that genomic DNA compaction plays an important role in genomic DNA maintenance.



DNAが凝縮していない状態のときは、DNA(赤線)は放射線によって発生するヒドロキシルラジカル(活性酸素、·OH)や抗がん剤(青丸、Pt)による損傷を受けやすいが、凝縮しているときには、DNAはこれらから保護される。

DNA condensation with fewer water molecules (right: condensed DNA) that there is less risk of being attacked by hydroxyl radicals. The situation is also effective to protect DNA from the binding of cisplatin (Pt).

Chromatin compaction protects genomic DNA from radiation damage. (2013). Takata, H., Hanafusa, T., Mori, T., Shimura, M., Iida, Y., Ishikawa, K., Yoshikawa, K., Yoshikawa, Y., and Maeshima, K. *PLOS ONE* 8(10): e75622.

生命科学を支える知的基盤整備事業

Intellectual infrastructure supporting life sciences

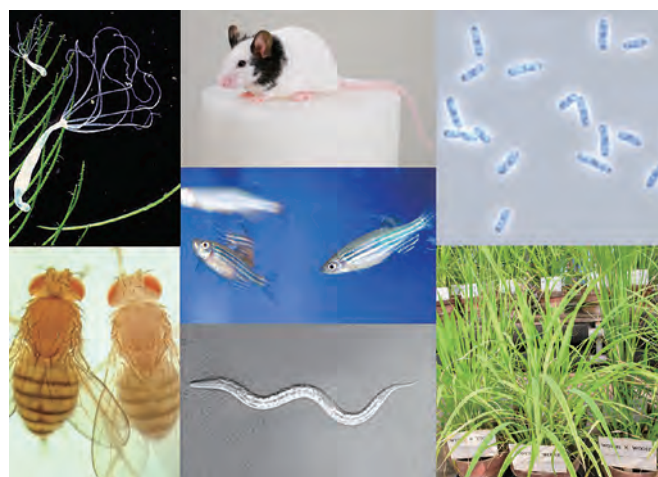
生物遺伝資源(バイオリソース)、先端ゲノミクス推進、DDBJ(日本DNAデータバンク)の3つの研究事業を国際的な中核拠点として運営しています。他の大学や研究機関とも連携したこれらの事業により生命科学を先導し、研究コミュニティを支援しています。

NIG operates three research infrastructure projects as an international center of life sciences: BioResource Project, Advanced Genomics Project, and DDBJ Project. Through promoting research collaborations with other universities and research institutions, NIG advances the frontier of life science and supports the entire scientific research community.

バイオリソース(生物遺伝資源)事業 BioResource Project

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。

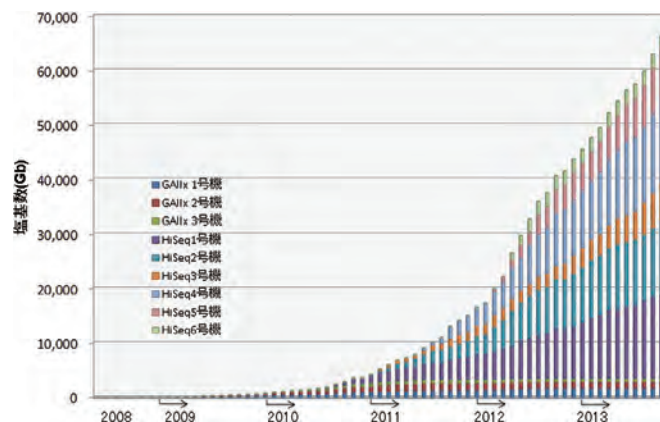
NIG serves as a center for developing, collecting, and distributing biological resources of various strains of experimental organisms for academic research. NIG also plays an important role as a central institution for individual National BioResource Projects and functions as its information center to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



先端ゲノミクス推進事業 Advanced Genomics Project

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。

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.



DDBJ(日本DNAデータバンク)事業 DDBJ Project

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『INSDB 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 (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 INSDB (International Nucleotide Sequence Database Collaboration). DDBJ, as well as NCBI and EBI, is serving as one of the three data inlets and outlets to the "INSDB".



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 Keikyū 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



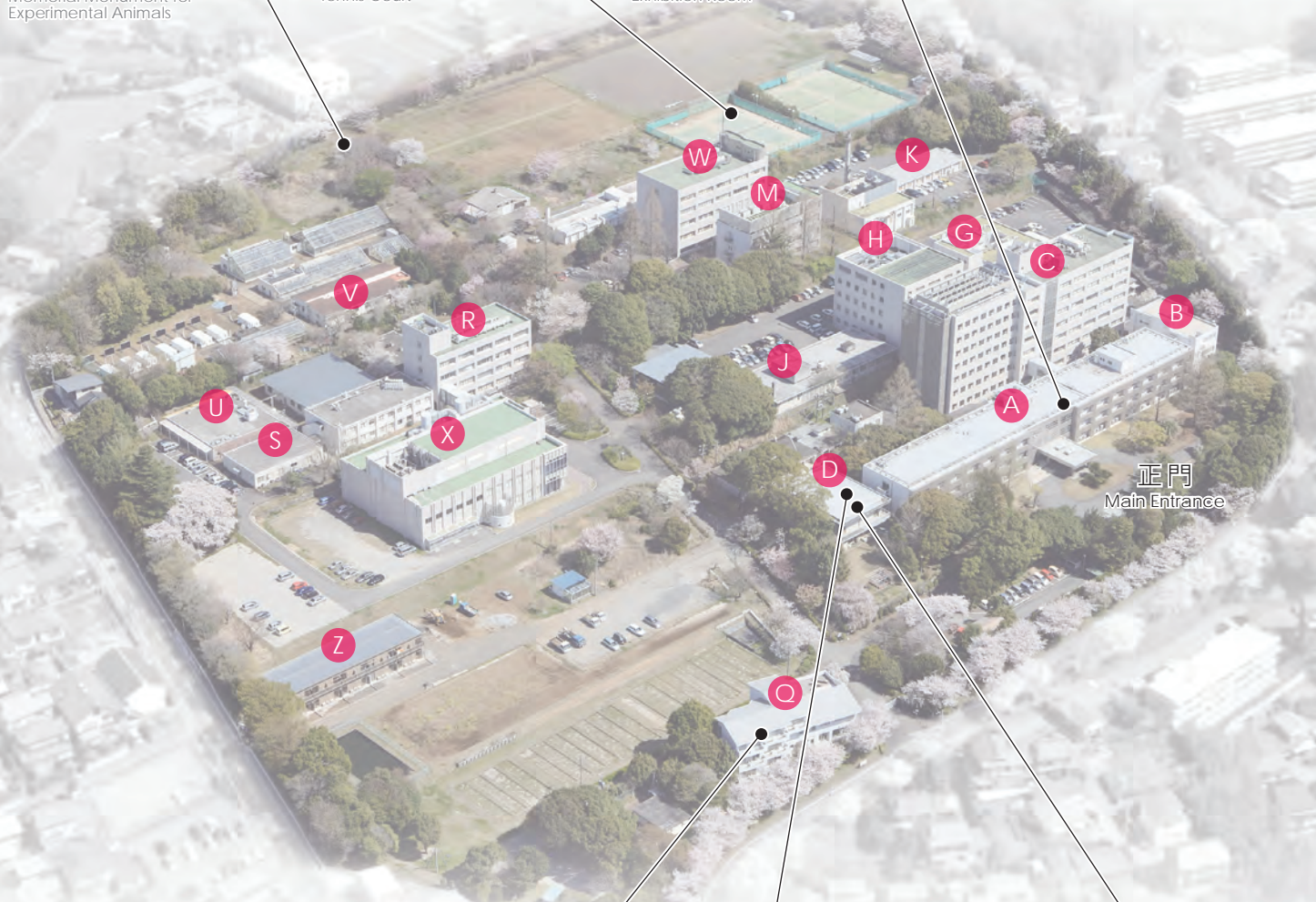
実験動物慰霊碑
Memorial Monument for
Experimental Animals



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
- 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** 職員宿舍
Official Residence

研究所の敷地と建物

土地総面積 106,946㎡
Institute Facilities and Grounds

内訳
Details { 研究所敷地 95,080㎡
Institute area
宿舎敷地 11,866㎡
Residential area

建築面積 15,613㎡
Building area

建物延面積 37,559㎡
(Total floor space)

(2014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

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

□ 新分野創造センター

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

□ 系統生物研究センター

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

□ 構造遺伝学研究センター

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

□ 生命情報研究センター

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

□ 実験圃場

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

□ 放射線・アイソトープセンター

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

■ 生物遺伝資源センター

生命科学を先導する様々なバイオリソースを開発し、それらの維持と国内外の大学や研究機関への分譲を行っている。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、様々な生命情報データベースを遺伝研サーバーコンピュータ上およびWWWサービスとして公開すると共に、これらの生命情報データの有効活用のため、各種解析ツールや計算環境を広く提供して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 designed 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 (INSDC), with ENA/EBI in Europe and NCBI in USA as the two other members. INSDC is an international academic project to cover sequence data that are open to public through the papers and patents, and to maintain these data as public domains. We provide these databases maintained by DDBJ and others, and software tools for data analyses developed by DDBJ and others through web services or on NIG Supercomputer, in order to contribute to studies for information biology.

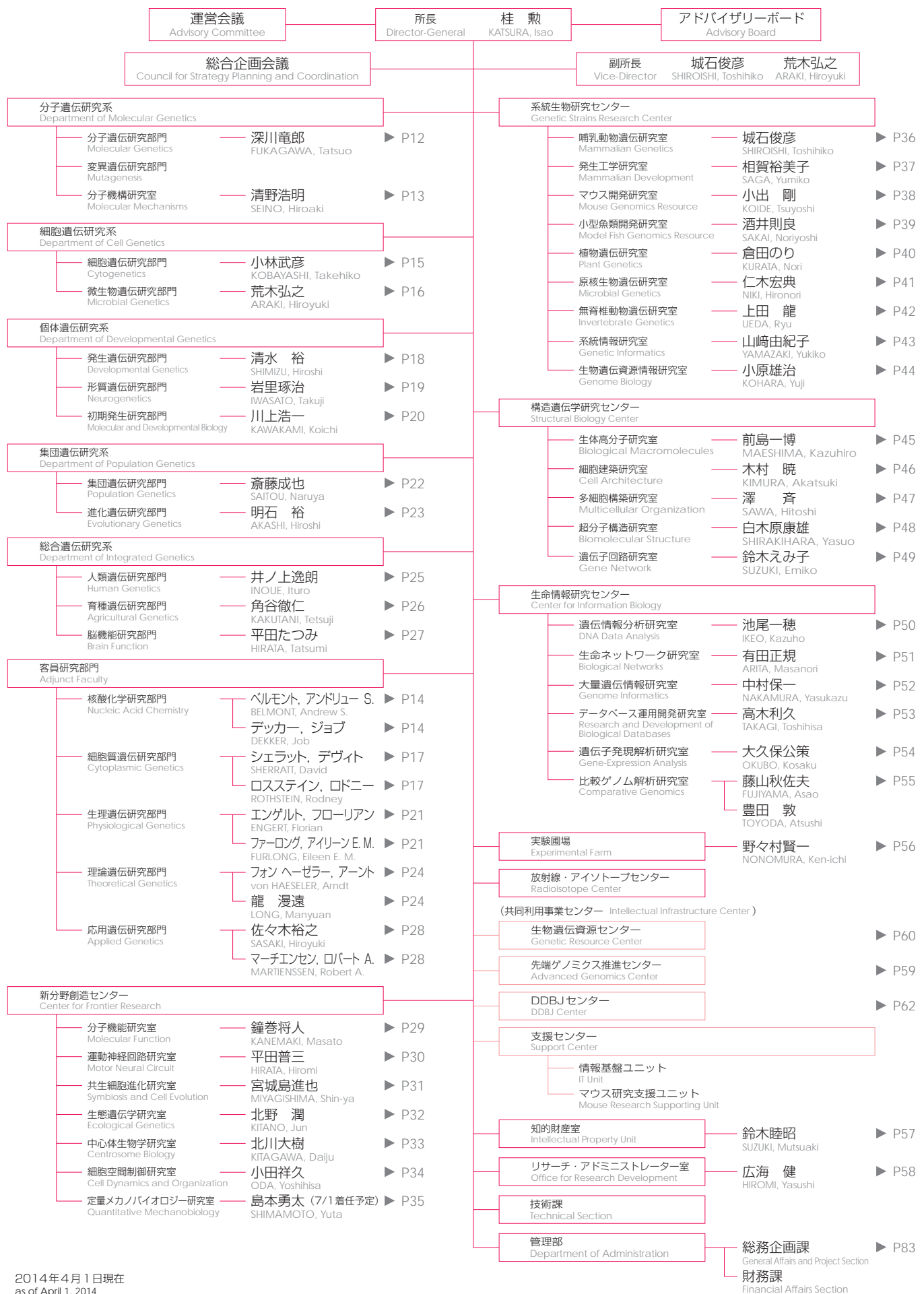
■ IT Unit

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

■ Mouse Research Supporting Unit

In order to facilitate mouse research in NIG, the unit offers services such as embryo freezing, in vitro fertilization, mouse cleaning, and transgenic production.

組織 Organization



2014年4月1日現在
as of April 1, 2014

染色体構造と機能

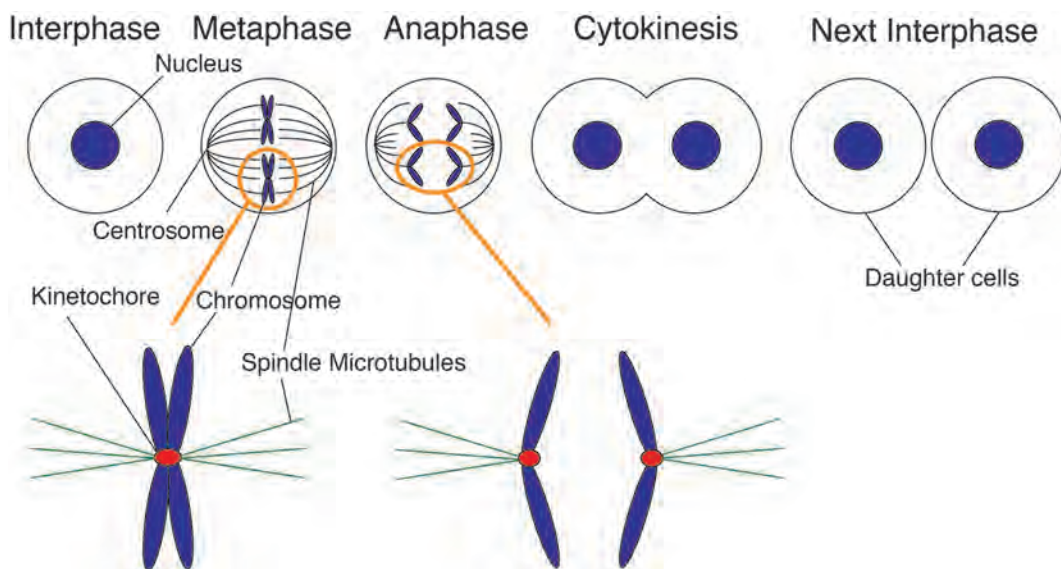
Structure and function of chromosomes in vertebrate cells

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, Tatsuo
D. Sc., Professor



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



西野達哉 助教 博(医)
NISHINO, Tatsuya
D. M., 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。

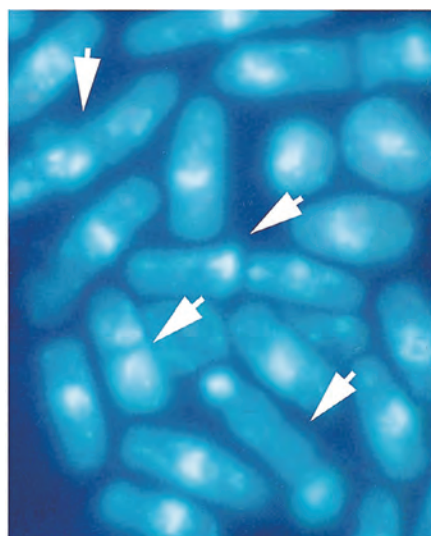
現在、以下のプロジェクトを行っています。

- 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.

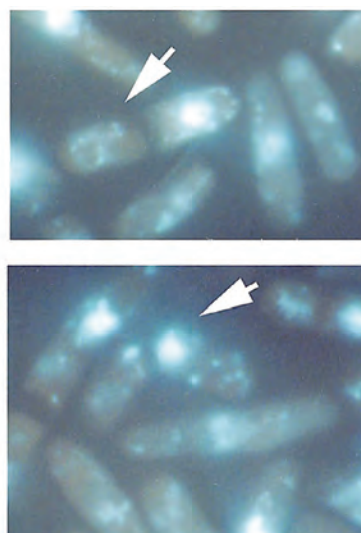
The projects that we are carrying are below.

- 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>

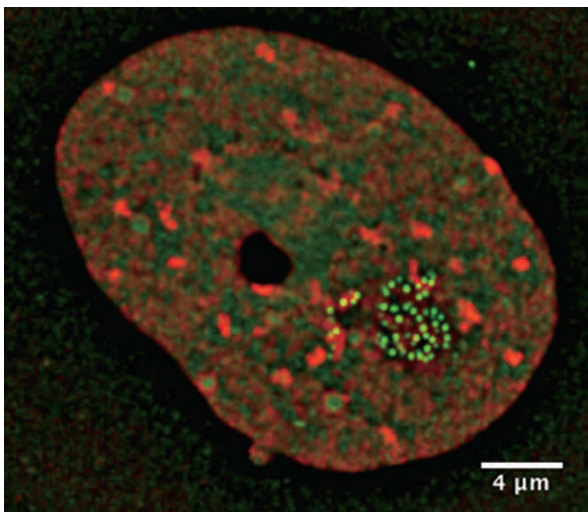


清野浩明 助教 博(理)
SEINO, Hiroaki
D. Sc., Assistant Professor

クロマチンの高次構造とダイナミクス Large-scale chromatin structure and dynamics

私たちはクロマチンがどのように間期や分裂期染色体に折り畳まれ、そして染色体がどのように組織化され、そのダイナミックな振る舞いが、転写の活性化のようなDNAの機能に、どのように影響を及ぼしているのかに注目して研究をおこなっている。そのために私たちは人為的に構築した染色体領域を可視化・操作するシステムを世界に先駆けて開発した。その結果、転写は高度に凝縮したクロマチン上で起こり、遺伝子の活性化によって、大規模なクロマチンの脱凝縮が起こることが見出された。さらに私たちは、転写因子の結合や遺伝子の活性化に従って、その染色体領域がダイナミックに動くことを明らかにした。

Our research focuses on how chromatin folds into interphase and mitotic chromosomes, how chromosomes are organized and move within interphase nuclei, and how chromosome organization and dynamics impact DNA functions such as transcriptional activation. We have pioneered methods for visualizing and manipulating engineered chromosome regions to explore these questions. Major findings include demonstrations that transcription typically occurs on a highly condensed template and that gene activation results in large-scale chromatin decondensation. We have also demonstrated directed interphase chromosome movements of up to several microns with transcription factor tethering or gene activation.



図一 ES細胞から分化したマウス繊維芽細胞に、導入されたDHFR BACアレイ(緑のドット)がGFPラックリプレッサーシステムによってラベルされている。DNAはDAPIによって染色されている(赤)。
Figure - DHFR BAC transgene array (green dots) visualized by lac operator/ GFP-lac repressor system in mouse fibroblast differentiated from ES cell. DNA stained with DAPI (red).

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

Belmont研究室 Belmont group

<http://mcb.illinois.edu/faculty/profile/asbel/>

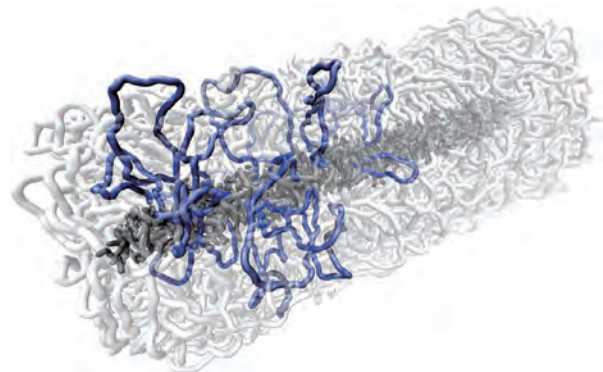


ベルモント, アンドリュー S.
客員教授(イリノイ大学教授)
BELMONT, Andrew S.
Visiting Professor (University of Illinois at Urbana-Champaign)

染色体の折りたたみ構造 Chromosome folding

19世紀に染色体が発見されて以来、細胞核内でどのように染色体が折り畳まれるかという疑問に答える研究は、細胞生物学の魅力ある課題です。クロマチンの3次元構造は、遺伝子発現、ゲノム複製、分配などのすべての細胞核内でのイベントに深く関わっているため、染色体が折り畳まれるメカニズムを理解することは、極めて重要な研究です。しかしながら、過去数十年の染色体研究では、これに関する多くの問題は、まだ未解決です。我々は、この問題に答えるために、Chromosome Conformation Capture(3C)法を開発し、この方法をゲノムワイドで適用できる5C法やHi-C法へと応用しています。このような方法を駆使して、染色体が折り畳まれるために必要な分子あるいは物理的な基本原理を理解することを目指しています。

How long chromosomes are folded to fit inside the nucleus has been one of the most fascinating questions in cell biology every since chromosomes were discovered in the 19th century. Understanding chromosome folding is critical as the three-dimensional structure of chromatin plays roles in almost all nuclear processes including regulation of gene expression, maintenance of genome stability and chromosome transmission during cell division. Yet, despite decades of studies many questions remain unanswered. To address this we developed Chromosome Conformation Capture (3C), and several high-throughput variants, e.g. 5C and Hi-C, that allow the determination of chromosome folding at increasing resolution (Kb) and scale (genome-wide). Using these methods we have started to uncover molecular and physical principles that determine chromosome folding.



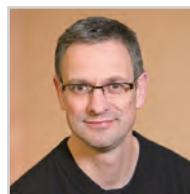
図一 分裂中期の染色体は、細胞内で最も認識できる構造体であるにもかかわらず、その高次構造の実体には、謎な点が多くあります。3C法とシュミレーションを組みあわせて、我々が提唱している分裂中期の染色体のモデル図を示します。クロマチン繊維が染色体の軸構造にそって直線上に配置し、その周りをループが取り囲み、凝縮した染色体が形成されます。

Figure - Mitotic chromosomes are arguably to most widely recognized structures in the cell, yet their organization has remained enigmatic. By combining 3C-based methods with polymer simulations we have built a model of the mitotic chromosome: the chromatin fiber first forms a linear array of consecutive loops that then is compressed to form the final condensed mitotic chromosome.

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

Dekker研究室 Dekker Group

<http://my5c.umassmed.edu/welcome/welcome.php>



デッカー, ジョブ
客員教授(マサチューセッツ医科大学教授)
DEKKER, Job
Visiting Professor (University of Massachusetts Medical School)

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」細胞をゲノムDNAの再生機構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壊れやすい領域が存在します。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。

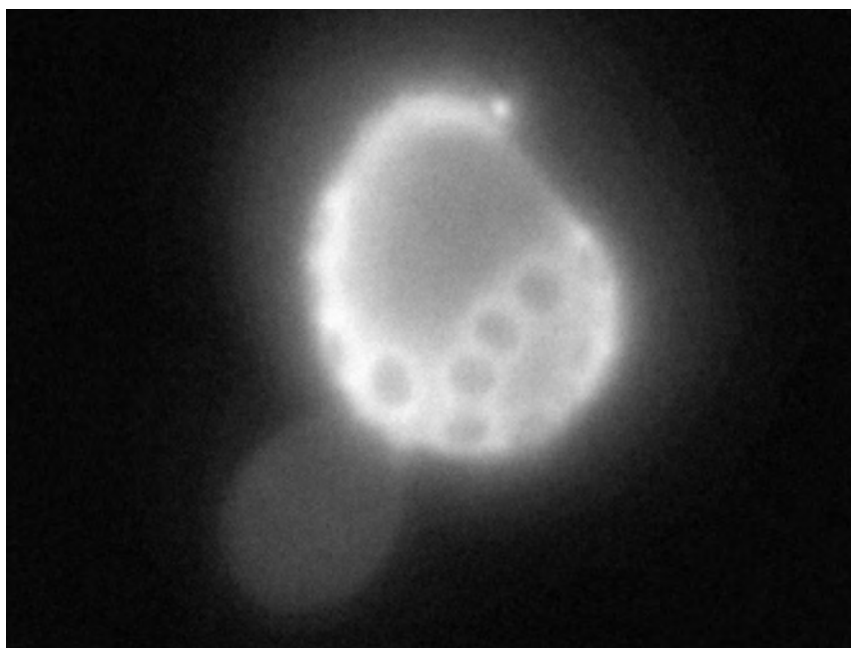
主な研究テーマ

- ゲノム再生の分子機構
- 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、再生した娘細胞を生み出す(左下の小さい細胞)。一方母細胞(右上の大きい細胞)は分裂の度に老化が進み約20回の分裂後死んでしまう。母細胞の丸い輪は娘細胞を生んだ痕。

Figure - The Moment of Rejuvenation

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

Saka, K., Ide, S., Ganley, A.R.D. and Kobayashi, T. (2013). Cellular senescence in yeast is regulated by rDNA noncoding transcription. *Curr. Biol.* 23, 1794-1798.

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.

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(理)
IIDA, Tetsushi
D. Sc., Assistant Professor



赤松由布子 助教 博(理)
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

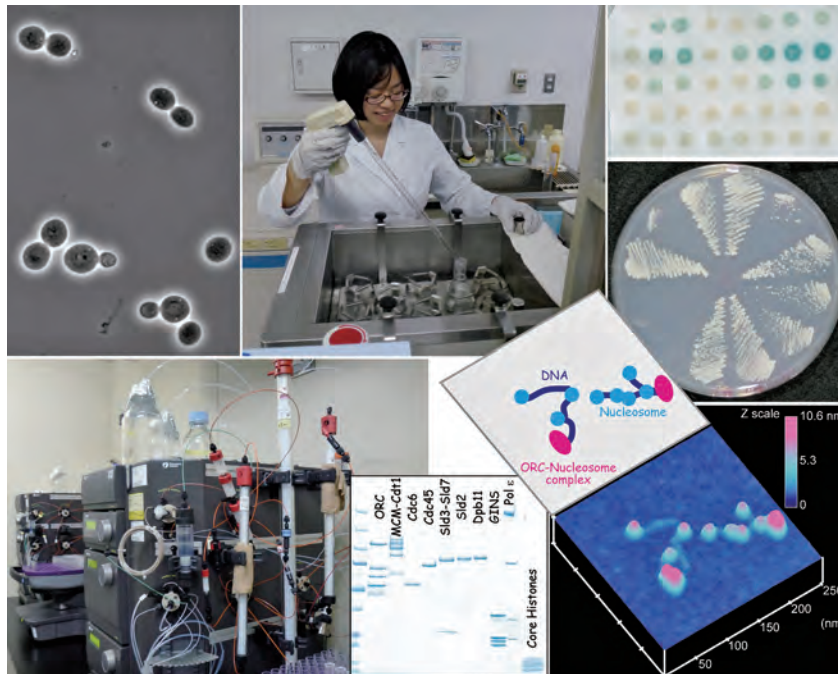
Molecular mechanism of eukaryotic DNA replication in the cell cycle

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, Polε 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 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.

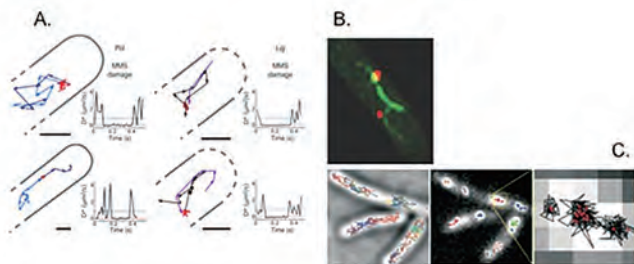


図1 図A DNAポリメラーゼIとDNAリガーゼのそれぞれ1分子の大腸菌細胞内での動きのトレース。図B 相同組換えによるDNA鎖切断の修復。相同染色体遺伝子座(赤), 相対形成を行なっているRecAタンパク質(緑)
図C 複製起点と会合して固定化しているMukBEF複合体(右と中央), 自由に拡散している分子の動きのトレース。

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, デヴィット
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曝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.

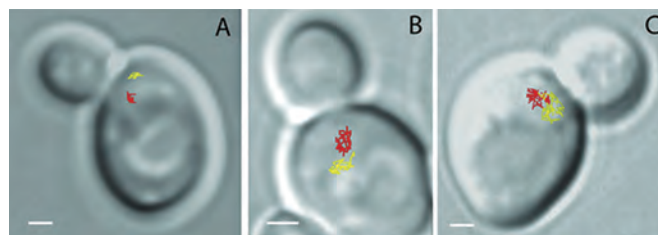


図2 DNAダメージによる染色体の動態変化
赤と黄色の線は15分間に染色体が動いた軌跡を示しています。(A) 染色体切断(ダメージ)なし:染色体は核容積の3%程度の小さな動きしか示しません。(B) 1~4個のDNA切断が入ると染色体は核容積の11%を動き回るようになります。(C) 約20個のDNA切断が入ると染色体は核の中をまんべんなく広範囲に渡って動き回るようになります。このようにダメージを受けた染色体は組換え修復の「相手」探しはげしく動きまわるようになります。白線は1μm。

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 1μm.

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)

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にか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).

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

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.* 357, 419-424.

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

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

哺乳類の脳は高度な情報処理を行います、その基盤となるのは、精密に構築された複雑な神経回路です。哺乳類の神経回路が発達し機能する分子・細胞機構を、マウス遺伝学(遺伝子ノックアウトなど)、二光子顕微鏡、共焦点顕微鏡、組織学、行動解析など幅広い技術を用いて研究しています。

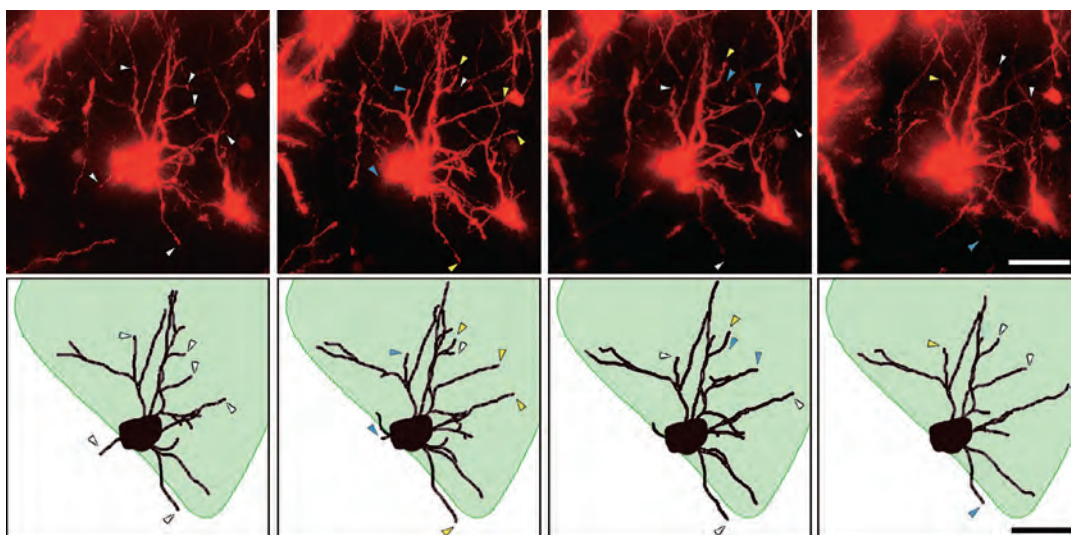
主に以下の二つのテーマに取り組んでいます。

- 大脳皮質神経回路の神経活動依存的発達: ヒトの脳表面の大部分を占める大脳皮質は、哺乳類に特有の脳構造であり、知覚、随意運動、思考、記憶など様々な高次脳機能を担います。大脳皮質の神経回路は、生まれた後、外界などから入る様々な刺激の影響を強く受けながら発達します。大脳皮質神経回路の生後発達の分子・細胞機構を、マウス体性感覚野(バレル野)をモデルとして研究しています。
- 神経回路発達における RacGAP α キメリンの役割: 神経回路形成は神経細胞の形(樹状突起、軸索、シナプスなど)の変化を伴います。細胞骨格の制御に関わる α キメリン蛋白質を軸に神経回路の発達と機能を研究しています。

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 using a wide range of techniques, such as mouse genetics (gene knockout), 2-photon microscopy, confocal microscopy, histology and behavioral analyses, we are studying mechanisms of development and function of mammalian neuronal circuits.

Specific Aims:

- Activity-dependent development of neural circuits in the neocortex:
We are using mouse somatosensory cortex as an ideal model system of activity-dependent circuit maturation.
- Roles of RacGAP α -chimerin in neural circuit development and function:
We are studying roles of α -chimerin in various aspects of neuronal circuit development and function such as axon guidance, synapse formation and learning and memory.



図一 二光子顕微鏡によって観察した、新生仔マウスバレル野第4層の神経細胞が正常に成長する様子。樹状突起の先端(矢頭)が伸び縮みしていることがわかります。(4.5h, 9h, 18hの白の矢頭:変化しなかった枝。黄色の矢頭:伸びた枝。青色の矢頭:縮んだ枝。緑色の部分は視床-軸索終末のクラスター。)

Figure - Two-photon images of an RFP-labeled neuron in the barrel cortex at P5. Morphological changes during the 18-h-long. Arrowheads: dendritic tips (yellow: elongated; white: stable; blue: retracted). Green: barrel center filled with thalamocortical axon terminals.

Publications

Mizuno, H., Luo, W., Tarusawa, E., Saito, Y.M., Sato, T., Yoshimura, Y., Itohara, S., and Iwasato, T. (2014). NMDAR-regulated dynamics of layer 4 neuronal dendrites during thalamocortical reorganization in neonates. *Neuron*, *in press*.

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*, 5931-5943.

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.

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 博(理)
IWASATO, Takuji
D. Sc., Professor



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

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

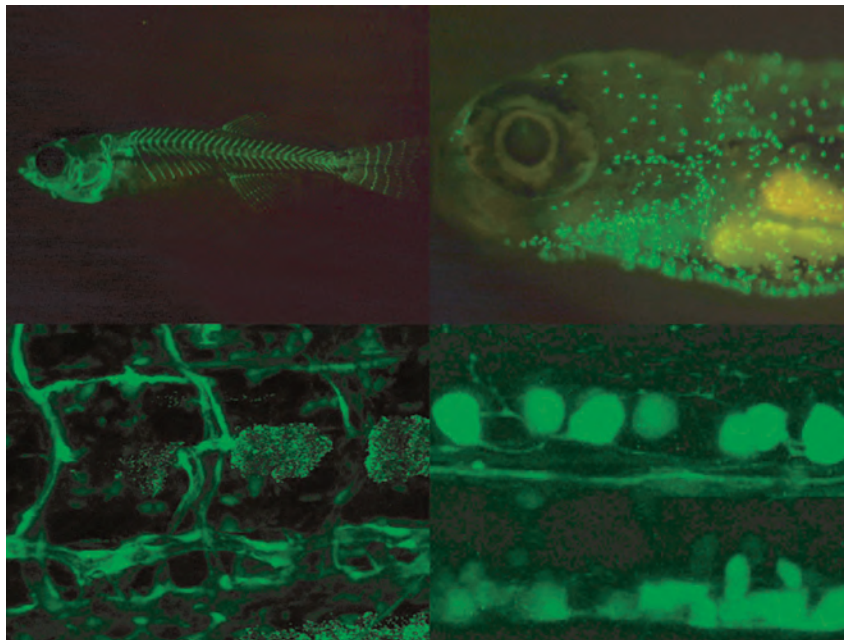
The genetic basis of development and behaviors in zebrafish

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できました。

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おり、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, and 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 in zebrafish for the first time. 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 serve as valuable resources for the studies of developmental biology and neuroscience. We have applied 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.

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

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.

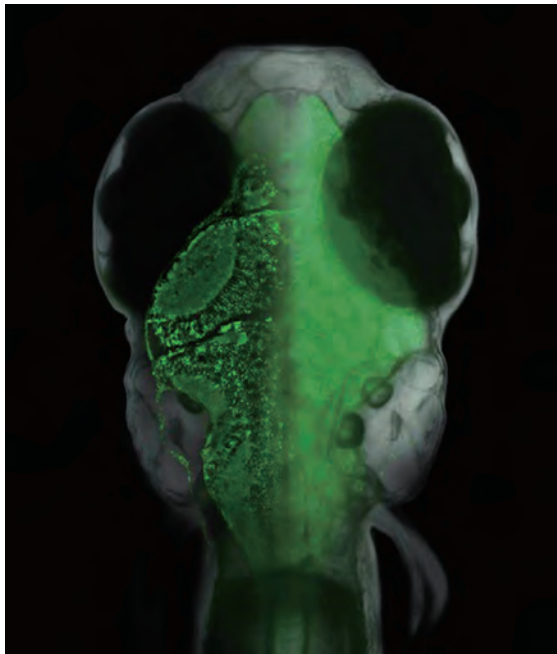
Asakawa, K., Abe, G., and Kawakami, K. (2013). Cellular dissection of the spinal cord motor column by BAC transgenesis and gene trapping in zebrafish. *Front Neural Circuits* 7:100.

Wada, H., Ghysen, A., Asakawa, K., Abe, G., Ishitani, T., and Kawakami, K. (2013). Wnt/Dkk negative feedback regulates sensory organ size in zebrafish. *Current Biology* 23, 1559-1565.

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.



図一 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(ハーバード大学教授)

ENGERT, Florian
Visiting Professor (Professor, Harvard University)

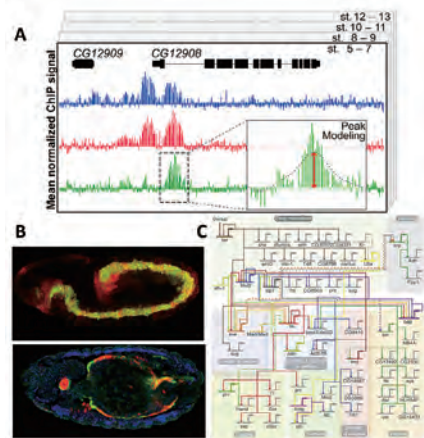
発生における転写調節ネットワーク Transcriptional control during development

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擾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測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.



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

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

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 E. M.
客員教授 (EMBL ゲノム生物学ユニット長)

FURLONG, Eileen E. M.
Visiting Professor (Joint Head of Unit and Senior Scientist, EMBL)

ゲノムレベルにおける生物進化

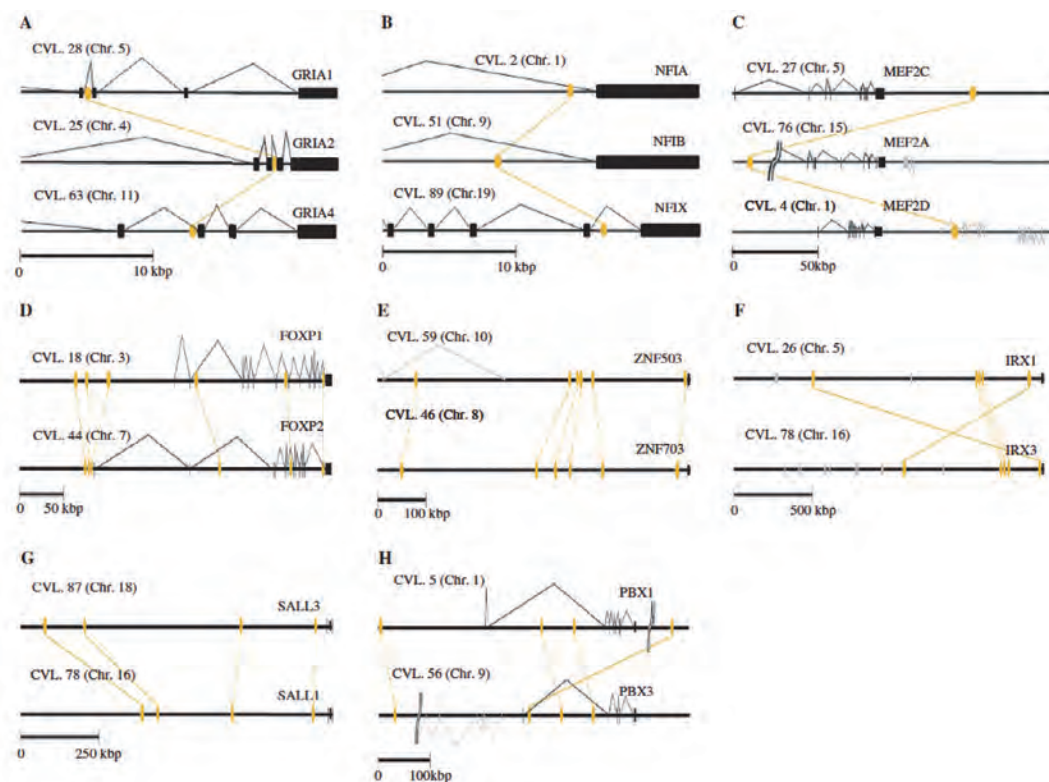
Evolution of organisms at genomic level

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。特に現代人集団の進化と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。

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

- 古代DNA解析をふくめた、さまざまな人類集団のゲノム規模データの解析
- 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
- ゲノム進化学研究に有用な解析法の開発
- 重複遺伝子進化の解析

- 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.
- Analysis of genome evolution: We study lineage-specific evolutionary changes at different levels of organism groups, such as vertebrates, mammals, primates, and human.
- Development of methods useful for evolutionary genomic studies
- Analysis of gene duplication during evolution



図一 脊椎動物ゲノムにおいて傍系相同CNS(進化的に保存された非コード配列)の位置。オレンジ色の楕円が傍系相同CNSであり、それらの近傍に位置するタンパク質コード領域は黒色で示してある。(松波と齋藤[2013]より)

Figure - The locations of paralogous CNS (Conserved Non-coding Sequences) in vertebrate genomes. The orange ellipse is paralogous CNSs, and protein-coding regions of paralogous CNS-harboring genes are represented by black boxes. (From Matsunami and Saitou [2013])

集団遺伝研究部門 Division of Population Genetics

齋藤研究室 Saitou Group

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



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



ジナム, ティモシー A. 助教 博(理)
JINAM, Timothy A.
D. Sc., Assistant Professor

Publications

Kanzawa-Kiriyama, H., Saso, A., Suwa, G., and Saitou, N. (2013). Ancient mitochondrial DNA sequences of Jomon teeth samples from Sanganj, Tohoku district, Japan. *Anthropological Science* 127, 89-103.

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

Jinam, T. A., Hong, L.-C., Phipps, M. A., Stoneking, M., Ameen, M., Edo, J., Pan-Asian, SNP Consortium, and Saitou, N. (2012). Evolutionary history of continental South East Asians: "early train" hypothesis based on genetic analysis of mitochondrial and autosomal DNA data. *Molecular Biology and Evolution* 29, 3513-3527.

集団遺伝とゲノム進化

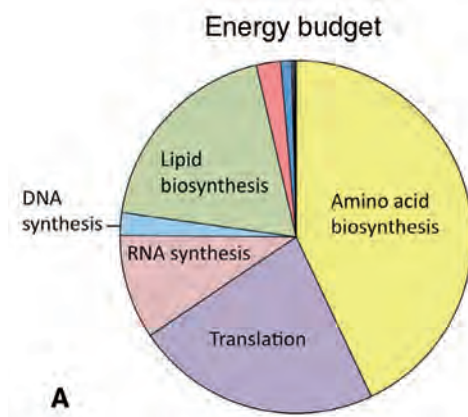
Population genetics and genome evolution

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.



図一 A) バクテリアでの生合成にかかるエネルギーの割合。バクテリアの細胞では約75%のエネルギーがタンパク質合成に使われています (Neidhardt *et al.* 1990)。B) エネルギーコストに関わるタンパク質の進化。枯草菌のゲノムを見てみると、量の多いタンパク質はコストの安いアミノ酸を使って合成されていることが分かります。

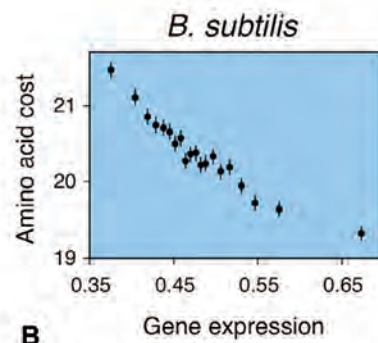


Figure - Metabolic economics and microbial proteome evolution. A) Chemical energy allocations for biosynthesis of a bacterial cell. About 75% of the budget is used for protein synthesis. Based on data from *E. coli* (Neidhardt *et al.* 1990). B) Protein adaptation for energetic efficiency. In *Bacillus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

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.

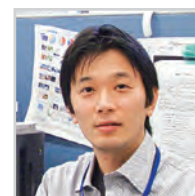
進化遺伝研究部門 Division of Evolutionary Genetics

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

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。

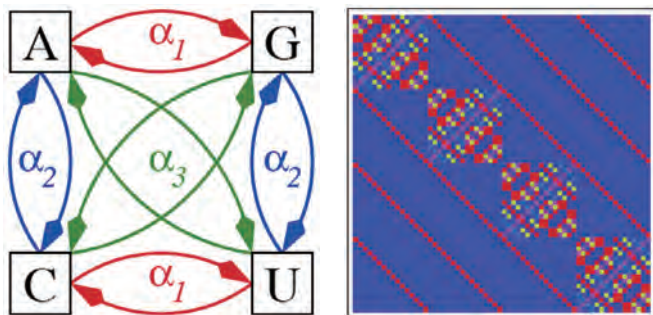
- 系統推定のためのアルゴリズムやモデルを開発しています。それらをもとにして、平行・分散環境における効果的なプログラムを開発しています。それらの応用として、動物と菌類の進化史を研究しています。
- 最近になって、我々は系統樹に依存した塩基置換行列で進化過程を記述する配列進化の新しい観点を提唱しました。この1ステップ突然変異行列は、モデルで使われている仮定の妥当性を検定したり、整列中から他とは異なる進化をしている領域を検出したり、あるいは配列進化で通常用いられるマルコフモデルからの逸脱を与えるシミュレーションにも用いることができます。
- 私たちは、大量塩基配列データの解析にもとりかかっています。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

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 ハーゼラー, アーント
客員教授 (ウィ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)

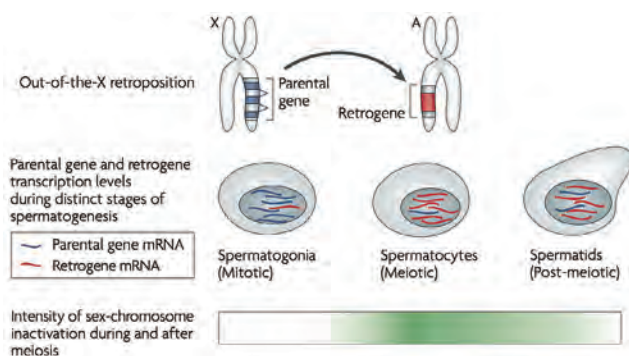
新しい遺伝子の起源と進化 Origin and evolution of new genes

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

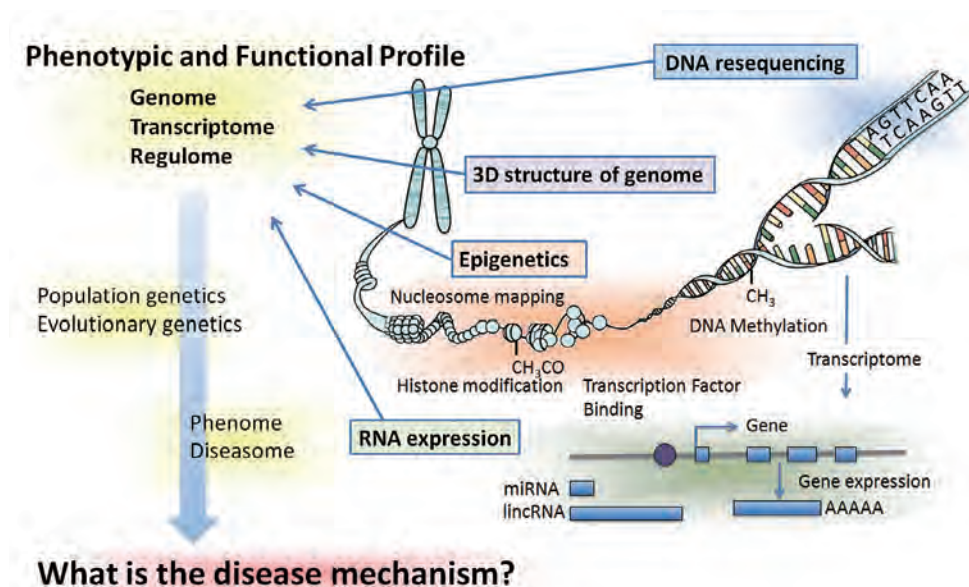
Genomic medicine with next generation sequencing technology

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により、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 pathophysiology
- 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.

Publications

Jinam, T.A., Nakaoka, H., Hosomichi, K., Mitsunaga, S., Okada, H., Tanaka, A., Tanaka, K. and Inoue, I. (2013). HLA-DPB1*04:01 allele is associated with non-obstructive azoospermia in Japanese patients. *Hum Genet* 132, 1405-1411.

Hosomichi, K., Jinam, T.A., Mitsunaga, S., Nakaoka, H. and Inoue, I. (2013). Phase-defined complete sequencing of the HLA genes by next-generation sequencing. *BMC Genomics* 14, 355.

Nakaoka, H., Mitsunaga, S., Hosomichi, K., Liou, S.Y., Sawamoto, T., Fujiwara, T., Tsutsumi, N., Suematsu, K., Shinagawa, A., Inoko, H. and Inoue, I. (2013). Detection of ancestry informative HLA alleles confirms the admixed origins of Japanese populations. *PLoS One* 8, e60793.

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
D. M., Professor



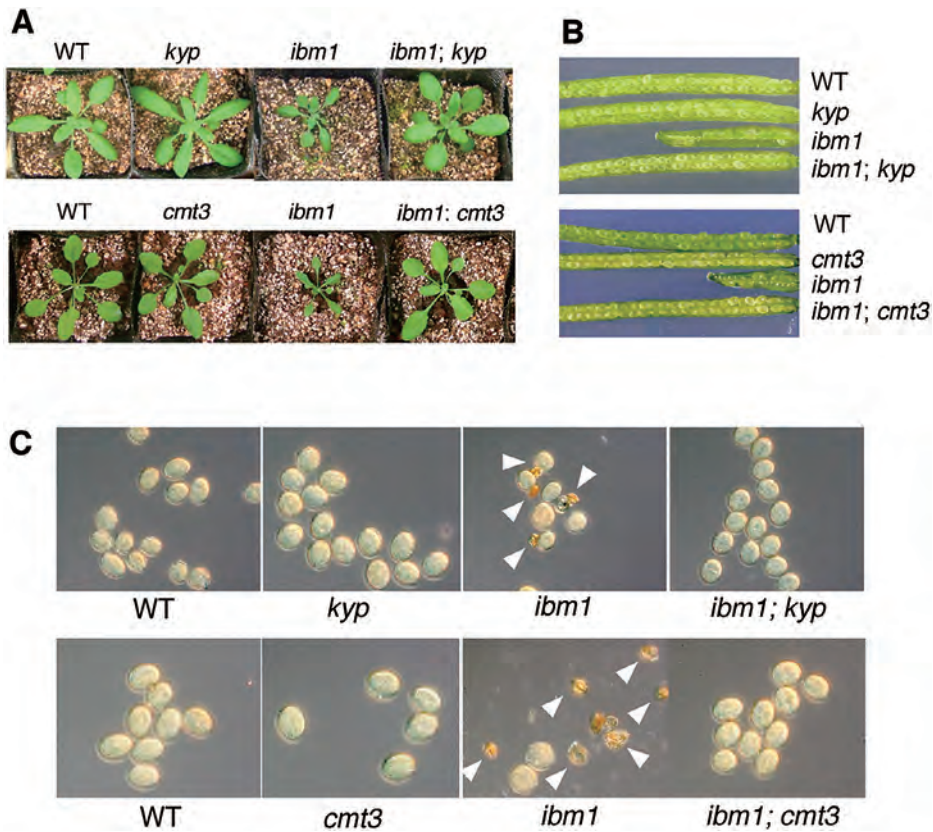
細道一善 助教 博(農)
HOSOMICHI, Kazuyoshi
D. Agr., Assistant Professor

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く、生物で観察されます。このような「エピジェネティック」な現象の実体は、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.

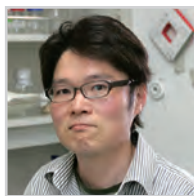
育種遺伝研究部門 Division of Agricultural Genetics

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. Ag., Assistant Professor



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

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

神経発生から眺める脳機能

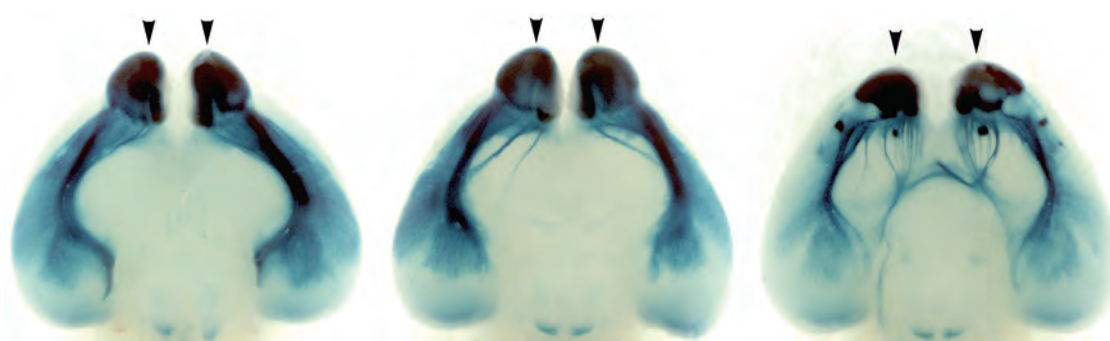
Approaching brain function through studying development of nervous systems

脳は膨大な数の神経細胞が織りなす回路です。遺伝子に記された発生プログラムに従って、神経細胞が生まれ、移動し、軸索を伸長して、標的細胞と配線されて作られます。この配線パターンが、動物の行動や思考といった脳機能の特徴を決めています。経験や学習によって柔軟に変化できる脳ですが、実のところ、いったん作られた配線のほとんどは固定されており、書き換え不能です。当研究室では、発生期につくられる神経回路の配線のルールを理解する事で、脳の頑固な部分に迫りたいと考えています。具体的には次のテーマで研究しています。

- 嗅覚中枢神経回路と機能の研究
- 神経細胞移動の研究
- 軸索ガイドの研究
- 脳構造の進化的研究

The brain circuitry is made up of an enormous number of neurons. It is constructed by sequential developmental steps, such as neuronal differentiation, migration, axon guidance, and target recognition, under the genetic control. The resulting wiring patterns determine the characteristics of animals' behavior and mental activities. Although the brain has a plastic feature and can change through learning and adapting, the core element of brain circuitry is almost fixed and non-rewireable after the completion. We focus on this rigid feature of the brain constructed by the rules of neural development and are trying to examine how the developmental wiring design can shape brain function. We are currently pursuing the following projects.

- Central Olfactory Circuits and Function
- Neuronal Migration
- Axon Guidance
- Evolution of Brain Architecture



図一 遺伝子型の異なる3匹のマウス胚終脳を腹側からみた写真。左右前端部の嗅球(矢じり)の神経細胞と軸索が青く染まっている。(左)正常脳では、軸索は腹側の脳を避けるように弧を描いて伸びて神経回路を作る。(中・右)軸索ガイド分子遺伝子を欠損したマウス脳では、軸索の伸長パターンが乱れ、異所的回路が作られる。

Figure - Ventral aspects of three mouse embryonic brains with different genotypes. Olfactory bulb (arrowheads) neurons and their axons are labeled in blue. (left) in the normal brain, olfactory bulb axons grow around the ventral brain part and make neural circuits. (middle, right) in mutant brains for axon guidance molecules, the axons ectopically grow and make aberrant connections.

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.

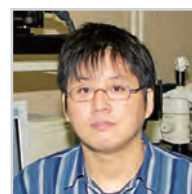
脳機能研究部門 Division of Brain Function

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 教授 博(医)
HIRATA, Tatsumi
D. M., Professor

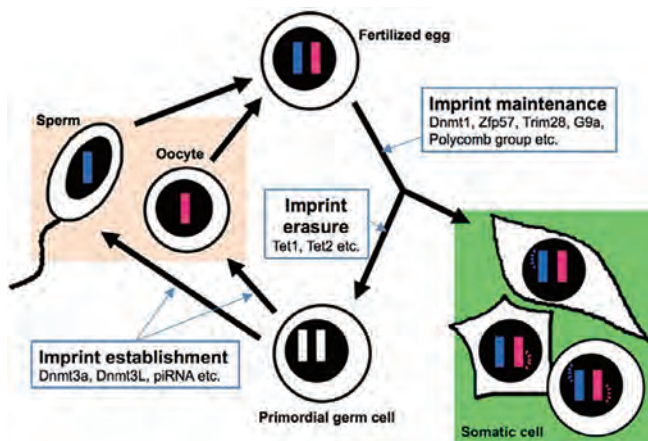


川崎能彦 助教 博(理)
KAWASAKI, Takahiko
D. Sc., Assistant Professor

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>

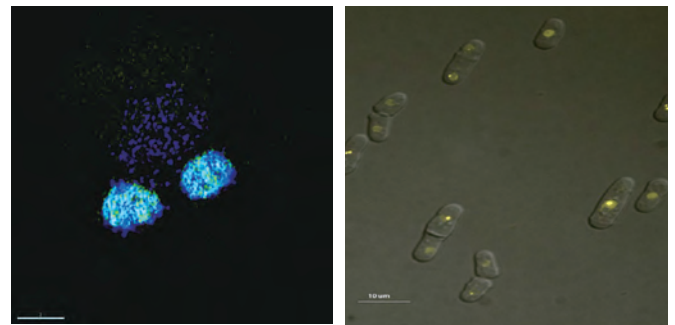


佐々木裕之
客員教授(九州大学教授)
SASAKI, Hiroyuki
Visiting Professor (Professor, Kyushu University)

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。私達は分裂酵母 *Schizosaccharomyces pombe* や植物 *Arabidopsis thaliana* を用いてヘテロクロマチン抑制とRNAiについて調べている。植物では、RNAiが生殖細胞の運命決定やトランスポゾン調節に重要なことがわかった。また分裂酵母では、DNA複製や組換えを調節することでRNAiやレトロトランスポゾンが転写抑制を仲介する。これらの機構の共通点から、高等生物のエピジェネティックな継承におけるRNAの役割が説明されるかもしれない。

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基の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/lb/jpn/index.html>



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

新たな遺伝学的アプローチを用いた、脊椎動物細胞におけるDNA複製と組換え修復のクロストーク解析

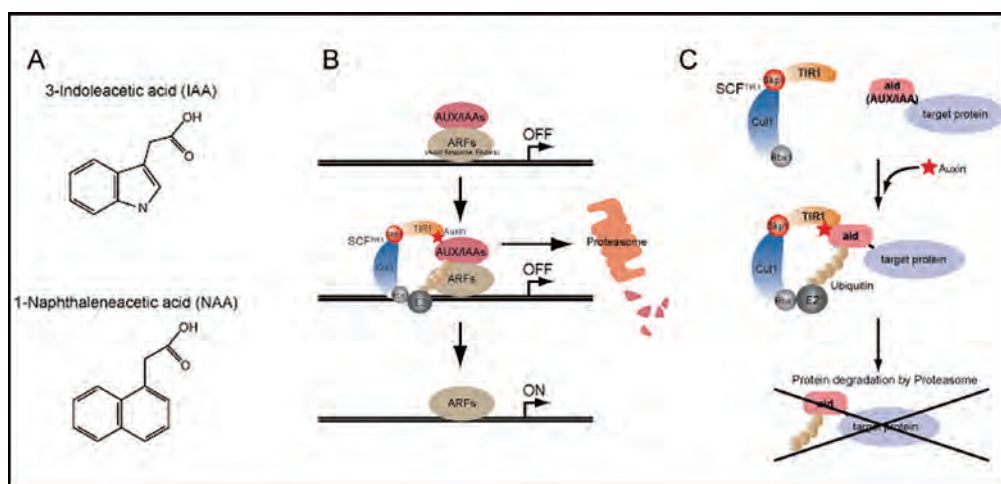
A new genetics to understand the crosstalk between DNA replication and recombination repair in vertebrate cells

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、脊椎動物細胞の染色体DNAがいかに維持されているのか、特にS期におけるDNA複製と組換え修復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
- 動物細胞遺伝学を発展させるための、新たな遺伝子改変法や変異細胞株作成法の開発

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 a 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 between DNA replication and recombination repair 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.

Publications

Kubota, T., Nishimura, K., Kanemaki, MT., and Donaldson, AD. (2013). The Elg1 Replication Factor C-like Complex Functions in PCNA Unloading during DNA Replication. *Molecular Cell*, 50, 273-280.

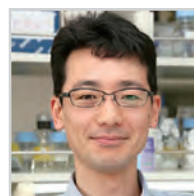
Nishimura, K., Ishiai, M., Horikawa, K., Fukagawa, T., Takata, M., Takisawa, H., and Kanemaki, MT. (2012). Mcm8 and Mcm9 Form a Complex that Functions in Homologous Recombination Repair Induced by DNA Interstrand Crosslinks. *Molecular Cell*, 47, 511-522.

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.

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



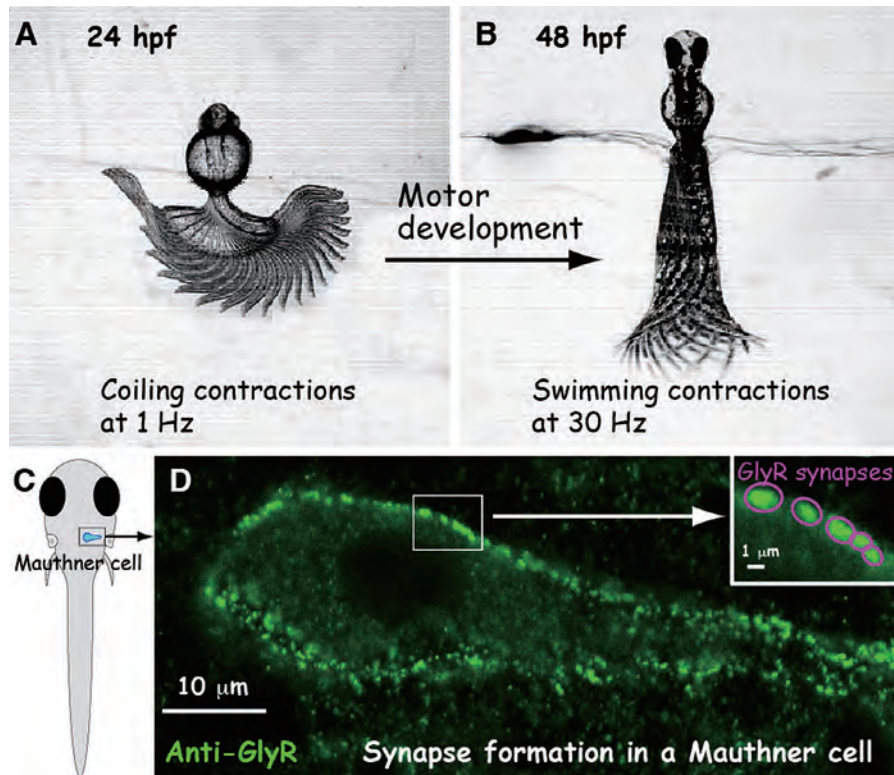
鐘巻将人 准教授 博(理)
KANEMAKI, Masato
D. Sc., Associate Professor

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 an essential 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.

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

Publications

Hirata, H., Ogino, K., Yamada, K., Leacock, S. and Harvey, R. J. (2013). Defective escape behavior in DEAH-box RNA helicase mutants improved by restoring glycine receptor expression. *J. Neurosci.* 33: 14638-14644.

Hirata, H.*, Nanda, I.*, van Riesen, A.*, McMichael, G.*, Hu, H.*, Hambrock, M., Papon, M.-A., Fischer, U., Maroullat, S., Ding, C., Alirol, S., Bienek, M., Preisler-Adams, S., Grimme, A., Seelow, D., Webster, R., Haan, E., MacLennan, A., Stenzel, W., Yap, T. Y., Gardner, A., Nguyen, L. S., Shaw, M., Lebrun, N., Haas, S. A., Kress, W., Haaf, T., Schellenberger, E., Chelly, J., Viot, G., Shaffer, L. G., Rosenfeld, J. A., Kramer, N., Falk, R., El-Khechen, D., Escobar, L. F., Hennekam, R., Wieacker, P., Hübner, C., Ropers, H.-H., Gecz, J., Schuelke, M., Laumonnier, F. and Kalscheuer, V. M. (2013). Mutations of ZC4H2 are associated with arthrogryposis multiplex congenita and intellectual disability and through impairment of central and peripheral synaptic plasticity. *Am. J. Hum. Genet.* 92: 681-695. (*Equal contribution)

Horstick, E. J., Linsley, J. W., Dowling, J. J., Hauser, M. A., McDonald, K. K., Ashley-Koch, A., Saint-Amant, L., Satish, A., Cui, W. W., Zhou, W., Sprague, S. M., Stamm, D. S., Powell, C. M., Speer, M. C., Franzini-Armstrong, C., Hirata, H.* and Kuwada, J. Y.* (2013). Stac3 is a component of the excitation-contraction coupling machinery and mutated in Native American myopathy. *Nat. Commun.* 4: 1952. (*Corresponding authors)

細胞内共生による異種細胞の統合進化機構の解明

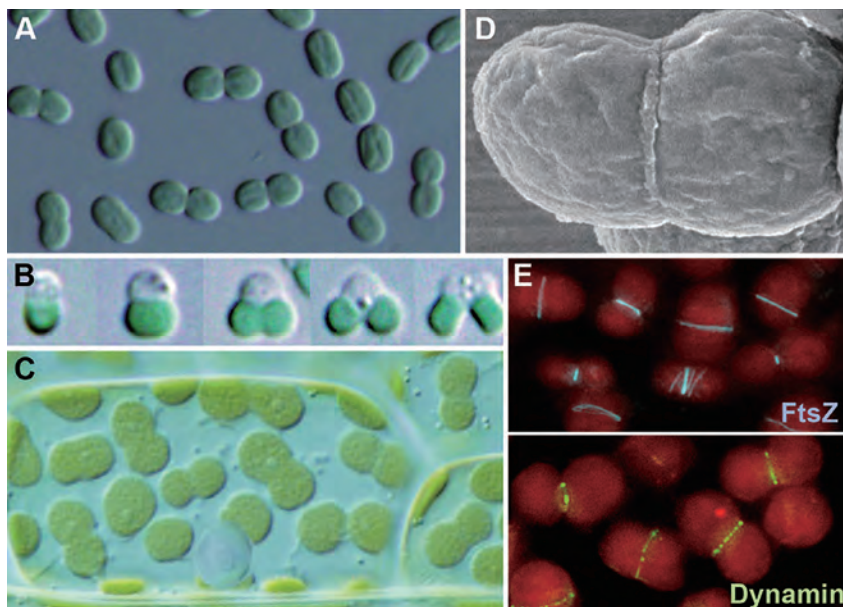
Evolutionary integration of two independent organisms by endosymbioses

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。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 relics 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).

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.

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

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、遺伝子操作法による分子機能解析に加え、ピオトープ池を用いたミ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.

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. M., Project Associate Professor

Publications

Yoshida, K., Makino, T., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Hasebe, M., Kawata, M., Kume, M., Mori, S., L. Peichel, C. L., Toyoda, A., Fujiyama, A., and Kitano, J. (2014). Sex chromosome turnover contributes to genomic divergence between incipient stickleback species. *PLOS Genetics*, *10*(3): e1004223.

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. *Journal of Evolutionary Biology* *26*: 1417-1430.

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

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

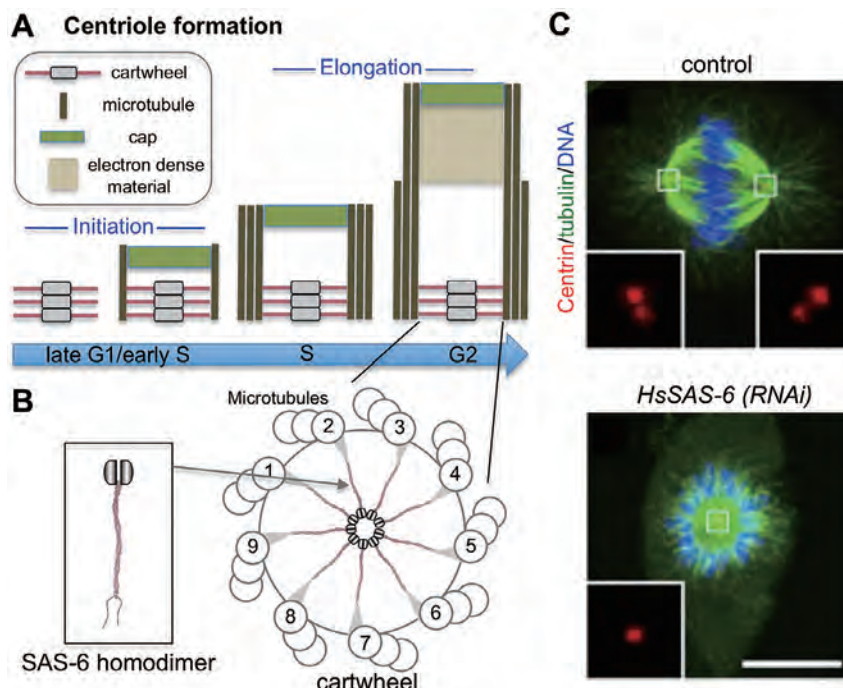
進化上保存された細胞小器官である中心体は微小管ネットワーク形成、ゲノム安定性維持を含む多様な生理現象を制御することで細胞がん化、遺伝病、不妊症を含む様々な疾患と密接に関与しています。これらの現象を司る上で、細胞分裂時に中心体は一度だけ自己複製する必要がありますが、そのメカニズムに関しては未解明な部分が多く、生物学の最大の謎の一つとされています。当研究室ではヒト培養細胞、マウス、線虫を材料とし、多彩な手法を融合することで中心体構築、複製、動態の基本原則を解明することを目指します。

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.

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.

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. Phar., Project Associate Professor

植物細胞の形態形成:空間を制御する分子システムの理解

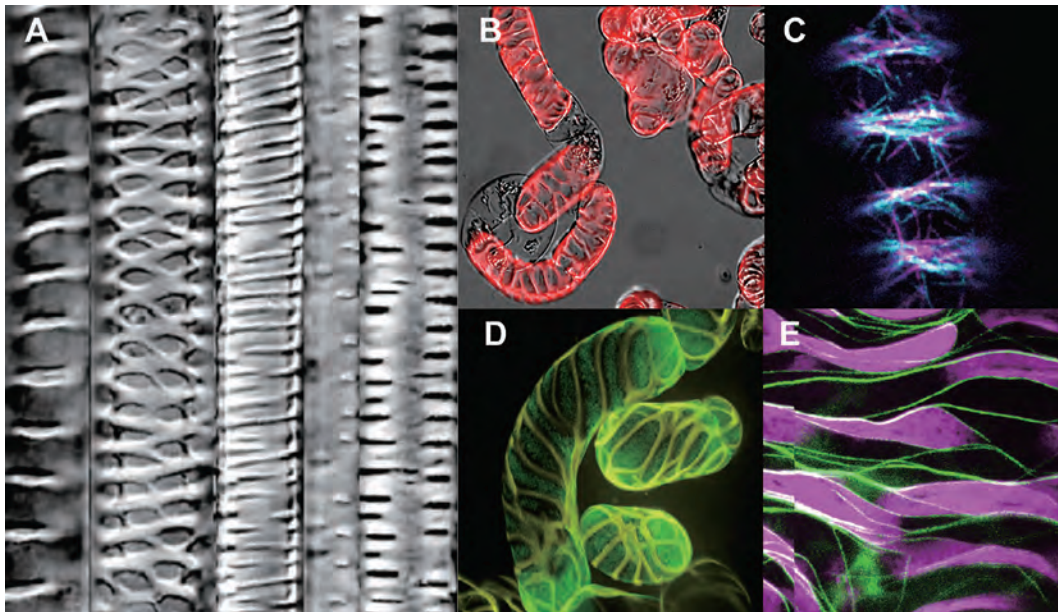
Molecular basis of plant cell morphogenesis

多細胞生物の発生は個々の細胞が適切な形態と機能を獲得することによって成し遂げられます。植物細胞は堅い細胞壁に覆われており、この細胞壁の沈着パターンを変化させることにより様々な細胞を作り出しています。私たちの研究室では、螺旋、網目、孔紋などのパターンに従って二次細胞壁を形成する木部道管に着目し、植物細胞が空間的なパターンを創り出す仕組みを研究しています。独自に開発した木部道管分化誘導系と細胞壁パターンの再構築実験系を用い、主に細胞骨格とRho GTPaseの働きを調べています。

- 表層微小管・アクチン繊維の制御因子の探索と機能解析
- 細胞骨格と細胞膜ドメインの相互作用の研究
- Rho GTPaseによる自発的な空間パターンの構築機構の研究
- 細胞壁パターン形成のモデリング

A specifically patterned cell wall is a determinant of plant cell shape. However, the precise mechanism underlying the cell wall patterning is still elusive. The main purpose of our study is to reveal how plant cells establish proper cell wall patterns. We focus on xylem vessel cells that deposit secondary cell walls in various patterns such as spiral, reticulate, and pitted patterns. By using our xylogenic cell culture system and pattern reconstruction assay, we have revealed that cortical cytoskeletons and Rho GTPases play a central role in the secondary cell wall patterning.

- Regulation of cortical microtubules and cortical actin microfilaments
- Spatial interaction between cortical cytoskeleton and plasma membrane domains.
- Spontaneous pattern formation by Rho GTPases
- Modeling of cell wall pattern establishment.



図一 A) 木部道管の様々な二次細胞壁パターン。B) 木部道管分化誘導系。二次細胞壁(赤)の沈着が認められる。C) 二次細胞壁の沈着を誘導する微小管。D) Rho GTPaseが活性化(緑)し、二次細胞壁(黄)の沈着を阻害している。E) 細胞壁パターンの再構築。Rho GTPase(紫)が細胞膜ドメインを形成し、微小管(緑)と相互作用している。

Figure - (A) Xylem vessels develop various secondary cell wall patterns. (B) Xylogenic Arabidopsis cultured cells. Red signals indicate secondary cell walls. (C) Cortical microtubules in the differentiating xylem cell. (D) Secondary cell walls (yellow) and plasma membrane domains (green). (E) Reconstruction assay for secondary cell wall patterns. Magenta: plasma membrane domains. Green: microtubules.

細胞空間制御研究室 Cell Dynamics and Organization Laboratory

小田研究室 Oda Group



小田祥久 准教授 博(生命科学)
ODA, Yoshihisa
D. Life Sc., Associate Professor

Publications

Oda, Y., and Fukuda, H. (2013). Rho of plant GTPase signaling regulates the behavior of Arabidopsis kinesin-13A to establish secondary cell wall patterns. *Plant Cell* 25, 4439-4450.

Oda, Y., and Fukuda, H. (2012). Initiation of cell wall pattern by a Rho- and microtubule-driven symmetry breaking. *Science* 337, 1333-1336.

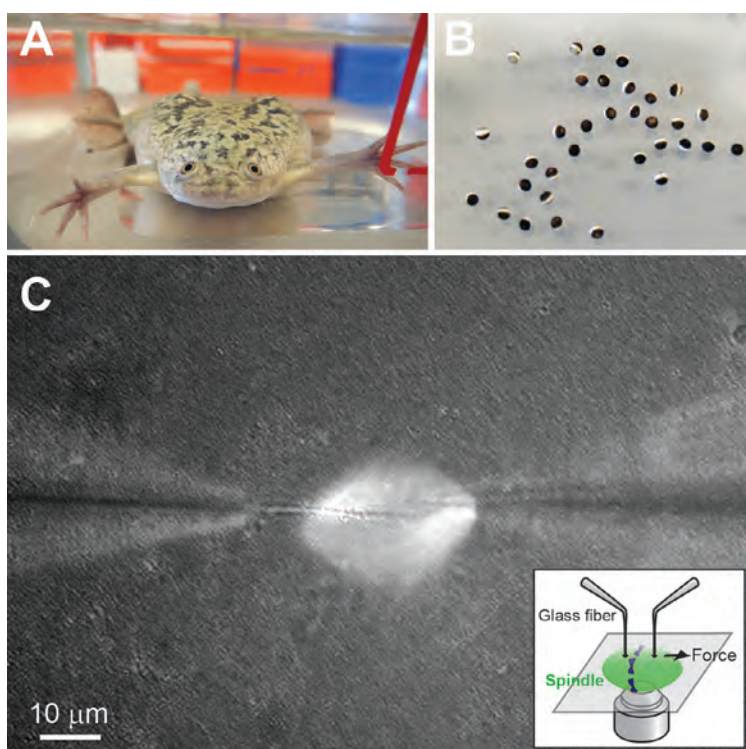
Oda, Y., Iida, Y., Kondo, Y., and Fukuda, H. (2010). Wood cell-wall structure requires local 2D-microtubule disassembly by a novel plasma membrane-anchored protein. *Curr Biol* 20, 1197-1202.

真核生物の染色体動態を制御する細胞のメカノケミストリー

Cellular Mechanochemistry Regulating Eukaryotic Chromosome Dynamics

細胞がメカニカルな力を感知して応答する能力は、細胞分裂や分化を初めとするさまざまな生命プロセスにとって必要不可欠です。私達の研究室では、レーザーピンセットやガラスファイバーを用いたマイクロマニピュレーション技術と高解像度の蛍光イメージング手法を用いて、遺伝子動態制御の中核を担う紡錘体や細胞核がどのような物理化学特性を備えているかを調べています。それらのメカニクスと分子反応ケミストリーの関係を定量的に明らかにすることを通して、細胞が規定された機械シグナルに適切に応答するためにどのように構造化されているかを理解し、最終的にはその知識を使って細胞の挙動を任意に制御することを目指して研究しています。

The cell's ability to sense and respond to mechanical forces is crucial to many biological processes, including cell division and differentiation. Our laboratory uses novel biophysical methods which combine controlled micromanipulation techniques (e.g., laser tweezers, glass microfibers) and high-resolution fluorescence microscopy (e.g., confocal and TIRF imaging) to characterize physicochemical nature of the mitotic spindle and the cell nucleus. Thorough quantitative analyses of their micromechanics and molecular biochemistry, we aim to understand the principles of how cells are structured to respond to defined mechanical cues and ultimately to control cellular behavior.



図一 (A) モデル生物として主に用いているアフリカツメガエル。メスの卵 (B) から調製される細胞質抽出液を用いて紡錘体や細胞核を *in vitro* 再構成し、顕微鏡下で直接力学操作することができる。(C) の写真は、抽出液内で形成した分裂中期紡錘体 (写真中央) に 2 本の微小ガラスファイバーを用いて力の刺激を与えているところ。挿絵はその模式図。

Figure - A) *Xenopus laevis*, our primary model organism. Eggs from female frogs (B) are used to prepare cytoplasmic extracts, in which the spindle apparatus and the cell nucleus can be *in vitro* assembled and micromanipulated. Image in (C) shows a metaphase spindle assembled in extracts and visualized by fluorescently labeled tubulin. A pair of glass microfibers are set up to apply mechanical force. Inset illustrates the geometry of the set-up

Publications

Takagi, J., Itabashi, T., Suzuki, K., Kapoor, T. M., Shimamoto, Y., and Ishiwata, S. (2013). Using micromanipulation to analyze control of vertebrate meiotic spindle size. *Cell Rep.* 5, 44-50.

Shimamoto, Y., and Kapoor, T. M. (2012). Microneedle-based analysis of the micromechanics of the metaphase spindle assembled in *Xenopus laevis* egg extracts. *Nat Protoc.* 7, 959-969.

Shimamoto, Y., Maeda, Y. T., Ishiwata, S., Libchaber, A. J., and Kapoor, T. M. (2011). Insights into the micromechanical properties of the metaphase spindle. *Cell* 145, 1062-1074.

定量メカノバイオロジー研究室 Quantitative Mechanobiology Laboratory

島本研究室 Shimamoto Group

7/1 着任予定



島本勇太 准教授 博(理)
SHIMAMOTO, Yuta
D. Sc., Associate Professor

マウス高次形質の統合的遺伝解析

Integrative genetics of mouse complex traits

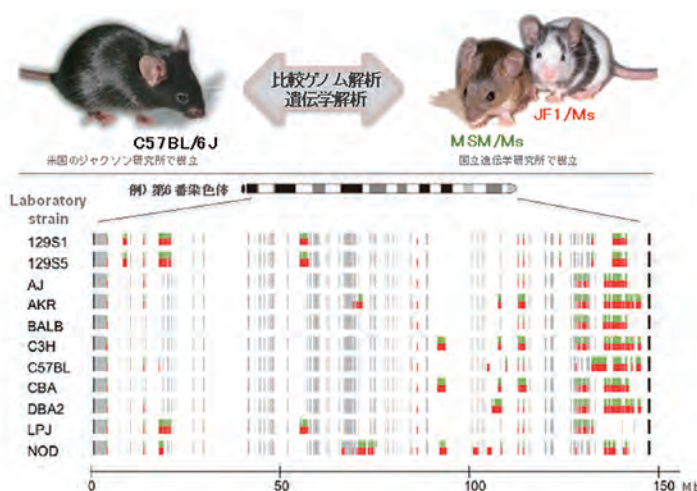
当研究室では、マウス近交系統や突然変異体の表現型に着目した“順遺伝学”と遺伝子改変マウスを用いた“逆遺伝学”の両方法論を駆使して、形態形成やエネルギー代謝などの高次生命現象を制御する遺伝メカニズムの統合的理解をめざしています。また、生物遺伝資源事業として、野生マウス由来系統を含めたゲノム多型情報や表現型情報の収集と整備を行うとともに、亜種間コンソミック系統など、マウス機能ゲノム学のためのバイオリソースの開発を進めています。個別研究課題は以下の通りです。

- 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 wild mouse-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 実験用マウス系統間多様性への日本産モロシヌス亜種マウスの寄与。モロシヌス亜種マウス由来系統 (MSM/Ms, JF1/Ms) と実験用マウス系統間には、顕著な表現型多様性が認められる。比較ゲノム解析の結果、実験用マウスの成立に JF1/Ms の祖先が深く関わっており、複数の実験用系統のゲノムには、JF1/Ms 系統と共通なハプロタイプブロックが散在することがわかった。図で表示した6番染色体にも、JF1/Ms (赤)、MSM/Ms (緑) と高相同を示すブロックが系統ごとに異なったパターンで分布している。これらハプロタイプブロックに含まれる遺伝子や発現制御領域の多型が、実験用マウス系統間の様々な表現型多様性に寄与していると考えられる。

Figure - Contribution of Japanese mouse subspecies (*Mus musculus molossinus*) to phenotypic diversity in the classical laboratory strains. Marked phenotypic variation is well known between the classical laboratory mice and *M. m. molossinus*-derived inbred strains, MSM/Ms and JF1/Ms. Our comparative genomics study revealed that ancestry of JF1/Ms contributed to origin of the classical inbred strains, and its genomic regions are integrated into most of the classical laboratory strains at different genomic positions. Variation of the haplotype blocks derived from JF1/Ms likely gave rise to phenotypic diversity among the classical laboratory strains.

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. Agr., Assistant Professor



天野孝紀 助教 博(理)
AMANO, Takanori
D. Sc., Assistant Professor

Publications

Tsukiji, N., Amano, T., and Shiroishi, T. (2014). A novel regulatory element for *Shh* expression in the lung and gut of mouse embryos. *Mech Dev.* 131, 127-36.

Kono, H., Tamura, M., Osada, N., Suzuki, H., Abe, K., Moriwaki, K., Ohta, K., and Shiroishi, T. (2014). *Prdm9* Polymorphism Unveils Mouse Evolutionary Tracks. *DNA Res.* 21, 1-12.

Takada, T., Ebata, T., Noguchi, H., Keane, T.M., Adams, D.J., Narita, T., Shin-I, T., Fujisawa, H., Toyoda, A., Abe, K., Obata, Y., Sakaki, Y., Moriwaki, K., Fujiyama, A., Kohara, Y., and Shiroishi, T. (2013). The ancestor of extant Japanese fancy mice contributed to the mosaic genomes of classical inbred strains. *Genome Res.* 23, 1329-1338.

マウス発生工学を用いた初期発生現象の解析

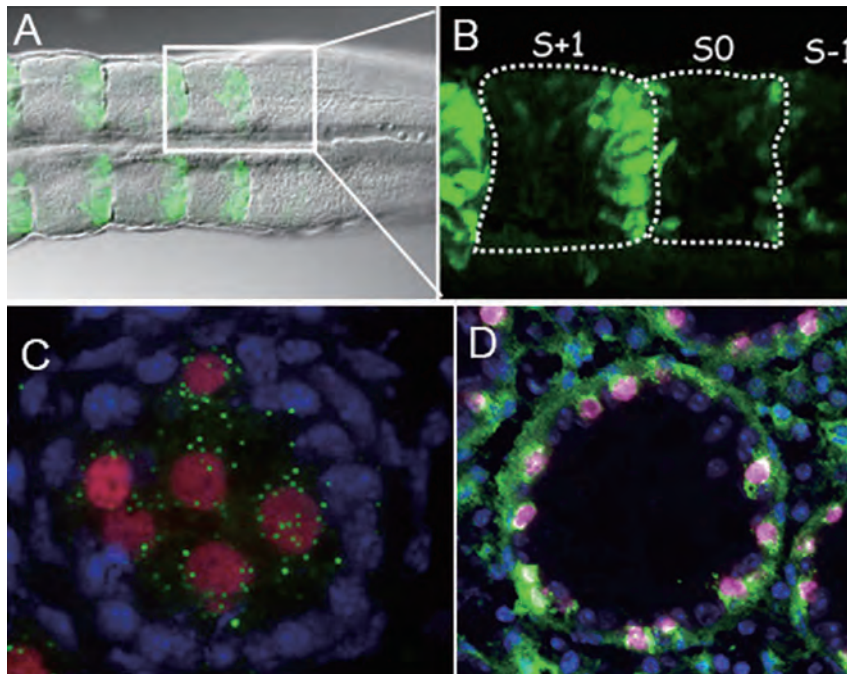
Developmental genetic studies using gene engineering technology in mice

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。そのような遺伝子の機能及び発現調節機構を解明するためにはマウスを用いた個体レベルの解析は重要です。当研究室では発生工学的手法を用いて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。最近はクリスパーを用いた遺伝子改変技術を導入し、研究を推進しています。主な研究課題は、

- 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
- 心臓刺激伝導系の発生

We are interested in the mechanism of germ cell development, especially the function of RNA binding proteins, Nanos2 and Nanos3. We aim to elucidate the target RNAs to understand the events associated with Nanos-mediated RNA regulation. We are also interested in the molecular mechanism of heart formation and somite segmentation. Mesp2 initiates somite segmentation via repressing the upstream factor Tbx6. We are focusing on the repression mechanism. Recently we have introduced CAS9-mediated genome editing method to facilitate mutant mouse production. Our research themes include:

- 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方部でのみ活性化。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.

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

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

野生由来マウスを用いた行動遺伝学

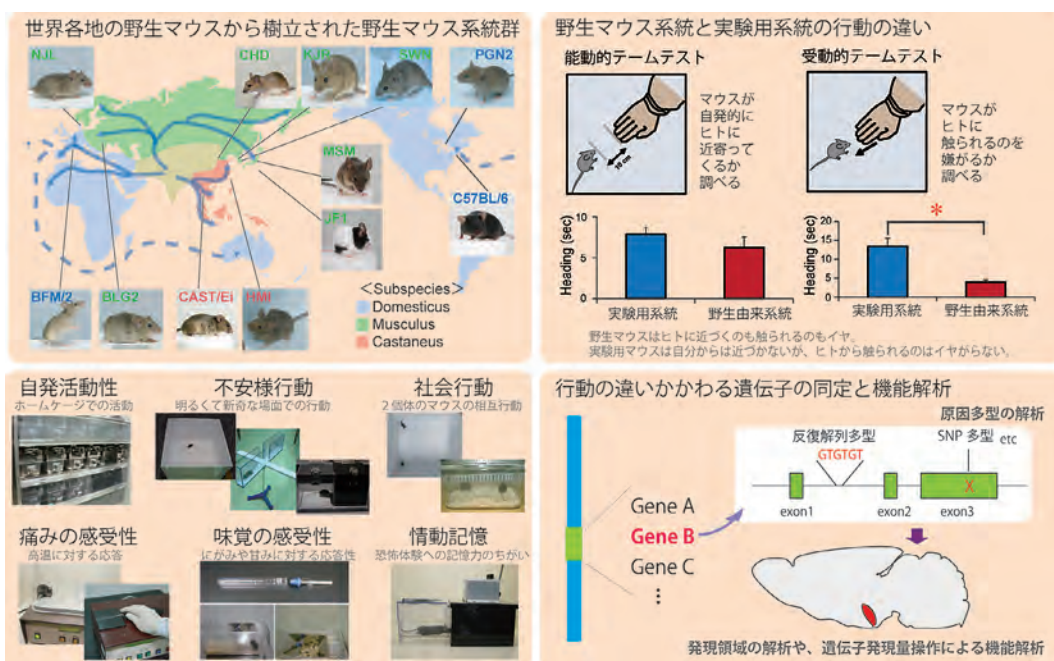
Behavioral genetics using wild-derived mouse strains

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、世界各地から捕獲された野生由来マウス系統をもちい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。

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.

- 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

- Comparative studies of behavioral patterns among wild-derived strains
- Genetic studies of home-cage activity
- Genetic studies of anxiety-like behavior
- Genetic studies of social/aggressive behavior
- Neurobiological analysis of escalated aggression



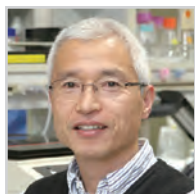
図一さまざまな行動テストを行うと、野生由来マウス系統や実験用マウス系統は系統に特徴的な行動を示すことができます。これらの行動の系統差に関わる遺伝的メカニズムの解明を進めています。

Figure - In a variety of behavioral studies using wild-derived and laboratory strains, we observed notable strain differences of behavioral patterns. We aim to understand the genetic basis of behavioral differences between strains.

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

Publications

Goto, T., Tanave, A., Moriwaki, K., Shiroishi, T., and Koide, T. (2013). Selection for reluctance to avoid humans during the domestication of mice. *Genes, Brain, and Behavior* 12, 760-70.

Takahashi, A., Nagayasu, K., Nishitani, N., Kaneko, S., and Koide, T. (2014). Control of intermale aggression by medial prefrontal cortex activation in the mouse. *PLoS ONE* in press.

Umemori, J., Mori, A., Ichiyanagi, K., Uno, T., and Koide, T. (2013). Identification of both copy number variation-type and constant-type core elements in a large segmental duplication region of the mouse genome. *BMC Genomics* 14, 455.

ゼブラフィッシュ生殖細胞における遺伝子改変と制御因子の解析

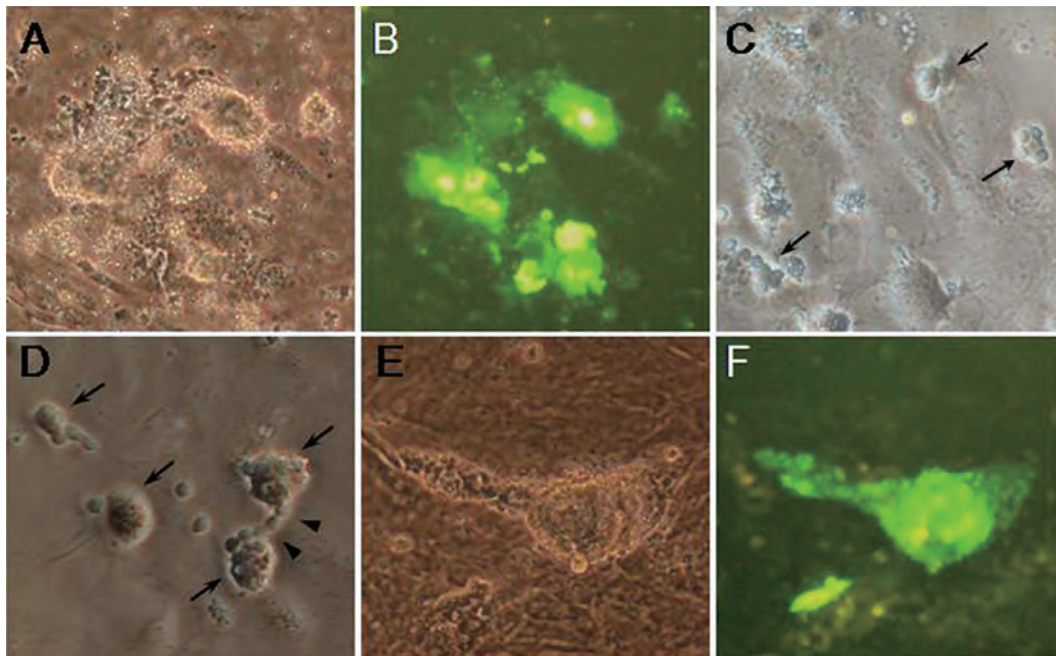
Genetic modification and analyses of regulatory factors in zebrafish germ cells

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ています。私たちは、この魚の雄生殖系幹細胞、精原幹細胞の培養系を確立し、細胞培養系を用いた新たな遺伝子改変魚作出技術の確立を進めています。また、雄生殖細胞の培養系は精子形成制御因子の解析にも優れています。既に、精子形成に異常をもつENU誘導変異体をいくつか単離しており、それらの原因遺伝子を *in vivo* と *in vitro* を組み合わせて解析し、脊椎動物に普遍的な精子形成制御因子の研究を進めています。

- 精原幹細胞培養系による遺伝子改変魚作出技術の確立
- 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 line stem cells, spermatogonial stem cells, and focus on developing reliable protocols for producing transgenic lines by the culture system. In addition, male germ cell culture systems are useful also in analyzing the spermatogenesis. We have already isolated several ENU-induced zebrafish mutants that have a defect in spermatogenesis. We are working on the molecular mechanisms to regulate spermatogenesis of vertebrates, through analyses of genes responsible for these mutants both *in vivo* and *in vitro*.

- Establishment of protocols for producing transgenic lines by the spermatogonial stem cell culture
- 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::efgp* 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。矢頭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::efgp* 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::efgp* spermatogonia after culturing for one month that express GFP.

Publications

Shinya, M., Kobayashi, K., Masuda, A., Tokumoto, M., Ozaki, Y., Saito, K., Kawasaki, T., Sado, Y., and Sakai, N. (2013). Properties of gene knockdown system by vector-based siRNA in zebrafish. *Dev. Growth Differ.* 55, 755-765.

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.

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.

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

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

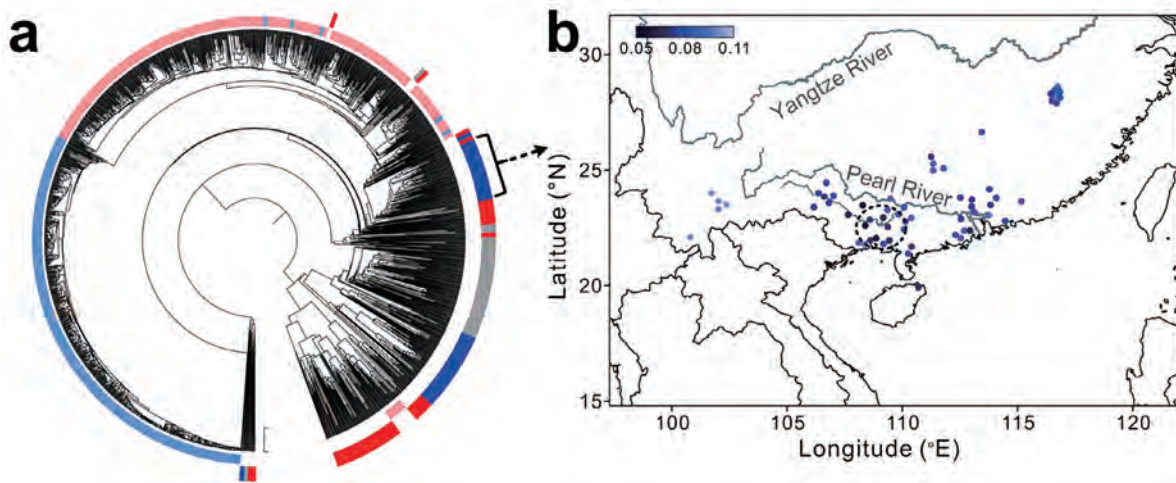
Studies on genetic diversity of *Oryza* genomes/species and mechanisms in reproductive isolation

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 NBRP.

- 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の栽培化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.

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. Agr., Professor



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

Publications

Kubo, T., Fujita, M., Takahashi, H., Nakazono, M., Tsutsumi, M., and Kurata, N. (2013). Transcriptome analysis of developing ovules in rice isolated by laser microdissection. *Plant Cell Physiol.* 54, 750-765.

Sekine, D., Ohnishi, T., Furuumi, H., Ono, A., Yamada, T., Kurata, N., and Kinoshita, T. (2013). Dissection of two major components of post-zygotic hybridization barrier in rice endosperm. *Plant J.* 76, 792-799.

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, and J., Han B. (2012). A map of rice genome variation reveals the origin of cultivated rice. *Nature* 490, 497-501.

モデル単細胞を使った細胞分裂の遺伝制御メカニズム

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

大腸菌や酵母は、細胞増殖の基本メカニズムを解明する上で極めて有効なモデル生物です。これまでに原核細胞と真核細胞を適宜に取り扱い、染色体やプラスミドDNAが動く仕組み、細胞の形が決まる仕組み等の研究を進めています。遺伝学的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。特に、このような細胞観察に適したジャポニカス分裂酵母は菌糸増殖と細胞周期のモデル細胞として適しています。

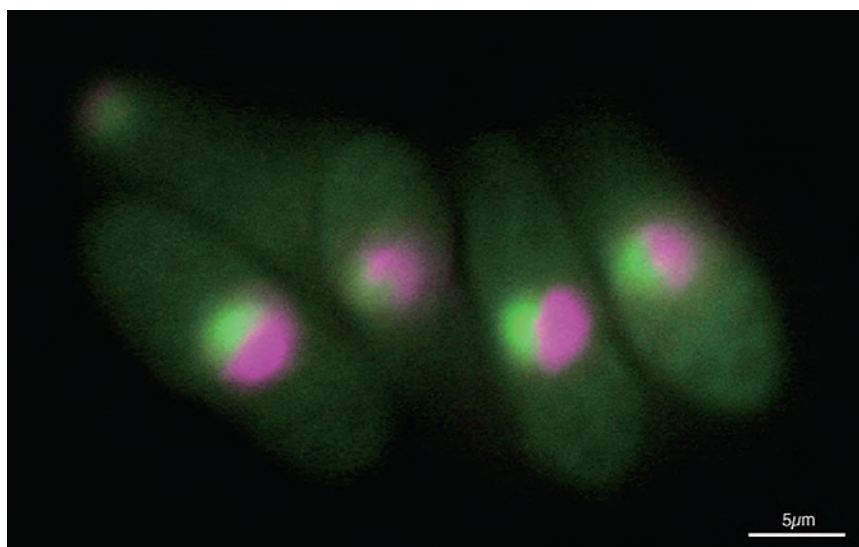
- 大腸菌と枯草菌における染色体の分配機構
- 原核生物の染色体複製開始因子DnaAの機能と細胞内の動態変化
- 大腸菌におけるパントテン酸合成経路の制御機構
- ジャポニカス分裂酵母の染色体・核膜動態因子の解析
- ジャポニカス分裂酵母の菌糸形成の誘導機構、光応答機構

Bacteria and yeasts are suitable model organisms to understand the fundamental mechanisms on cell proliferation. Our laboratory studies the mechanisms behind chromosome or plasmid DNA dynamics in the cell or the mechanism underlies cell shape formation. 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. Especially *S. japonicus* yeast suits for those cell biological analyses, and studies of hyphal growth and cell cycle add special value on this organism.

- Chromosome separation mechanism in *E. coli* and *B. subtilis* cells.
- Dynamics and function of DnaA, a replication initiation factor, in *E. coli* cells.
- Synthetic pathway of pantothenic acid in *E. coli* cells.
- Genetic analysis on *S. japonicus* chromosomal and nuclear envelope segregation.
- Hyphal growth mechanism and photoreponse mechanism in *S. 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/>



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

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

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., Shiwa, Y., Takada, H., Yoshikawa, H., and Niki, H. (2013). Regulation of nuclear envelope dynamics via APC/C is necessary for the progression of semi-open mitosis in *Schizosaccharomyces japonicus*. *Genes Cells* 18, 733-752.

Okamoto, S., Furuya, K., Nozaki, S., Aoki, K., and Niki, H. (2013). Synchronous activation of cell division by light or temperature stimuli in the dimorphic yeast *Schizosaccharomyces japonicus*. *Eukaryot Cell* 12, 1235-1243.

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. M., Professor



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

RNAi変異体を使ったゲノム機能の体系的解析

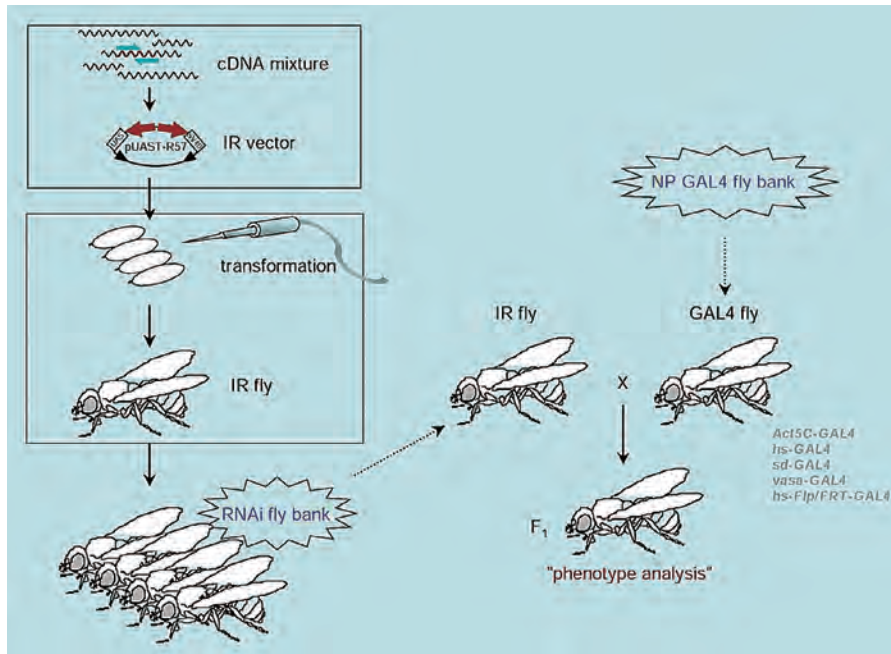
Comprehensive analyses of genome function in *Drosophila*

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にどのような影響が現れるのか、お互いがどのように協働して生体の機能を担っているのか、ヒト遺伝子の機能を知るためにもハエを使った包括的な遺伝学的解析が望まれています。

私たちはショウジョウバエの全遺伝子についての変異体を作製し、遺伝子の機能を網羅的に解析する系を作りました。方法はRNAiです。RNAiとは、二本鎖RNAが細胞内で配列特異的に遺伝子の機能を阻害する現象です。ターゲットする遺伝子の断片を逆向き反復配列の形でベクターに組み込み、ハエの染色体に導入して形質転換ハエを作ります。GAL4-UAS遺伝子強制発現法を利用して、狙った細胞や組織で二本鎖RNAを細胞内で発現させ、配列特異的に遺伝子の機能を阻害します。このようにして構築したRNAi変異体バンクは、個体レベルでの遺伝子機能の理解や遺伝子間のネットワークを明らかにするための有用なツールであり、多くの共同研究が進められています。

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.

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



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

Publications

Kondo, S. and Ueda, R. (2013). Highly improved gene targeting by germline-specific Cas9 expression in *Drosophila*. *Genetics* 195, 715-721.

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.

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.

遺伝資源情報の高度利用に関する研究

Sophisticated utilization of biological resource information

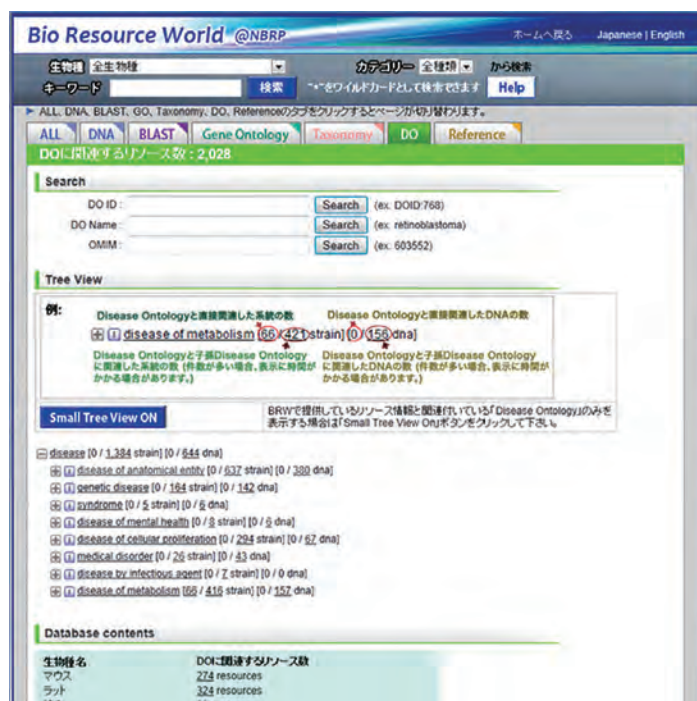
インターネットから入手できるデータ量は膨大ですが、かならずしも知識量の増加にはつながりません。意味のある情報の抽出には工夫が必要です。「概念の構造化(=オントロジー)」とは、実験系や材料、学問の背景などが異なるためそのままでは同じ土俵で比較できない情報を、様々な概念レベルで整理して有効に利用しようという考え方です。

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
- 生物種横断の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



図一 ナショナルバイオリソースプロジェクト総合検索サイト (BRW)- 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 - 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.

Publications

Shimada, T., Yamazaki, Y., Tanaka, K., and Ishihama, A. (2014). The Whole Set of Constitutive Promoters Recognized by RNA Polymerase RpoD Holoenzyme of *Escherichia coli*. *PLoS ONE* 9(3):e90447.

Laurel, C. 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.

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

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。

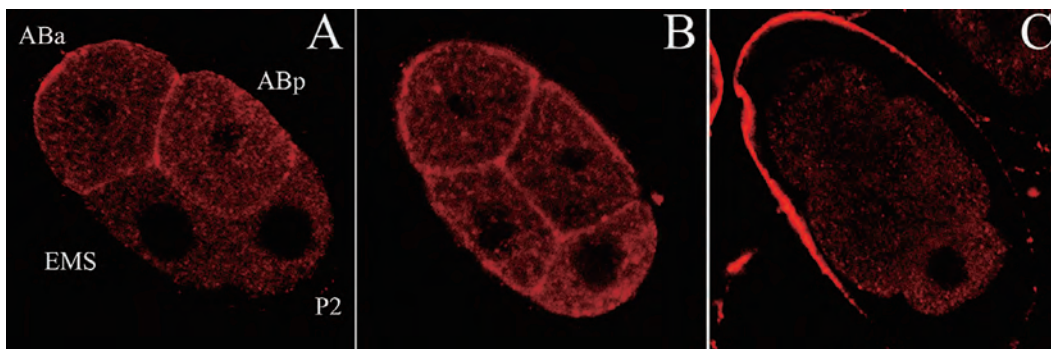
- 細胞運命決定に関わる母性遺伝子の mRNA 局在や翻訳制御メカニズム
- 遺伝子発現クラスタリング解析と遺伝子カスケードの解析
- マイクロ RNA の機能解析
- 細胞特異的発現調節領域の同定と発生の遺伝子制御機構
- 近縁種の発生パターンと遺伝子発現パターンの比較解析

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.

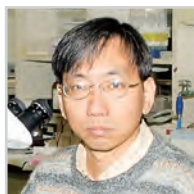
生物遺伝資源情報研究室 Genome Biology Laboratory

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

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.

ゲノムクロマチンの折り畳み構造とダイナミクス

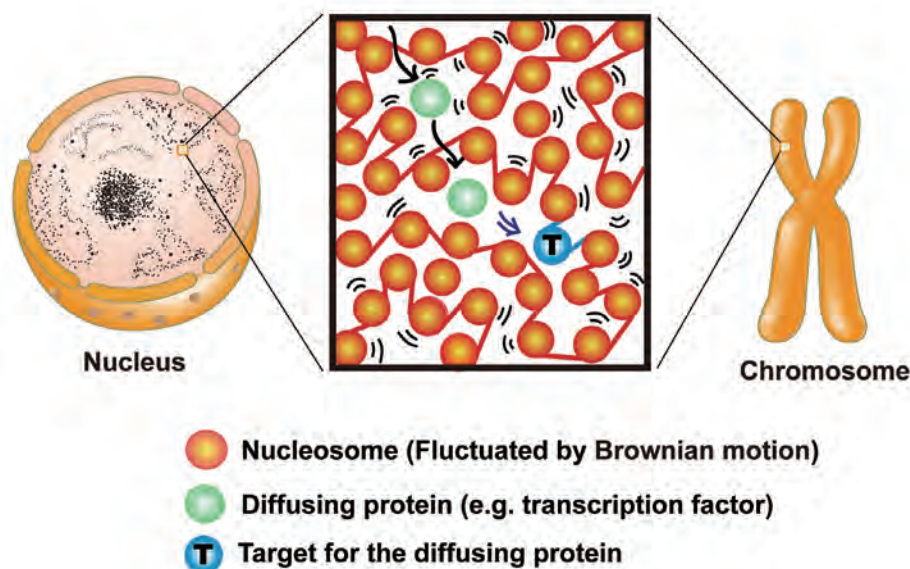
3D-organization and dynamics of human genome chromatin

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。1分子ヌクレオソームイメージング、X線散乱解析、シミュレーション、さらには新しいクロマチン精製法などを組み合わせて、ユニークな研究を目指している。

- 1分子ヌクレオソームイメージングを用いたクロマチンの構造と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
- 新しいクロマチン精製法をもちいたクロマチンの機能解析

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 structure and dynamics in live cells by single nucleosome 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 chromatin function by a novel chromatin purification procedure



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).

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.

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(医)
MAESHIMA, Kazuhiro
D. M., Professor



井手 聖 助教 博(バイオサイエンス)
IDE, Satoru
D. Biosci., Assistant Professor

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

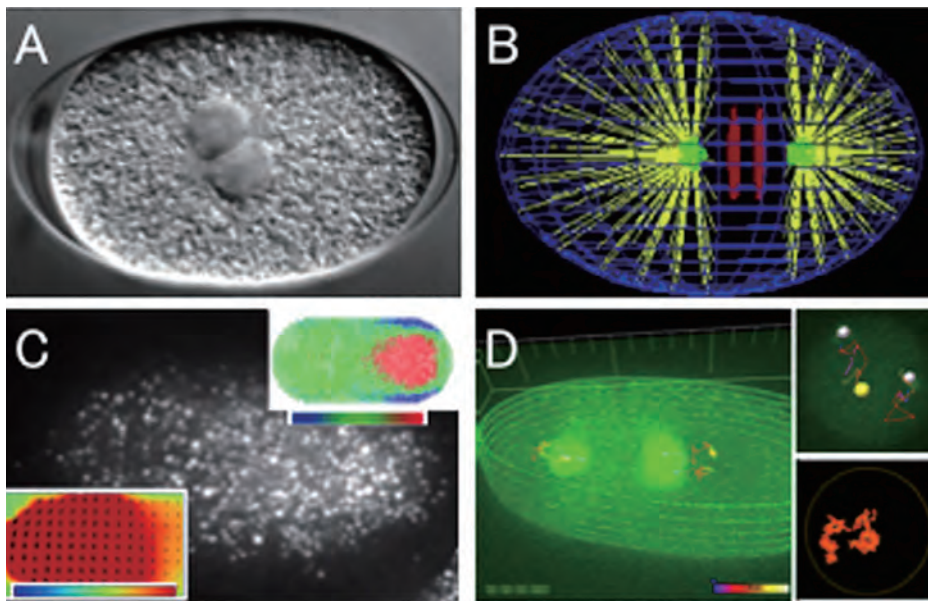
Design principles and mechanical bases of the architecture of the cell

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) 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.

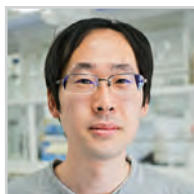
細胞建築研究室 Cell Architecture Laboratory

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. Phar., Assistant Professor

Publications

Hara, Y., Iwabuchi, M., Ohsumi, K., and Kimura, A. (2013). Intranuclear DNA density affects chromosome condensation in metazoans. *Mol Biol Cell* 24, 2442-2453.

Hara, Y., and Kimura, A. (2013). An allometric relationship between mitotic spindle width, spindle length, and ploidy in *Caenorhabditis elegans* embryos. *Mol Biol Cell* 24, 1411-1419.

木村健二, 木村暁 (2013). 細胞分裂の力学的理解. *細胞工学* 32, 280-284.

線虫を用いた非対称細胞分裂機構の研究

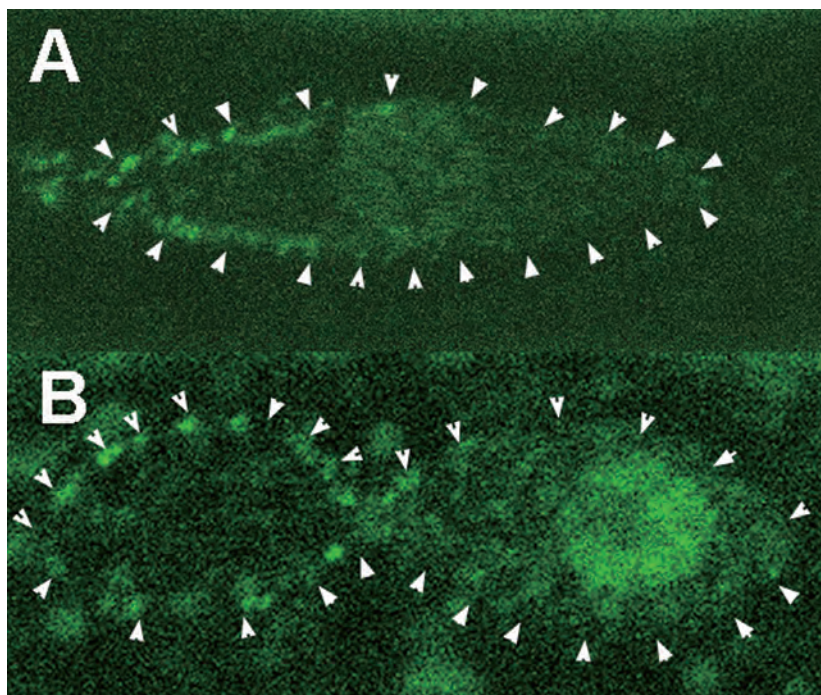
Mechanisms of asymmetric division in *C. elegans*

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。

- 非対称分裂に参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*.

Publications

Ihara, S., Hagedorn, E. J., Morrissey, M. A., Chi, Q., Moteji, 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

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(医)
SAWA, Hitoshi
D. M., Professor



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

X線結晶解析を用いたタンパク質作用機序の解明

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
- 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

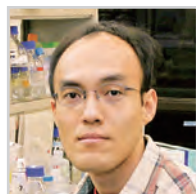
超分子構造研究室 Biomolecular Structure Laboratory

白木原研究室 Shirakihara Group

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



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

Publications

Matsutani, M., Shirakihara, Y., Imada, K., Yakushi, T., and Matsushita, K. (2013). Draft Genome Sequence of a Thermophilic Bacillaceae Anoxybacillus flavithermus Kn10 Isolated from Kan-nawa Hot Spring in Japan. Genome Announcements. e00311 - e00313.

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.

神経回路形成・維持の分子・細胞メカニズム

Molecular and cellular mechanisms for neural network formation and maintenance

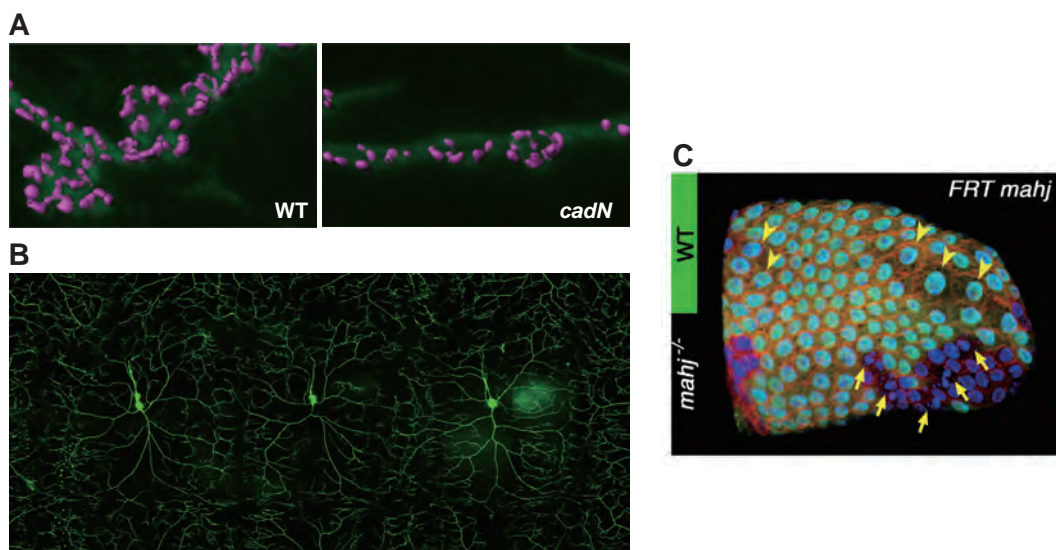
当研究室では神経回路の形成や維持、及び可塑性のメカニズムをモデル生物であるショウジョウバエを用いて研究しています。細胞内微細構造上でどのような分子ネットワークが互いにどのように協調して働いているのか、といった側面に注目し、分子遺伝学的手法と様々なイメージングの手法を駆使して解析を行っています。また、組織構築の恒常性維持機構について、神経系に加えて卵巣や成虫原基等の器官についても研究を行っています。

現在以下の研究課題に取り組んでいます。

- シナプス形成・維持・可塑性の分子・細胞機構の研究
- 体制感覚神経回路の活動制御機構の研究
- 組織構築の恒常性維持における細胞競合、補償的細胞分裂、及び補償的細胞成長の制御機構の研究

Our laboratory is studying the mechanisms for neural network formation and maintenance using a model organism *Drosophila melanogaster*. We are focusing on the molecular networks involved in these processes, by the analyses using molecular genetics and various imaging techniques. We are also studying the non-nervous systems, such as the ovary and imaginal discs, for the understanding of tissue homeostasis. Currently, the following projects are on going.

- Studies on the molecular and cellular mechanisms for formation, maintenance, and plasticity of the synapse.
- Studies on the regulatory mechanisms for the neural activities of the somatosensory system.
- Studies on the mechanisms for cell competition, compensatory cell proliferation and compensatory cell hypertrophy, in homeostasis of the tissue organization.



図一 (A)細胞接着タンパク質の遺伝子突然変異(*cadN*)による運動神経終末(緑)のシナプス(マゼンタ)発達障害。(B)幼虫体壁を樹状突起で覆う侵害受容感覚ニューロン。(C)分裂終了期の濾胞上皮で誘導された、細胞競合による*mahj*^{-/-}クローン(青い核)の細胞死(矢印)と野生型クローン(水色の核)の補償的細胞肥大(矢頭)。

Figure - (A) Impairment in synapse (magenta) development of motoneuron terminals (green) by genetic mutation of a cell-adhesion protein (*cadN*). (B) Larval nociceptive sensory neurons tiling the body wall. (C) Cell competition-dependent apoptosis (arrows) in *mahj*^{-/-} clones (blue nuclei) and compensatory cellular hypertrophy (arrowheads) in wild-type clones (pale blue nuclei), induced in post-mitotic follicular epithelium.

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.

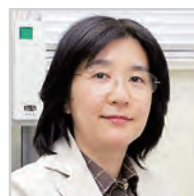
Suzuki, E., Masai, I., and Inoue, H. (2012). Phosphoinositide metabolism in *Drosophila* phototransduction: A Coffee break discussion leads to 30 years of history. *J Neurogen* 26, 34-42.

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

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. M., Associate Professor



田守洋一郎 助教 博(理)
TAMORI, Yoichiro
D. Sc., Assistant Professor

ゲノム配列と遺伝子発現からみた分子進化学

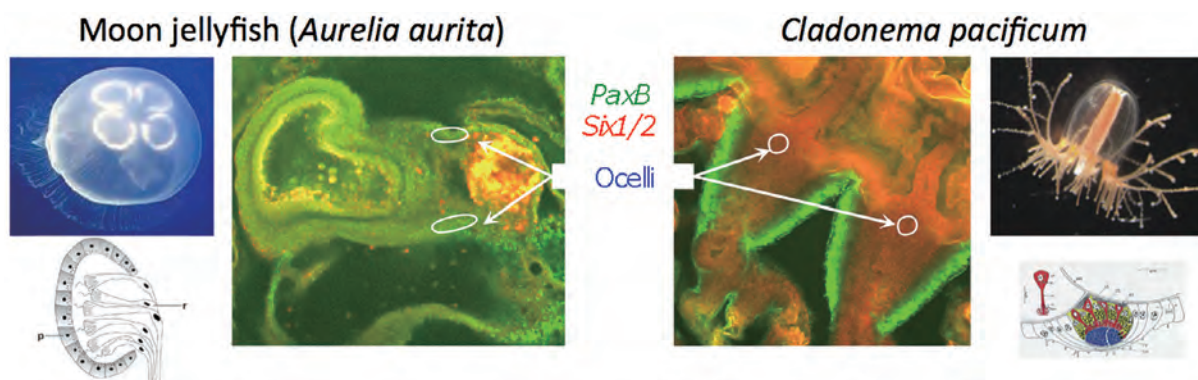
Study for molecular evolution using genome sequence and gene expression

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、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。特に(1)メタゲノム解析を用いた海洋微生物の多様性とダイナミクスの解明、(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、(3)ヒドラと緑藻の細胞内共生の分子基盤の解明、(4)ショウジョウバエにおける遺伝子量補償機構の進化過程の解明、に力を注いで研究を行っています。また、以下のような研究課題にも取り組んでいます。

- 次世代シーケンサーを用いたウニ幼生頂上神経系の遺伝子発現解析
- マグロ及びスサビノリのゲノム配列決定
- 頭足類比較ゲノムに見る巨大脳進化のメカニズム
- 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
- 構造生命科学データクラウドの構築と高度化

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) Biodiversity and dynamics of marine microbes based on metagenomic analysis, (2) Evolutionary dynamics of gene expression profiles underlying the evolution of central nervous system and sensory organs, (3) Molecular and genetic bases of the endosymbiosis between hydra and alga, and (4) Evolutionary process of dosage compensation in *Drosophila*. In addition, we have tackled the following projects.

- Digital gene expression analysis of apical nervous system in sea urchin larvae
- Genome sequencing of susabi-nori and tuna
- Comparative genomic analysis of cephalopods and the giant brain evolution
- Developing pipelines for analyzing data from next-generation sequencers
- Establishing cloud computing system for structural biology and its sophistication



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。*pax6* (*paxB*) は動物全般において眼の形成を司るマスター遺伝子であるが、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.

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

池尾研究室 Ikeo Group

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



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



野澤昌文 助教 博(理)
NOZAWA, Masafumi
D.Sc., Assistant Professor

Publications

Nozawa, M., Fukuda, N., Ikeo, K., and Gojobori, T. (2014). Tissue- and stage-dependent dosage compensation on the neo-X chromosome in *Drosophila pseudoobscura*. *Mol Biol Evol* *In press*.

Nakamura, Y., Mori, K., Saitoh, K., Oshima, K., Mekuchi, M., Sugaya, T., Shigenobu, Y., Ojima, N., Muta, S., Fujiwara, A., Yasuike, M., Oohara, I., Hirakawa, H., Chowdhury, V., Kobayashi, T., Nakajima, K., Sano, M., Wada, T., Tashiro, K., Ikeo, K., Hattori, M., Kuhara, S., Gojobori, T., and Inouye, K. (2013). Evolutionary changes of multiple visual pigment genes in the complete genome of Pacific bluefin tuna. *Proc Natl Acad Sci USA* *110*:11061-6.

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* *8*: e57122.

代謝物の生合成およびネットワーク

Biosynthesis of metabolites and their network

新陳代謝という言葉が示すように、細胞の中では生命活動の一環として常にタンパク質や代謝物が作りなおされています。多くの微生物や植物はタンパク質を構成するアミノ酸20種を全て合成できますが、ヒトはそのうち9種類も食べ物から摂取しなくてはなりません(必須アミノ酸)。こうした代謝の違いや、摂取または合成した化合物のたどる道を生物界のレベルで明らかにすることが目標です。代謝は英語で metabolism (メタボリズム)といい、それを網羅的に解析する学問をメタボロミクスと呼びます。

- メタボロミクスのデータベース構築
- 生合成経路の解析や予測
- 生命メカニズムの数理モデル

In a cell, proteins and metabolites are continuously synthesized, maintained, and degraded to produce energy for life, and the whole process is called metabolism. Most bacteria and plants can produce all 20 amino acids required for protein synthesis, but human must intake as many as 9 of them as essential. Our goal is to clarify details and differences of metabolic pathways in the living world. The comprehensive study of metabolism is called metabolomics.

- Databases for metabolomics
- Analysis and prediction of metabolism
- Mathematical models for biological mechanism

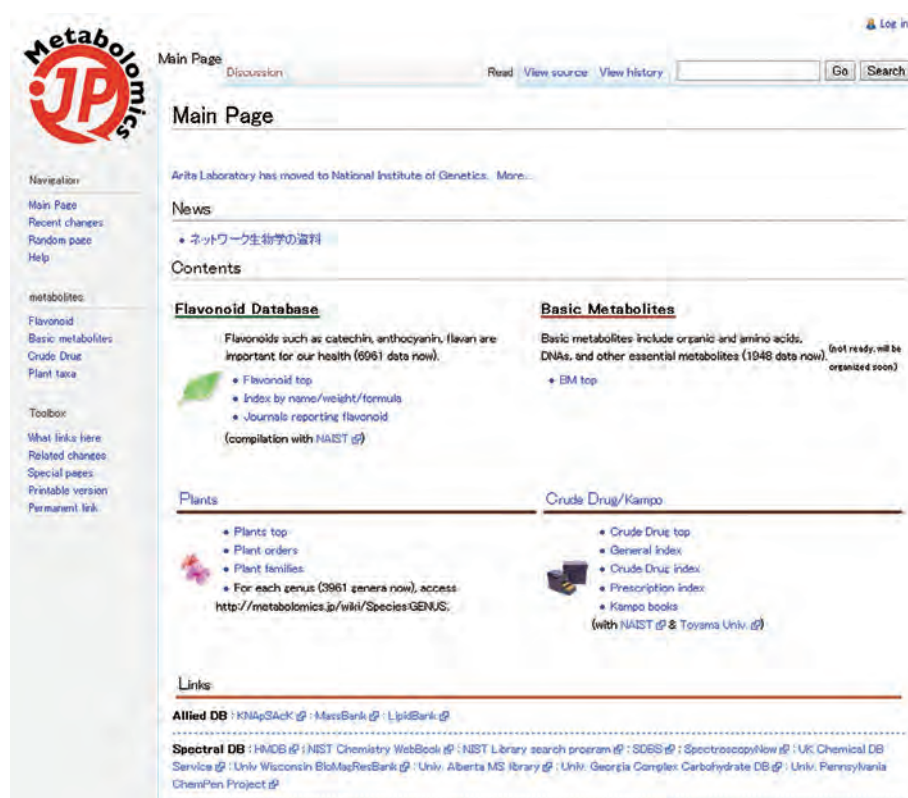


図 1 研究室の活動をまとめている wiki サイト。主に植物に関連する代謝情報を記載している。

Figure - A wiki-based website for our laboratory. Most information is related to higher plants.

Publications

Ogawa, T., Furuhashi, T., Okazawa, A., Nakai, R., Nakazawa, M., Kind, T., Fiehn, O., Kanaya, S., Arita, M., and Ohta, D. (2014). Exploration of Polar Lipid Accumulation Profiles in *Euglena gracilis* Using LipidBlast, a MS/MS Spectral Library Constructed in Silico. *Biosci Biotech Biochem* 78(7) epub

Hasegawa, Y., and Arita, M. (2014). Circadian clocks optimally adapt to sunlight for reliable synchronization. *J R Soc Interface* 11(92). 20131018.

Tsugawa, H., Arita, M., Kanazawa, M., Ogiwara, A., Bamba, T., and Fukusaki, E. (2013). MRMPROBS: Data Assessment and Metabolite Identification Tool for Large-scale MRM-based Widely Targeted Metabolomics. *Anal Chem* 85(10), 5191-5199.

生命ネットワーク研究室 Laboratory of Biological Networks

有田研究室 Arita Group

<http://metabolomics.jp/>



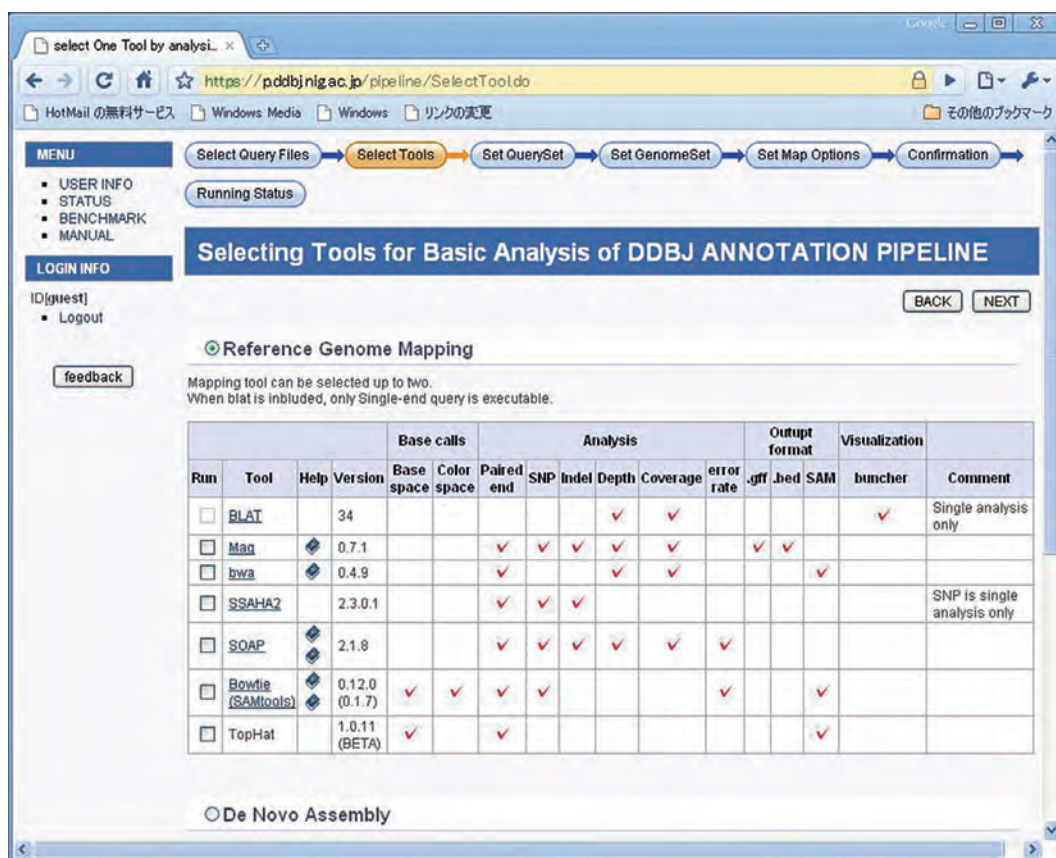
有田正規 教授 (博) (理)
ARITA, Masanori
D. Sc., Professor

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、配列注釈不足や特徴情報の記載誤りも問題となっています。中村研究室は、日本DNAデータバンク(DDBJ)業務担当研究室として、データベース運用の高度化と配列注釈の質向上に取り組みます。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.



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

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

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(理)
NAKAMURA, Yasukazu
D. Sc., Professor



神沼英里 助教 博(工)
KAMINUMA, Eli
D. Eng., Assistant Professor

Publications

Fujisawa, T., Okamoto, S., Katayama, T., Nakao, M., Yoshimura, H., Kajiyama-Kanegae, H., Yamamoto, S., Yano, C., Yanaka, Y., Maita, H., Kaneko, T., Tabata, S., and Nakamura, Y. (2014). CyanoBase and RhizoBase: databases of manually curated annotations for cyanobacterial and rhizobial genomes. *Nucleic Acids Res.* 42(Database issue): D666-70.

Kosuge, T., Mashima, J., Kodama, Y., Fujisawa, T., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Takagi, T., and Nakamura, Y. (2014). DDBJ progress report: a new submission system for leading to a correct annotation. *Nucleic Acids Res.* 42(Database issue): D44-9.

Nagasaki, H., Mochizuki, T., Kodama, Y., Saruhashi, S., Morizaki, S., Sugawara, H., Ohyanagi, H., Kurata, N., Okubo, K., Takagi, T., Kaminuma, E., and Nakamura, Y. (2013). DDBJ read annotation pipeline: a cloud computing-based pipeline for high-throughput analysis of next-generation sequencing data. *DNA Res.* 20(4): 383-90.

ゲノム情報・バイオメディカル知識の大規模データ処理手法の研究

Large scale data processing methods of genome data and biomedical knowledge

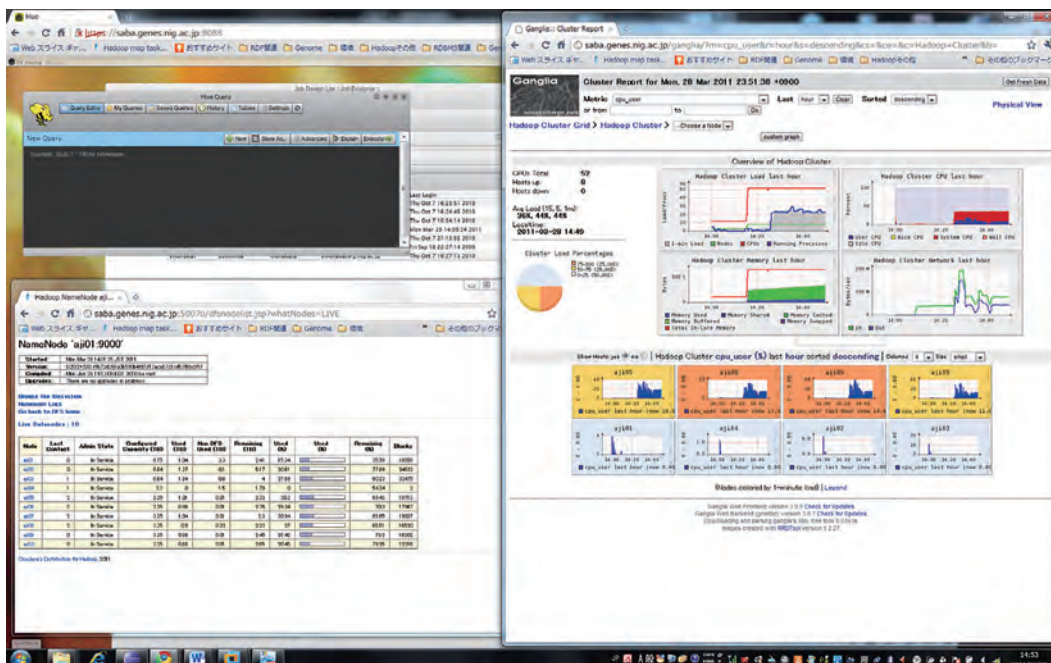
遺伝研スーパーコンピュータシステムを利用したゲノム情報処理への並列分散コンピューティング技術、広域分散処理技術の適用研究、およびバイオメディカル知識の非構造テキストデータの統計的意味的な解析研究を行っています。

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ため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、従来共有メモリ型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分散メモリ型クラスタ計算機上で高速処理する為の研究を行っています。バイオメディカル知識の多くは、未整理の大規模データ集合に埋もれており、機械で検索しにくい自然文で書かれているために十分に活用されているとは言えません。この課題に対し、情報検索・分類、自然言語処理の観点からの取り組みを行っています。

We have been conducting application study of parallel-distributed computing technology and wide area distributed computing technology to genome data processing. We have also been carrying out a study for statistical classification and semantic disambiguation of large-scale unstructured text.

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 distributed-memory type parallel cluster computer which has elasticity for rapid data growth in bioinformatics.

Most biomedical knowledge are not fully utilized because they are embedded in large unstructured databases, and also because they are written in free text with limited machine understandability. We are tackling the situation by exploiting the methodologies based on computer science.



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

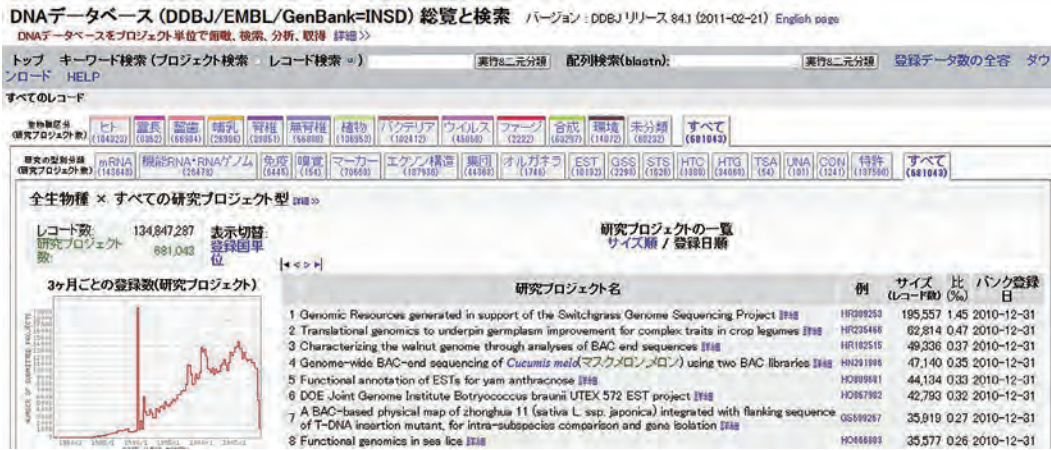
遺伝子発現の進化は形態進化と分子進化をつなぐための1つの鍵と考えられています。ゲノムワイドな発現プロファイルの測定法の普及により、その進化的変化の研究が盛んとなりましたが観測結果の解釈についてはまちまちでした。その理由は遺伝子発現進化の明確なモデルが存在せず、配列の分子進化のアナロジーを用いて解釈が行われていたためと考えられます。そこで我々はこれまでの観察を統一的に説明する遺伝子発現進化のモデルの構築を行っています。

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. M., Professor



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

Publications

Kosuge, T., Mashima, J., Kodama, Y., Fujisawa, T., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Takagi, T., and Nakamura, Y. (2014). DDBJ progress report: a new submission system for leading to a correct annotation. *Nucleic Acids Res.* 42(Database issue): D44-9.

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.

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 比較ゲノム解析研究室でゲノム解読を実施した生物たち。 Figure - Picture of the animals whose genomes have been analyzed
左 解剖前のシーラカンス稚魚。右 ニホンザル

関連リンク <http://genome.nig.ac.jp/>

Publications

Nikaido, M., Noguchi, H., Nishihara, H., Toyoda, A., Suzuki, Y., Rei Kajitani, R., Suzuki, H., Okuno, M., Albara, M., Ngatunga, B.P., Mzighani, S.I., Kalombo, H.W.J., Masengi, K.W.A., Tuda, J., Nogami, S., Maeda, R., Iwata, M., Abe, Y., Fujimura, K., Okabe, M., Amano, T., Maeno, A., Shiroishi, T., Itoh, T., Sugano, S., Kohara, Y., Fujiyama, A., and Okada, N. (2013). Coelacanth genomes reveal signatures for evolutionary transition from water to land. *Genome Research* 23, 1740-1748

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*, 8, e57177

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

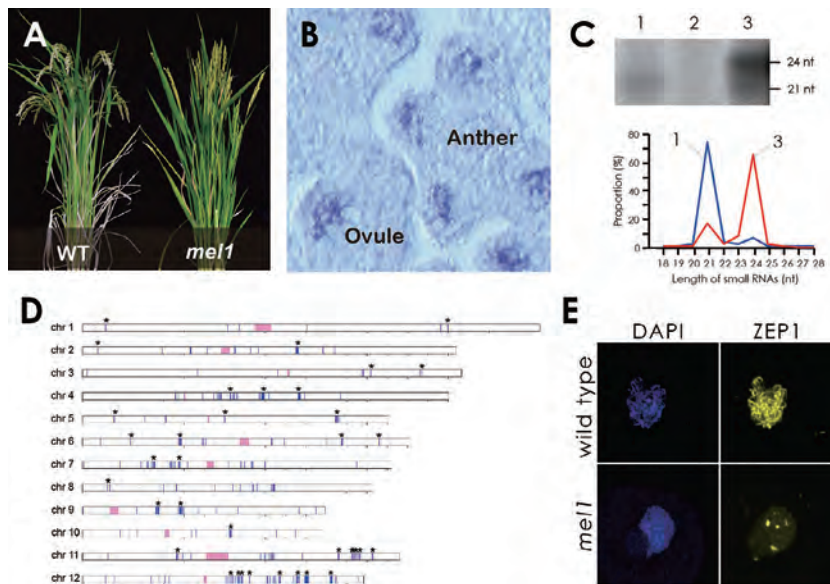
Molecular cytogenetics of plant germ-cell development

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。

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.

- 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・進化的な生殖研究への利用

- 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 生殖細胞特異的なイネ *Argonaute* 遺伝子 *MEL1* の解析
(A) *mel1* 変異体は種子不稔。(B) 生殖細胞で発現。(C) 正常型 (1) と *mel1* 変異体 (2) の穂に対する RNA 免疫沈降。(D) *MEL1* 結合 21-nt RNA は 1,000 カ所以上の遺伝子間領域 (青) に由来。(E) 変異体では減数分裂染色体の対合を示す ZEP1 の伸長が起こらない。
A-B は Plant Cell 19: 2583-2594 (2007) の図を、C-E は Plant J (2014) の図をそれぞれ一部改変して掲載。

Figure - Analysis of *MEL1*, the rice *Argonaute* gene with specific expression in the germline.
(A) The *mel1* mutant is sterile. (B) *MEL1* is expressed in germ cells. (C) RNA-immunoprecipitation of wt (1) and mutant panicles (2). (D) *MEL1*-binding small RNAs derive from >1,000 intergenic loci (blue). (E) ZEP1 doesn't elongate between homolog pairs in *mel1* meicytes.
Panels A-B and C-E were cited from Plant Cell 19: 2583-2594 (2007) and Plant J (2014), respectively, with slight modifications.

実験農場 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) 宮崎さおり 助教 博(農)
NONOMURA, Ken-ichi MIYAZAKI, Saori
D. Agr., Associate Professor D.Agr., Assistant Professor

Publications

Komiya, R., Ohyanagi, H., Niihama, M., Watanabe, T., Nakano, M., Kurata, N., and Nonomura, K.I. (2014). Rice Germline-specific Argonaute MEL1 protein binds to phasiRNAs generated from more than 700 lincRNAs. Plant J. (published online ahead: <http://onlinelibrary.wiley.com/store/10.1111/tpj.12483/>)

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., 357: 208-216.

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

● 知的財産チーム

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。

● 広報チーム

広報チーム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。

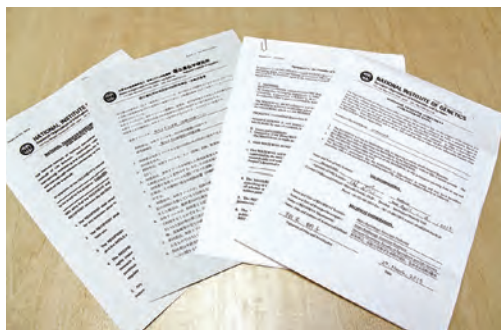
● Intellectual Property team

Intellectual Property team 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 team

Public Relationship team 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)	4
MTA Material Transfer Agreement	1,235



Talks and Publications

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

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-(2013)

遺伝資源のアクセスと利益配分に関する名古屋議定書の国内措置の現状-特に学術における課題について-(2013) Microbiol. Cult. Coll. 29(2), 113-120.

知的財産室(広報) Intellectual Property Unit (Public Relationship)

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

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



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

研究力の強化・支援

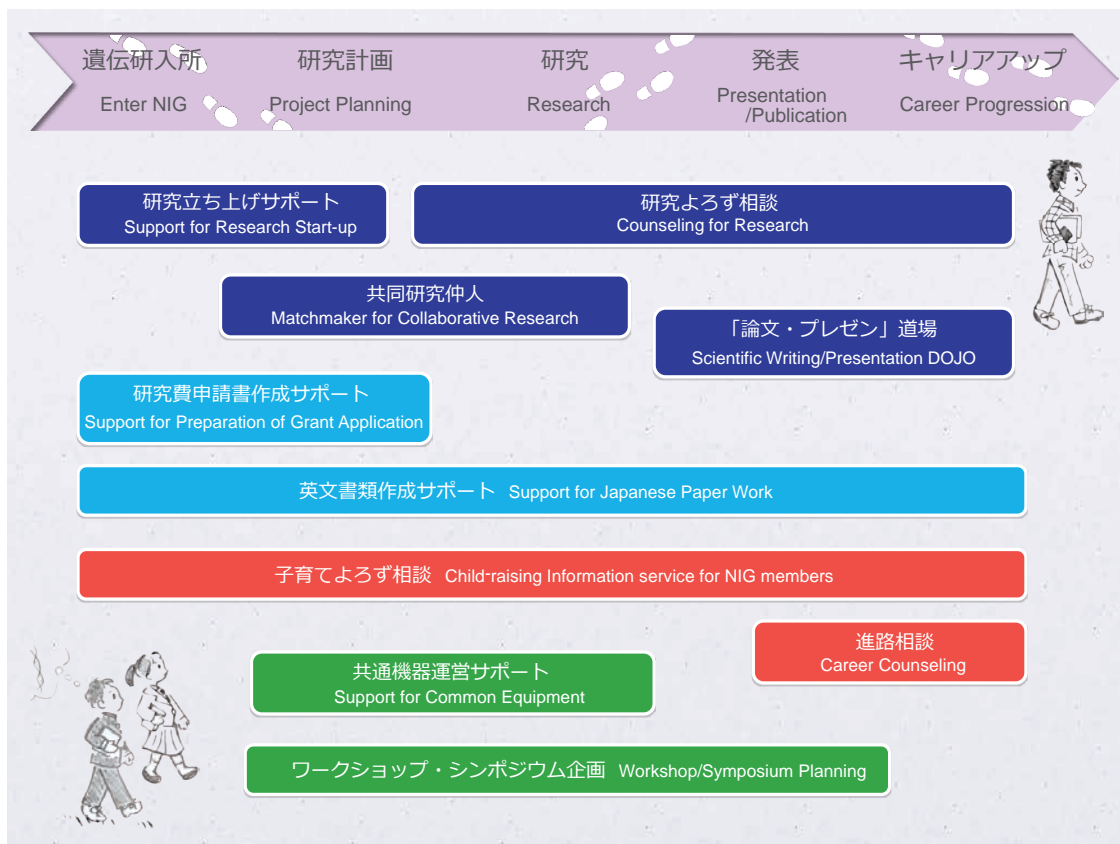
Strengthening and support of research at NIG

遺伝研は、優れた研究をするだけでなく、未来のサイエンスを切り開く新分野の創造と、それを担う人材の育成を使命としています。リサーチ・アドミニストレーター室は、研究所の人材がその能力を最大限に発揮し、さらに能力を伸ばすために、さまざまなお手伝いをします。

私たちの活動の一環として、ワークショップ企画や異分野交流の仲介、論文発表やプレゼンテーションのサポート、国際連携活動、共通機器の運用支援、などを行います。また、研究や研究費申請についての議論や助言を通して、研究者が新しいアイデアに挑戦するための手助けをします。このような活動が遺伝研の優れた研究環境や活発な研究交流と相乗効果を及ぼし、研究所の新たな魅力となることを目指しています。

National Institute of Genetics (NIG) aims not only to conduct high quality research, but also to create new research fields for the future science and to nurture human resources that play key roles in this process. To contribute to this end, the Office for Research Development offers various help to the institutional personnel for further development of its research and research abilities.

Activities of our office include organizing workshops, mediate collaborative research, support preparation of manuscripts and scientific presentation, arrange international cooperation, and support research infrastructure such as operation of common equipment. We will also act as a "sounding board" on which you can try out your ideas on your research and research proposals. Synergizing with the superb research environment and the interactive atmosphere of NIG, we hope that our activities will be an additional appeal of the Institute.



リサーチ・アドミニストレーター室 Office for Research Development

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



広海 健 室長 理博
HIROMI, Yasushi
D. Sc., Director



来栖光彦 リサーチ・アドミニストレーター 博(理)
KURUSU, Mitsuhiko
D. Sc., Research Administrator

Writings and Talks

広海 健 (2001) "NIG 50 Years Ago" (国立遺伝学研究所2001年年報)
<http://www.nig.ac.jp/labs/AnnualRp/AR2001ja/ten.html>

広海 健 (2005) "遺伝研における男女共同参画 - 遺伝研に女性教員が多いのは研究のやりやすさの反映です"
<http://www.nig.ac.jp/jimu/danjo/>

Yasushi Hiromi "Humor in Scientific Presentations" 2nd Asia-Pacific Drosophila Research Conference, Seoul, Korea (2013.05)

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

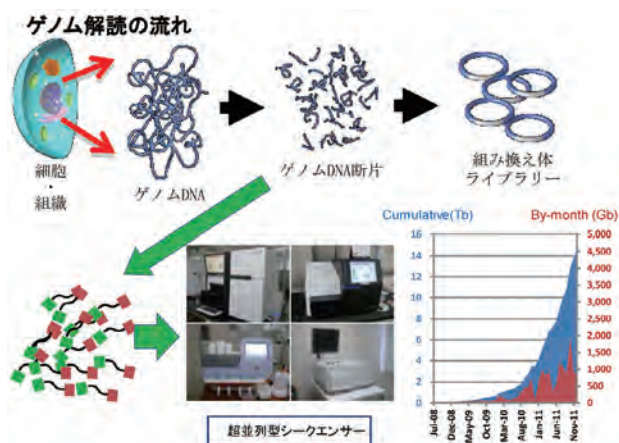
国立遺伝学研究所は、学術コミュニティからの大規模ゲノム解析の要望に応え、国内唯一のアカデミアDNAシーケンシングセンターを運用してきました。この間、メダカゲノム、ホヤゲノム、原始紅藻ゲノムの構造決定や、各種の生物を対象としたcDNA解析など多くの成果を上げています。

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。

□ 先端ゲノミクス推進センターの活動

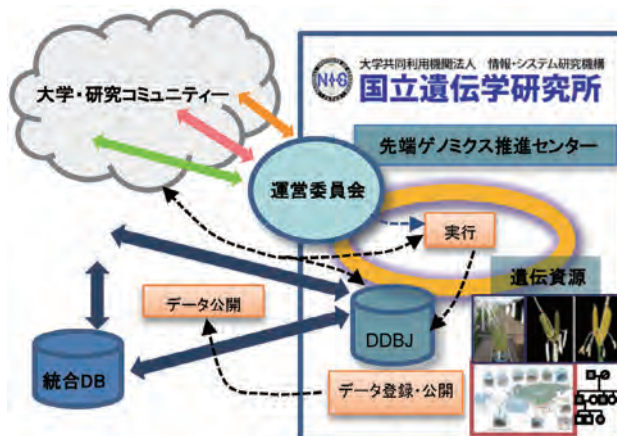
- ゲノム情報解析パイプラインの開発と提供
- 所内外との連携による共同利用・共同研究の推進
- 情報共有と情報セキュリティ体制の確立
- 生命研究各分野への先端ゲノミクスの応用と支援
- 先端ゲノミクス分野の人材育成

□ 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



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 genomics as well as genomic researches, this center will work closely with other laboratories of Genetic Strains Research Center, and research communities around the country. This center is also expected to become core facility for research communities to provide latest technologies and tools of the present-day genomics. To answer the expectations and heavy demand of genome analyses from the universities and research communities, the target projects that will be conducted in this center will be chosen through NIG's Collaborative Research Program that is open to researchers outside of NIG

□ 共同研究・共同利用の流れ



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



生物遺伝資源センター Genetic Resource Center

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

The Genetic Resource Center (GRC) 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 web sites shown below. 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/



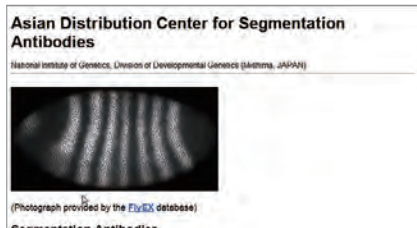
遺伝研の大腸菌リソース

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



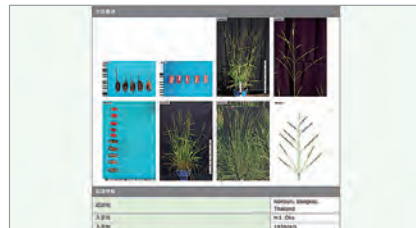
ショウジョウバエ・体節形成蛋白質抗体

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 above 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 農博
 SATO, 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『INSDC国際塩基配列データベース』が作られます。

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)。

2009年からいわゆる次世代シーケンサからの出力データを収集するSequence Read Archiveと従来のシーケンサからの出力データを収集するTrace ArchiveもINSDCのメンバーに加わりました。

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10数名ずつのエンジニアとアナテーターを中心に行われています。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INSDCの10%強を占めています(パネルB)。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クス研究所(KOBIC)の協力でDDBJに登録されます。(パネルC)。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D)。

また、2013年より科学技術振興機構(JST)と共同でヒトに関する研究データ共有のための制限公開データ用データベース(JGA)の運用を開始しています。

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".

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

In 2009, INSDC added a collaborative meeting to deal with mass sequence data produced by the "next" generation sequencers (Sequence Read Archive) and traces produced by traditional sequencers (Trace Archive).

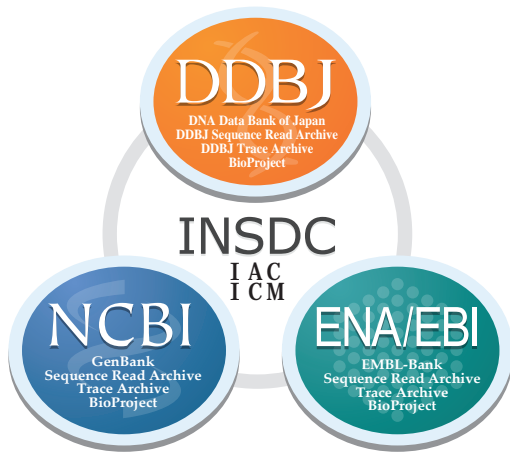
Daily operation of DDBJ is performed by every about 10 bio-annotators and system engineers under staffs' supervision. Every year, sequence data are submitted to DDBJ by almost constant number of groups, 3,000~4,000, for the last 10 years. It always consists about 10% of INSDC records (panel B).

Since 1993, sequences related to patent claims are also submitted to DDBJ by Japan Patent Office because INSDC 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 (panel C).

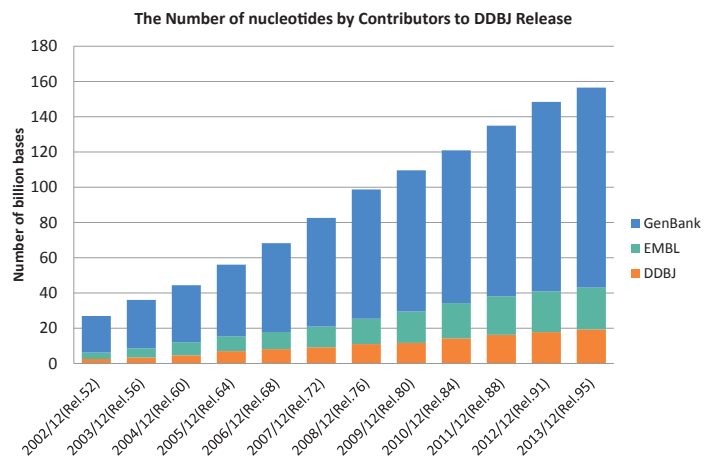
Researchers who use DDBJ to add their data in INSDC have been mostly Japanese (>90% of Japanese submit the data to DDBJ), but recently researchers in neighboring countries also uses DDBJ to some extent (panel D).

In 2013, DDBJ started a service of database for controlled access data (JGA) in collaboration with JST.

A



B

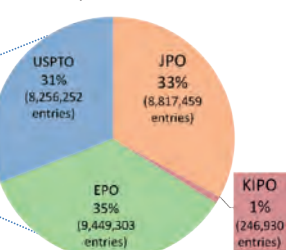


C

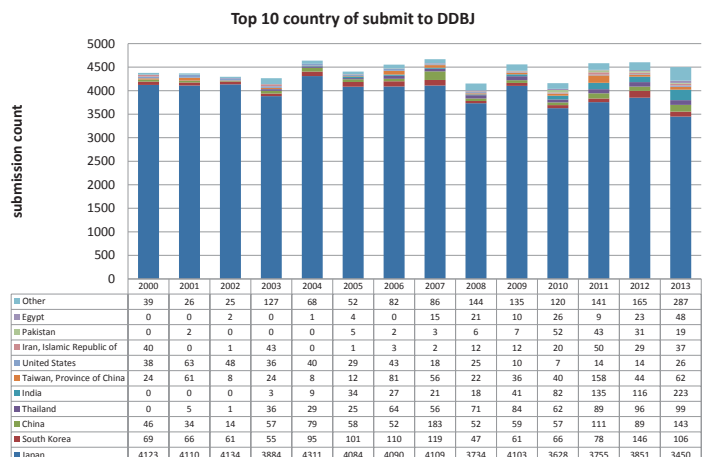
(1) Proportion of PAT division entries in DDBJ release 95.0



(2) Proportion of entries for each patent office



D



国立遺伝学研究所スーパーコンピュータシステム NIG Supercomputer System



遺伝研には国内3箇所の生命系スーパーコンピュータセンターの一つが設置されています。センターでは最新鋭のクラスターマシン(下表)を大学や各種研究機関むけに解放しており、生命系に特化した解析環境や充実した公共データの提供が特徴となっています。

昨年度には40を超える大学および研究機関の195テーマの研究に利用されました。

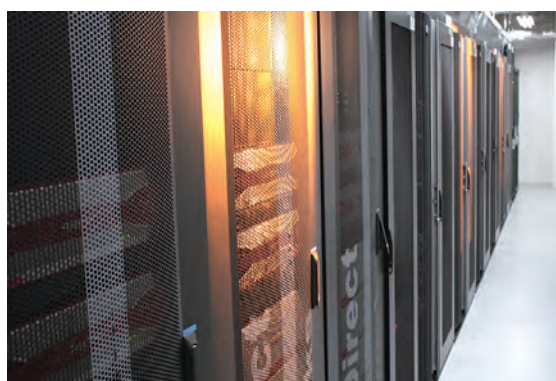
<http://sc.ddbj.nig.ac.jp/index.php/continue-users-info>

NIG has one of the three publicly funded supercomputer centers for life sciences in Japan. The latest high-performance cluster machines (tables) are open to the research uses in Universities and other organizations along with the optimized set of mathematical and bio applications and public data archive.

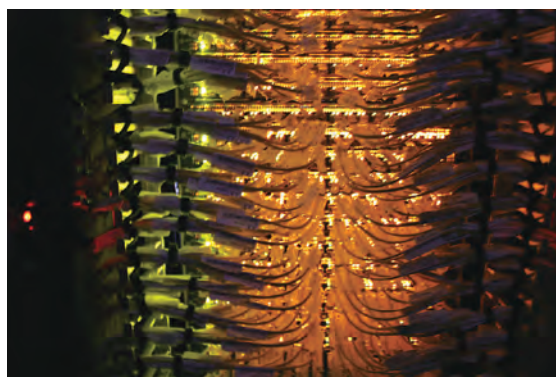
Last year, more than 195 research projects across more than 40 organizations used our computer system for their researches.

項目 Items	機器仕様・用途概要 Specifications	導入数量 Amount of hardware
1 Thin計算ノード Thin node	Memory 64GByte CPU Xeon E5-2670×2 16 Core Memory 64GByte CPU Xeon E5-2680v2×2 20 Core	352 node (64台にGPGPU搭載) 202 node (64台にGPGPU、32台にXeon Phi搭載)
2 Medium計算ノード Medium node	Memory 2TByte CPU Xeon E7-4870 ×10 80 Core	10 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.	5.5PByte
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	7PByte

表1 2012年および2014年導入計算機システム概要 Table1: Computing system installed in 2012 and 2014



システム全景(2012年度分)



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

「遺伝機能システム学」プロジェクト Systems Biology of Genetic Function

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
- 辰本 将司
- 許山 肖子
- 春島 嘉章
- 望月 孝子
- 程 朝陽
- 和田 浩則
- 福多賢太郎

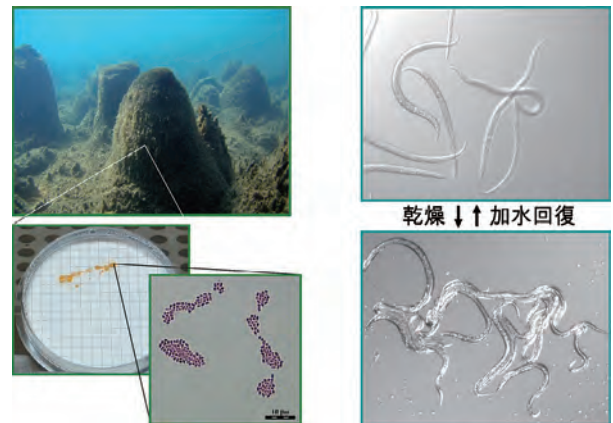
Members at NIG

- Postdoc KISO, Ayako
- Project Researcher HORIUCHI, Yoko
- TATSUMOTO, Shoji
- HOTOYAMA, Ayuko
- HARUSHIMA, Yoshiaki
- MOCHIZUKI, Takako
- CHEN, Chaoyan
- WADA, Hironori
- FUKUTA, Kentaro

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

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、京都市立大学、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

Members at NIG

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



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プログレスレポートとして博士課程5年生の研究紹介の場としても利用されています。

□ 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 Colloquia

Seminars are held every Friday by researchers at the institute to discuss their progress during the past year. Presentations are made not only by faculty, but also by fifth year graduate students as a part of their D5 Progress Report.

□ Biological Symposia

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



バイオロジカルシンポジウム Dr. Stephen Kowalczykowski講演
Biological Symposium Presented by Dr. Stephen Kowalczykowski

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 2014年4月5日

□ Open House

As one of the events of the Science and Technology Week, NIG opens its grounds and facilities to the public. Visitors attend exhibits and special lectures as well as enjoying cherry blossoms in the campus.



Open House on April 5, 2014

□ 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。

国立遺伝学研究所 2013年度の公開講演会

- 講演タイトル
生命の設計図DNAのふしぎ 前島一博 教授
ミトコンドリアと葉緑体 細胞内共生と進化 宮城島進也 特任准教授
マウスで探る「行動に関わる遺伝子」 小出 剛 准教授

□ Public Lecture

Once every autumn, NIG holds a public lecture in Tokyo, presented by its faculty.



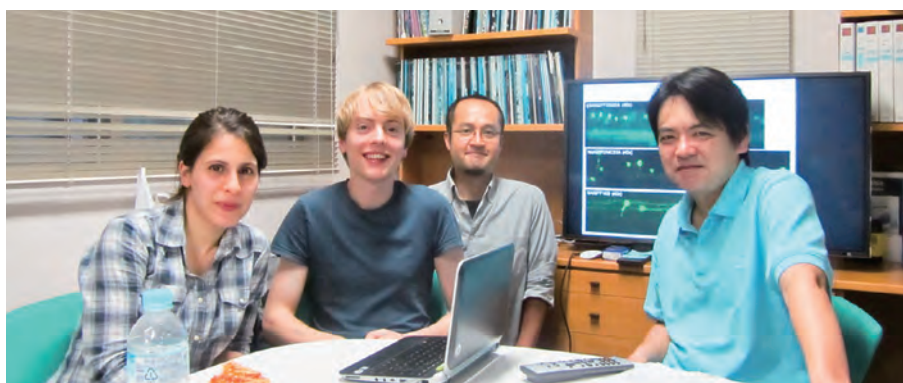
公開講演会 前島一博教授講演
Public Lecture Presented by Dr. Maeshima Kazuhiro

国際交流

International Activities

□ 海外の研究者との共同研究

国立遺伝学研究所では、国内の研究者のみならず国外の研究者との共同研究を推進しています。「初期発生研究部門 川上研究室」では、発生生物学・神経科学研究に有用なトランスジェニックゼブラフィッシュの世界最大規模のリソースを有しています。このリソースを基にした共同研究を展開するために、2013年度は、UC Berkeley (USA)、Chinese Academy of Science、Nanjing University (China)、Academia Sinica (Taiwan)、King's College London (UK)、College de France、CNRS (France)、Academy of Athens (Greece)からの研究者を短期間受け入れ、それぞれの研究者の研究対象となるトランスジェニックフィッシュをスクリーニングにより見つけ出す「shelf-screening」を実施しました。このような活動を通じて、国立遺伝学研究所は、国際的な研究拠点としての発展を目指しています。



□ Collaboration with researchers from foreign countries

National Institute of Genetics promotes collaborations not only with Japanese researchers but also researchers from foreign countries. Division of Molecular and Developmental Biology (Kawakami lab) has the world largest transgenic zebrafish resource that is useful for developmental biology and neuroscience. In 2013, researchers from UC Berkeley (USA), Chinese Academy of Science, Nanjing University (China), Academia Sinica (Taiwan), King's College London (UK), College de France, CNRS (France), and Academy of Athens (Greece) visited Kawakami lab and performed genetic screens to find fish that will be useful for their research ("shelf-screen"). Thus, National Institute of Genetics is aiming to establish a basis of international collaborations.

□ 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。2013年度は、国際シンポジウム2013「ゲノム進化の機構」を開催しました。「ゲノム進化の機構」会議(主催者:九州大学・舘田英典、遺伝研・明石裕)は進化遺伝学と機能ゲノム学との融合を目指して開催され、約60人(うち4割は国外から)の参加者がありました。若手とベテランの研究者、国内と国外の研究者との交流を促進するように会議の大きさと形式が決定されました。

■会期：2014年3月14日～17日

■場所：東レ総合研修センター、国立遺伝学研究所

□ 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 "The Causes of Genome Evolution", held in Shizuoka, Japan. This conference (organized by Hidenori Tachida, Kyushu University & Hiroshi Akashi, NIG) focused on research at the interface of evolutionary genetics and functional genomics. The conference was attended by about 60 investigators (40% from abroad). The conference size and format were designed to promote interactions among junior and senior as well as domestic and international investigators.

Dates: March 14 - 17, 2014

Venue: Toray Conference Center and National Institute of Genetics, Mishima, Japan



SMBE Satellite Meeting / NIG International Symposium:
The Causes of Genome Evolution
March 14-17, 2014

Toray Conference Center and National Institute of Genetics, Mishima, Japan



□ 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。外国人研究員・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/soken/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
博士研究員	Postdoc	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	Plant Genetics Laboratory
王子軒	WANG, Zi-Xuan	Development of resource basis for promoting diversity studies in genus <i>Oryza</i> .		
博士研究員	Postdoc	イネ属の多様性および種間変異の調査解析	植物遺伝研究室	Plant Genetics Laboratory
SHENTON, Matthew Richard		Characterization of biodiversity and species variation in genus <i>Oryza</i> .		
博士研究員	Postdoc	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	DDBJセンター	DDBJ Center
李慶範	LEE, KyungBum	Reception and quality control of the massive submissions at DDBJ.		
博士研究員	Postdoc	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	分子遺伝研究部門	Division of Molecular Genetics
PERPELESCU, Marinela		Molecular mechanism for chromosome mis-segregation and its implication in carcinogenesis.		
博士研究員	Postdoc	セントロメア領域におけるクロマチン構造の解析	分子遺伝研究部門	Division of Molecular Genetics
商維昊	SHANG, Wei-Hao	Analysis of chromatin structure in centromere regions.		
博士研究員	Postdoc	マウス雄性生殖細胞特異的因子 <i>Nanos2</i> の標的RNAの同定と機能解析	発生工学研究室	Mammalian Development Laboratory
周智	ZHOU, Zhi	Identification of target genes of <i>Nanos 2</i> in germ cell.		
博士研究員	Postdoc	マウス生殖細胞の性分化決定機構の解析	発生工学研究室	Mammalian Development Laboratory
吴泉	WU, Quan	Study on the mechanism of sex determination of murine germ cells.		
博士研究員	Postdoc	イネの生殖細胞発生に関わるRNA結合蛋白質の解析	実験圃場	Experimental Farm
劉華	LIU, Hua	Analysis of RNA-binding proteins promoting germ-cell development in rice.		
博士研究員	Postdoc	線虫の非対称分裂機構の研究	多細胞構築研究室	Multicellular Organization Laboratory
金銀華	JIN, Yinhu	Study on asymmetric cell division in <i>C. elegans</i> .		
特任研究員	Project Researcher	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	人類遺伝研究部門	Division of Human Genetics
GURUMURTHY, Aishwarya		Gene expression profile and regulation for understanding disease pathophysiology.		

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『種の起原』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

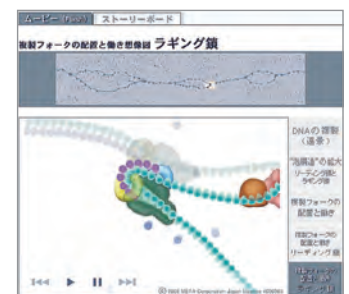
ゲノムプロジェクトにより、生命現象の基本プログラムの詳細な姿を明らかにするための基礎となる「情報」が日々蓄積されています。それらは、ゲノムの構造と密接に関連した生物情報知識ベースとしてコンピュータ化され、バイオサイエンス研究の基盤情報として広く使われているのです。

□ 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タンパク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。



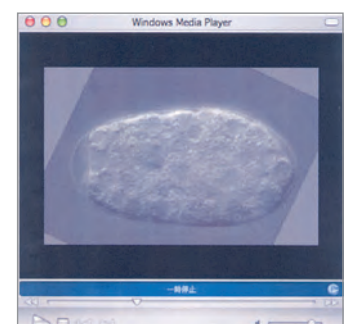
マルチメディア資料館:DNAの複製



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

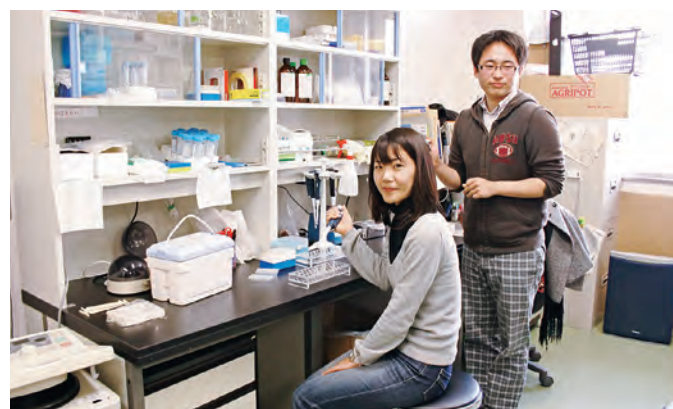
遺伝研では、教授も准教授もそれぞれ独立の研究室を組織して研究を行っています。各研究室の構成員は10人前後と小規模ですので、教員と頻繁な密度の濃い議論が可能です。博士課程の大学院生1人あたりの教員数は2.08人であり、大学院大学ならではの非常に恵まれた研究教育環境であるといえます。教員1人あたりの学生数、学生1人の教育にかかる経費などを総合した「教育の偏差値」は、全国の国立大学のなかでトップに位置しています。

□ 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て「自分の科目」を造ることもできます。また、英語による口頭発表や論文作成など、成果発表のための実践的技術を身につけるための授業も行っています。

遺伝研では、多岐分野にわたるセミナーが頻り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回も開かれ、活発な論議が行われています。セミナー 演者と大学院生との昼食会に参加すれば、あこがれの研究者と実際に会って個人的に話をすることができます。



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。

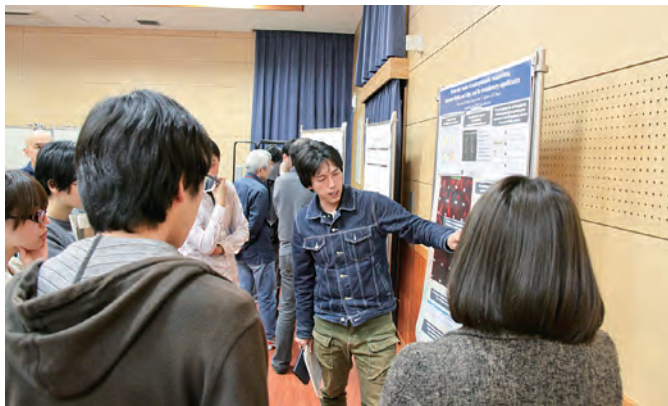
これらの制度が、研究が行き詰まったときの助けになるのはもちろんですが、様々な分野の研究者の意見を聞く機会をもつことで、研究者としての視野を広げるのに役立っています。また、英語論文を書くための準備やプレゼンテーションの訓練という意味でも経験を積むことができます。

□ 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、自由に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を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」とい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

遺伝学専攻では在學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ドクなどの求人情報が素早く入手できる便利な制度です。

□ 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

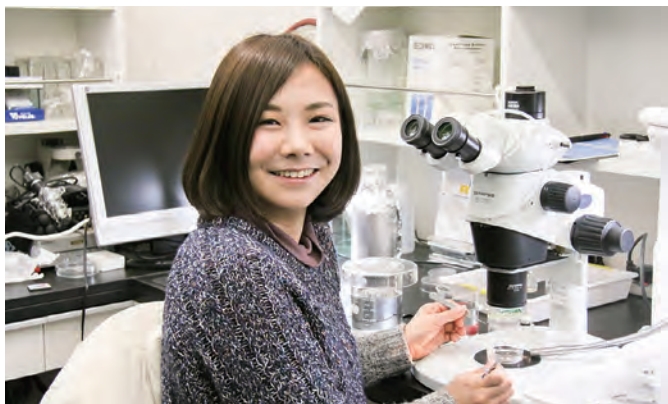
To help our graduates find jobs after obtaining their degrees, NIG collects recruitment information for positions such as postdocs and assistant professors and informs the graduate students and alumni using a web page and a mailing list.

□ 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

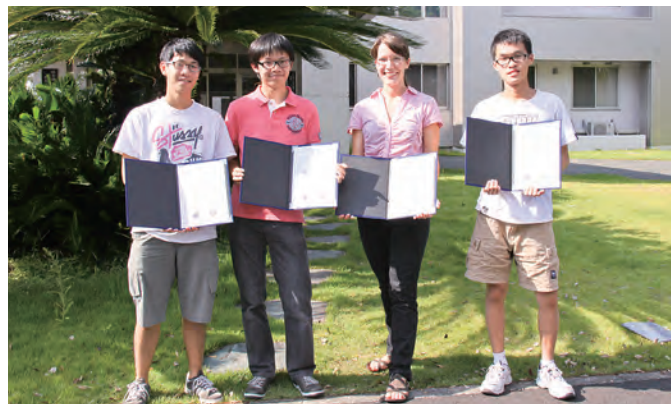
遺伝研では学部学生のための「体験入学プログラム」を実施しています。1週間程度、遺伝研の宿泊施設に泊まり込み、実験、セミナー参加など、たくさんのプログラムで遺伝研の研究生生活を体験することができます。旅費・宿泊費は遺伝研から支給されます。



□ 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 travel 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.

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



□ 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



Heterogeneous tempo and mode of conserved noncoding sequence evolution among four mammalian orders.

Babarinde, I., and Saitou, N.

Genome Biology and Evolution 5, 2330-2343 (2013)

Isaac Adeyemi Babarinde (D4)

最先端の施設、素晴らしい人材、実り多い科学的議論、そして国際的な科学コミュニティとのネットワーク。遺伝研はトップクラスの大学院研究の場です。

Isaac Adeyemi Babarinde (D4)

The state-of-the-art facilities, great human resources, productive scientific discussions, as well as established networks with international science community make NIG one of the best for graduate studies.



An allometric relationship between mitotic spindle width, spindle length, and ploidy in *Caenorhabditis elegans* embryos.

Hara, Y., and Kimura, A.

Molecular Biology of the Cell 24, 1411-1419 (2013)

原 裕貴 (2010.3 卒業)

遺伝研には自分の研究に専念できる環境があります。所内の先生・研究員・学生と積極的に議論をして、研究を楽しんでください。

Hara Yuki (Graduated in March 2010)

NIG has a good environment to concentrate on your own research. Please enjoy your research through a lot of discussions with colleagues in NIG.



Egfr signaling controls the size of the stem cell precursor pool in the *Drosophila ovary*.

Matsuoka, S., Hiromi, Y., and Asaoka, M.

Mechanisms of Development 130, 241-253 (2013)

松岡信弥 (2011.3 卒業)

遺伝研・総研大では、研究環境が整っているのもちろんのこと、充実した論文執筆・プレゼンテーションの指導に感謝しました。

Matsuoka Shinya (Graduated in March 2011)

Thanks to the favorable environment to develop a scientific career in NIG/SOKENDAI, especially the intensive teaching about the scientific writing and presentation.

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

(2014年4月1日現在)

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
館田英典 TACHIDA, Hidenori	九州大学大学院理学研究院教授 Professor, Faculty of Sciences, Kyusyu University	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)

城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	副所長 Vice-Director	川上浩一 KAWAKAMI, Koichi	個体遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Developmental Genetics	大久保公策 OKUBO, Kousaku	生命情報研究センター長 Head, Center for Information Biology
荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	副所長 Vice-Director	斎藤成也 SAITOU, Naruya	集団遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Population Genetics	仁木宏典 NIKI, Hironori	放射線・アイソトープセンター長 Head, Radioisotope Center
深川竜郎 FUKAGAWA, Tatsuo	分子遺伝研究系主幹 Head, Department of Molecular Genetics	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji	総合遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Integrated Genetics	藤山秋佐夫 FUJIYAMA, Asao	先端ゲノミクス推進センター長 Head, Advanced Genomics Center (所内委員)
小林武彦 KOBAYASHI, Takehiko	細胞遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Cell Genetics	倉田のり KURATA, Nori	系統生物研究センター長 Head, Genetic Strains Research Center		

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	東京大学名誉教授 Emeritus Professor, The University of Tokyo	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

総合企画会議 Council for Strategy Planning and Coordination

所長の指揮の下、研究所の運営に関する基本方針の企画立案等を行うとともに、機構本部と連携する。

Under the Director-General's supervision, the Council makes basic plans and policies on NIG management in addition to coordinating with the ROIS headquarters.

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

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

館田英典
TACHIDA, Hidenori
九州大学大学院理学研究院教授
Professor, Faculty of Sciences, Kyusyu University

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

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

(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

小林武彦
KOBAYASHI, Takehiko
細胞遺伝研究系教授
Professor, Department of Cell Genetics

澤 斉
SAWA, Hitoshi
構造遺伝学研究センター教授
Professor, Structural Biology Center

城石俊彦
SHIROISHI, Toshihiko
系統生物研究センター教授
Professor, Genetic Strains Research 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	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	放射線安全委員会 RI Safety	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki
予算委員会 Budget	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	遺伝子組換え実験安全委員会 Recombinant Experiments	上田 龍 UEDA, Ryu
施設整備委員会 Facility Management	小林武彦 KOBAYASHI, Takehiko	動物実験委員会 Animal Experiment	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko
共通機器委員会 Common Equipment	川上浩一 KAWAKAMI, Koichi	防火・防災管理委員会 Fire & Disaster Prevention	管理部長 General Manager
電子計算機委員会 Computer	藤山秋佐夫 FUJIYAMA, Asao	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
図書委員会 Library	澤 斉 SAWA, Hitoshi	マウス小委員会 Mouse Bioresource	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko
セミナー委員会 Seminar	野々村賢一 NONOMURA, Kenichi	イネ小委員会 Rice Bioresource	倉田のり KURATA, Nori
事業委員会 NIG Projects	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji	大腸菌小委員会 E. Coli Bioresource	仁木宏典 NIKI, Hironori
広報委員会 Publicity	前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro	ハラスメント防止・対策委員会 Harassment Prevention	副所長 Vice-Director
知的財産委員会 Intellectual Property	前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro	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, Kosaku
		安全衛生委員会 Safety & Health	井ノ上逸朗 INOUE, Ituro
		利益相反委員会 Conflict of Interests	所長 Director-General
		遺伝学博物館委員会 Museum of Genetics	斎藤成也 SAITOU, 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 DNA Database Advisory	高木利久 TAKAGI, Toshihisa

(2013年度委員)

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

Table with 4 columns: Name, Affiliation, Name, Affiliation. Members include Akira Kinjo, Ken Kurokawa, Yoshiko Shirokizawa, etc.

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

Table with 4 columns: Name, Affiliation, Name, Affiliation. Members include Yasuto Akiyama, Tsukasa Oda, etc.

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

Table with 2 columns: Name, Affiliation. Member: Nobuyoshi Shiojiri.

生物遺伝資源委員会 所外委員 Genetic Resources Committee (Non - NIG members)

Table with 4 columns: Name, Affiliation, Name, Affiliation. Members include Ryo Akashi, Jun Abe, Tadashi Isa, Kazuo Inaba, etc.

松浦啓一 MATSUURA, Keiichi	独立行政法人国立科学博物館特任研究員 Project Researcher, National Museum of Nature and Science	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
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 Bioagricultural Sciences, 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
三谷昌平 MITANI, Shohei	東京女子医科大学医学部第二生理学教室主任教授 Head Professor, Department of Physiology, School of Medicine, Tokyo Women's Medical University	吉木 淳 YOSHIKI, Atsushi	独立行政法人理化学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

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発生・再生科学総合研究センター特別顧問 Senior Advisor, RIKEN Center for Developmental Biology	八神健一 YAGAMI, Kenichi	筑波大学医学医療系教授 Professor, Faculty of Medicine, University of Tsukuba
小幡裕一 OBATA, Yuichi	独立行政法人理化学研究所バイオリソースセンター長 Director, BioResource Center, RIKEN Tsukuba Institute	吉木 淳 YOSHIKI, Atsushi	独立行政法人理化学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
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	米川博通 YONEKAWA, Hiromichi	東京都医学総合研究所客員研究員 Visiting Researcher, Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science
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	林元展人 HAYASHIMOTO, Nobuhito	財団法人実験動物中央研究所 ICLAS モニタリングセンター長代理 Deputy Director, ICLAS Monitoring Center Central Institute for Experimental Animals
中瀧直己 NAKAGATA, Naomi	熊本大学生命資源研究・支援センター動物資源開発研究部門教授 Professor, Institute of Resource Development and Analysis Center for Animal Resources and Development, Kumamoto 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
松田潤一郎 MATSUDA, Junichiro	独立行政法人 医薬基盤研究所難病・疾患資源研究部疾患モデル小動物研究室研究リーダー Project leader, Laboratory of Experimental Animal Models and Experimental Animals Resource Bank, National Institute of Biomedical Innovation		

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

芦苺基行 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	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
石川隆二 ISHIKAWA, Ryuji	弘前大学農学生命科学部教授 Professor, Faculty of Agriculture and Life Science, Hirosaki University	長村吉晃 NAGAMURA, Yoshiaki	独立行政法人農業生物資源研究所農業生物先端ゲノム研究センターゲノムリソースユニット長 Director, Genome Resource Unit, Agrogenomics Research Center, National Institute of Agrobiological Sciences
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	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
奥野真敏 OKUNO, Kazutoshi	筑波大学大学院北アフリカ研究センター研究員 Researcher, Alliance for Research on North Africa, Tsukuba 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
奥本 裕 OKUMOTO, Yutaka	京都大学大学院農学研究所教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University	横井修司 YOKOI, Shuji	岩手大学農学部准教授 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Iwate University
川崎 努 KAWASAKI, Tsutomu	近畿大学農学部バイオサイエンス学科教授 Professor, Faculty of Agriculture, Kinki University	吉村 淳 YOSHIMURA, Atsushi	九州大学大学院農学研究院教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyushu University
北野英己 KITANO, Hidemi	名古屋大学生物機能開発利用研究センター教授 Professor, Bioscience and Biotechnology Center, Nagoya University		
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		

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, Mitsuhiko	慶應義塾大学環境情報学部教授 Professor, Faculty of Environment and Information Studies, Keio University	田中 寛 TANAKA, Kan	東京工業大学資源化学研究所教授 Professor, Chemical Resources Laboratory, 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教授 Professor, Graduate School of Medicine, Osaka University
内海龍太郎 UTSUMI, Ryutaro	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准教授 Associate professor, Medical Mycology Research Center, Chiba University
小倉光雄 OGURA, Mitsuo	東海大学海洋研究所海洋生物センター教授 Professor, Marine Biological Center, Tokai University	吉川博文 YOSHIKAWA, Hirofumi	東京農業大学応用生物科学部教授 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	城石俊彦	Vice-Director	SHIROISHI, Toshihiko
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	香川尚子	Postdoc	KAGAWA, Naoko
博士研究員	ペルペレスク, マリネラ	Postdoc	PERPELESCU, Marinela
博士研究員	商 維昊	Postdoc	SHANG, Wei-Hao
総研大 D5	高木恵次	D5 Student SOKENDAI	TAKAGI, Keiji
総研大 D2	ナグパル, ハルシュ	D2 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	ベルモント, アンドリュー S.	Visiting Prof.	BELMONT, Andrew S.
客員教授	デッカー, ジョブ	Visiting Prof.	DEKKER, Job

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
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 D5	榮岩春奈	D5 Student SOKENDAI	HAEIWA, Haruna
総研大 D4	鷗之沢英理	D4 Student SOKENDAI	UNOZAWA, Eri
総研大 D4	高橋明大	D4 Student SOKENDAI	TAKAHASHI, Akihiro
特別共同利用研究員(東京工業大学大学院)	若月 剛	Special joint researcher	WAKATSUKI, Tsuyoshi

□ 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

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

客員教授	シェラット, デヴィット	Visiting Prof.	SHERRATT, David
客員教授	ロスSTEIN, 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

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
博士研究員	岩田亮平	Postdoc	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 D2	中沢信吾	D2 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
博士研究員	田辺英幸	Postdoc	TANABE, Hideyuki
博士研究員	ラル, プラディーブ	Postdoc	LAL, Pradeep
総研大 D5	吉野彬子	D5 Student SOKENDAI	YOSHINO, Akiko
総研大 D4	アイラニ, ディープク	D4 Student SOKENDAI	AILANI, Deepak
総研大 D2	ミー, スティーブン アンドリュー	D2 Student SOKENDAI	MILLER, Steven Andrew

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

客員教授	エンゲルト, 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 E. M.	Visiting Prof.	FURLONG, Eileen E. M.

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	ジナム, テイモシー A.	Assist. Prof.	JINAM, Timothy A.
総研大 D4	ババリンデ, イサク アデーエミ	D4 Student SOKENDAI	BABARINDE, Isaac Adeyemi
総研大 D4	ヘチアチ, ニルミニ ナデーカ	D4 Student SOKENDAI	HETTIARACHI, Nilmini Nadeeka
総研大 D1	シャオケット, シャイラー	D1 Student SOKENDAI	XIAOKAITI, Xiayire
特別共同利用研究員(東京大学大学院)	ムハモディサバ, モルテザ	Special joint researcher	MAHMOUDISABER, Morteza

□ 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
博士研究員	松本知高	Postdoc	MATSUMOTO, Tomotaka
総研大 D3	ミシュラ, ネハ	D3 Student SOKENDAI	MISHRA, Neha
総研大 D1	カワシマ ケント	D1 Student SOKENDAI	KAWASHIMA, Kent

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

客員教授	フォン・ヘーゼー, アーント	Visiting Prof.	von HAESELER, Arndt
客員教授	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
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 D3	富山哲朗	D3 Student SOKENDAI	TOMIYAMA, Tetsuro
総研大 D3	オマル, ワリード フェイン	D3 Student SOKENDAI	OMER, Waleed Hussein
総研大 D2	ロメロ, バネッサ	D2 Student SOKENDAI	ROMERO, Vanessa
総研大 研究生	カシガル, クリステイン	Research Student, SOKENDAI	CASINGAL, Cristine

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

教授	角谷徹仁	Prof.	KAKUTANI, Tetsuji
助教	樽谷芳明	Assist. Prof.	TARUTANI, Yoshiaki
助教	稲垣宗一	Assist. Prof.	INAGAKI, Soichi
日本学術振興会特別研究員	藤 泰子	JSPS Research Fellow	TO, Taiko
総研大 D5	保坂 碧	D5 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

教授	平田たつみ	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	マーチンセン, ロバート A.	Visiting Prof.	MARTIENSSEN, Robert A.

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

センター長(兼)	相賀裕美子	Head	SAGA, Yumiko
----------	-------	------	--------------

□ 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	柳原啓見	JSPS Research Fellow	YANAGIHARA, Hiromi
総研大 D3	金原良樹	D3 Student SOKENDAI	KANEHARA, Yoshiki

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

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

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

特任准教授	宮城島進也	Project Assoc. Prof.	MIYAGISHIMA, Shin-ya
博士研究員	廣岡俊亮	Postdoc	HIROOKA, Shunsuke
博士研究員	墨谷暢子	Postdoc	SUMIYA, Nobuko
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 D3	中村真心	D3 Student SOKENDAI	NAKAMURA, Mami
総研大 D2	宇塚明洋	D2 Student SOKENDAI	UZUKA, Akihiro

□ 生態遺伝学研究室 Ecological Genetics Laboratory

特任准教授	北野 潤	Project Assoc. Prof.	KITANO, Jun
遺伝研博士研究員	高橋鉄美	NIG Postdoc	TAKAHASHI, Testumi
博士研究員	石川麻乃	Postdoc	ISHIKAWA, Asano
日本学術振興会特別研究員	吉田恒太	JSPS Research Fellow	YOSHIDA, Kohta
日本学術振興会特別研究員	川尻舞子	JSPS Research Fellow	KAWAJIRI, Maiko
日本学術振興会特別研究員	ラビネット, マーク	JSPS Research Fellow	RAVINET, Mark
総研大 D3	伊藤史博	D3 Student SOKENDAI	ITO, Fumihiro

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

特任准教授	北川大樹	Project Assoc. Prof.	KITAGAWA, Daiju
-------	------	----------------------	-----------------

博士研究員	松浦利絵子	Postdoc	MATSUURA, Rieko
日本学術振興会特別研究員	太田 緑	JSPS Research Fellow	OHATA, Midori
日本学術振興会特別研究員	白土 玄	JSPS Research Fellow	SHIRATSUCHI, Gen
日本学術振興会特別研究員	吉場聡子	JSPS Research Fellow	YOSHIBA, Satoko
総研大 D3	土屋裕樹	D3 Student SOKENDAI	TSUCHIYA, Yuki
総研大 D2	グプタ, アクシャリ	D2 Student SOKENDAI	GUPTA, Akshari

□ 細胞空間制御研究室 Cell Dynamics and Organization Laboratory

准教授	小田祥久	Assoc. Prof.	ODA, Yoshihisa
特別共同利用研究員(東京大学大学院)	長島慶喜	Special joint researcher	NAGASHIMA, Yoshinobu

□ 定量メカノバイオロジー研究室 Quantitative Mechanobiology Laboratory

准教授	島本勇太	Assoc. Prof.	SHIMAMOTO, Yuta
博士研究員	高木 潤	Postdoc	TAKAGI, Jun

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

センター長(兼)	倉田のり	Head	KURATA, Nori
----------	------	------	--------------

□ 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
助教	天野孝紀	Assist. Prof.	AMANO, Takanori
遺伝研博士研究員	毛利恒輔	NIG Postdoc	MOURI, Kosuke
博士研究員	嵯峨井知子	Postdoc	SAGAI, Tomoko
博士研究員	片岡太郎	Postdoc	KATAOKA, Taro
日本学術振興会特別研究員	関 亮平	JSPS Research Fellow	SEKI, Ryohei

□ 発生工学研究室 Mammalian Development Laboratory

教授	相賀裕美子	Prof.	SAGA, Yumiko
助教	加藤 謙	Assist. Prof.	KATO, Yuzuru
助教	安島理恵子	Assist. Prof.	AJIMA, Rieko
博士研究員	吳 泉	Postdoc	WU, Quan
博士研究員	周 智	Postdoc	ZHOU, Zhi
総研大 D5	小池紘子	D5 Student SOKENDAI	KOIKE, Hiroko
総研大 D5	櫻井隆順	D5 Student SOKENDAI	SAKURAI, Takayuki
総研大 D5	坂口あかね	D5 Student SOKENDAI	SAKAGUCHI, Akane
総研大 D4	プイ, ハン ピン	D4 Student SOKENDAI	PUI, Han Pin
総研大 D1	福田胡桃	D1 Student SOKENDAI	FUKUDA, Kurumi
特別共同利用研究員(東京大学大学院)	趙 微	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
遺伝研博士研究員	堀井康行	NIG Postdoc	HORII, Yasuyuki
総研大 D5	田邊 彰	D5 Student SOKENDAI	TANAVE, Akira
総研大 D2	松本悠貴	D2 Student SOKENDAI	MATSUMOTO, Yuki
特別共同利用研究員(山形大学大学院)	今井悠二	Special joint researcher	IMAI, Yuji

□ 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
博士研究員	河崎敏広	Postdoc	KAWASAKI, Toshihiro
総研大 D3	竹本一政	D3 Student SOKENDAI	TAKEMOTO, Kazumasa

□ 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	藤田雅丈	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
博士研究員	野崎晋五	Postdoc	NOZAKI, Shingo
博士研究員	岡本 尚	Postdoc	OKAMOTO, Sho
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
助教	林 貴史	Assist. Prof.	HAYASHI, Takashi

□ 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

構造遺伝学研究センター Structural Biology Center

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

□ 生体高分子研究室 Biological Macromolecules Laboratory

教授	前島一博	Prof.	MAESHIMA, Kazuhiro
助教	井手 聖	Assist. Prof.	IDE, Satoru
総研大 D2	今井亮輔	D2 Student SOKENDAI	IMAI, Ryosuke
総研大 D1	佐々木飛鳥	D1 Student SOKENDAI	SASAKI, Asuka
総研大 D1	永島峻甫	D1 Student SOKENDAI	NAGASHIMA, Ryosuke
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

□ 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
遺伝研博士研究員	近藤 興	NIG Postdoc	KONDO, Tomo
総研大 D3	山本一徳	D3 Student SOKENDAI	YAMAMOTO, Kazunori

□ 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
博士研究員	宗 修平	Postdoc	SO, shuhei
博士研究員	中山創平	Postdoc	NAKAYAMA, Sohei
博士研究員	金 銀華	Postdoc	JIN, Yinhua
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.	ITOH, Hiroshi

□ 遺伝子回路研究室 Gene Network Laboratory

准教授	鈴木えみ子	Assoc. Prof.	SUZUKI, Emiko
助教	田守洋一郎	Assist. Prof.	TAMORI, Yoichiro
遺伝研博士研究員	本庄 賢	NIG Postdoc	HONJO, Ken

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

特任教授	五條堀 孝	Project 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	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 D5	石川昌和	D5 Student SOKENDAI	ISHIKAWA, Masakazu
特別共同利用研究員 (京都大学大学院)	スルタナ, ザキア	Special joint researcher	SULTANA, Zakea

□ 生命ネットワーク研究室 Laboratory of Biological Networks

教授	有田正規	Prof.	ARITA, Masanori
博士研究員	向田志保	Postdoc	MUKAIDA, Shiho
特任研究員	藪崎純子	Project Researcher	YABUZAKI, Junko

□ 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

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

教授	高木利久	Prof.	TAKAGI, Toshihisa
遺伝研博士研究員	原 一夫	NIG Postdoc	HARA, Kazuo
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
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
特任研究員	清岡美穂	Project Researcher	KIYOOKA, Miho
特任研究員	吉田 悟	Project Researcher	YOSHIDA, Satoru
特任研究員	塚本ゆみ	Project Researcher	TSUKAMOTO, Yumi

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
遺伝研博士研究員	劉 華	NIG Postdoc	LIU, Hua

博士研究員	新濱 充	Postdoc	NIIHAMA, Mitsuru
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)	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)	久保貴彦	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(兼)	藤山秋佐夫	Head	FUJIYAMA, Asao
----------	-------	------	----------------

教授(兼)	藤山秋佐夫	Prof.	FUJIYAMA, Asao
特任教授	小原雄治	Project Prof.	KOHARA, Yuji
特任准教授	豊田 敦	Project Assoc. Prof.	TOYODA, Atsushi
特任准教授	野口英樹	Project Assoc. Prof.	NOGUCHI, Hideki
特任研究員	陳 薇	Project Researcher	CHEN, Wei
特任研究員	会津智幸	Project Researcher	AIZU, Tomoyuki
特任研究員	江島史緒	Project Researcher	EJIMA, Fumiwo
特任研究員	石崎比奈子	Project Researcher	ISHIZAKI, Hinako

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)	有田正規	Prof.	ARITA, Masanori
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
博士研究員	古屋典子	Postdoc	FURUYA, Noriko

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
特任技術専門員	藤枝 香	Researcher	FUJIEDA, Kaori

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	鹿兒島 浩	Postdoc	KAGOSHIMA, Hiroshi
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	程 朝陽	Postdoc	CHEN, Chaoyang
融合プロジェクト 博士研究員	二宮洋一郎	Postdoc	NINOMIYA, Youichiro
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	堀内陽子	Postdoc	HORIUCHI, Youko
融合プロジェクト 博士研究員	荒井律子	Postdoc	ARAI, Ritsuko
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	福多賢太郎	Postdoc	FUKUTA, Kentaro
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 特任研究員	許山肖子	Project Researcher	MOTOYAMA, Ayuko
融合プロジェクト 特任研究員	木曾彩子	Project Researcher	KISO, Ayako
融合プロジェクト 特任研究員	望月孝子	Project Researcher	MOCHIZUKI, Takako

ライフサイエンス統合データベースセンター Database Center for Life Science

□ 遺伝研で研究しているメンバー Members at NIG

センター長	小原雄治	Head	KOHARA, Yuji
教授(兼)	大久保公策	Prof.	OKUBO, Kousaku
特任准教授	坊農秀雅	Project Assoc. Prof.	BONO, Hidemasa
特任助教	小野浩雅	Project Assist. Prof.	ONO, Hiromasa
特任助教	内藤雄樹	Project Assist. Prof.	NAITO, Yuki
特任助教	仲里猛留	Project Assist. Prof.	NAKAZATO, Takeru
特任技術専門員	大田達郎	Researcher	OHTA, Tazro

知的財産室 Intellectual Property Unit

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

リサーチ・アドミニストレーター室 Office for Research Development

室長・特任教授	広海 健	Director	HIROMI, Yasushi
リサーチ・アドミニ ストレーター	来栖光彦	Research Administrator	KURUSU, Mitsuhiko
特任専門員	小林百合	Researcher	KOBAYASHI, Yuri
特任専門員	伊東真知子	Researcher	ITOH, Machiko

管理部と技術課職員

Staff of Administration Department and Technical Section

所長	Director - General	1	
教授	Professors	21	
准教授	Associate Professors	11	
助教	Assistant Professors	35	
客員教授	Adjunct Professors	10	
小計	Subtotal	67	(所長、客員教授を除く excluding Director - General and Adjunct Professors)
管理部	Administration Staffs	18	
技術課	Technicians	12	
合計	Total	97	(所長、客員教授を除く excluding Director - General and Adjunct Professors) (2014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 and Project Section			
課長	Manager	柴川芳範	SHIBAKAWA, Yoshinori
副課長	Deputy Manager	中尾 淳	NAKAO, Makoto
<input type="checkbox"/> 総務・教育チーム General Affairs / Education Team			
係長(兼)	Subsection Chief	中尾 淳	NAKAO, Makoto
<input type="checkbox"/> 人事・労務チーム Personnel Team			
係長	Subsection Chief	齊藤麻衣子	SAITO, Maiko
<input type="checkbox"/> 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	久保 信	KUBO, Makoto
副課長	Deputy Manager	根木忠広	NEGI, Tadahiro
副課長	Deputy Manager	堀籠利宏	HORIGOME, Toshihiro
<input type="checkbox"/> 財務チーム Financial Affairs Team			
係長(兼)	Subsection Chief	根木忠広	NEGI, Tadahiro
<input type="checkbox"/> 調達チーム Supplies Team			
係長	Subsection Chief	鈴木政敏	SUZUKI, Masatoshi
<input type="checkbox"/> 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	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	Jun. 1	Established under the jurisdiction of the Ministry of Education, Science, Sports and Culture. Started with an administrative department and three research departments.
	8月10日	小熊 捍 初代所長就任			
昭和28年	1月1日	研究部を形質遺伝部、細胞遺伝部、生理遺伝部に改組	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			
昭和29年	7月1日	応用遺伝部設置			
昭和30年	9月15日	変異遺伝部設置			
	10月1日	木原 均 第2代所長就任			
昭和35年	4月30日	人類遺伝部設置	1954	Jul. 1	Department of Applied Genetics was added.
昭和37年	4月1日	微生物遺伝部設置	1955	Sep. 15	Department of Induced Mutation was added.
昭和39年	4月1日	集団遺伝部設置		Oct. 1	Prof. Hitoshi Kihara was elected the 2nd Director.
昭和44年	4月1日	森脇大五郎 第3代所長就任、 分子遺伝部設置	1960	Apr. 30	Department of Human Genetics was added.
			1962	Apr. 1	Department of Microbial Genetics was added.
			1964	Apr. 1	Department of Population Genetics was added.
昭和49年	4月1日	植物保存研究室設置	1969	Apr. 1	Prof. Daigoro Moriwaki was elected the 3rd Director. Department of Molecular Biology was added.
昭和50年	3月1日	田島彌太郎 第4代所長就任			
	10月1日	遺伝実験生物保存研究施設動物保存研究室設置	1974	Apr. 1	Plant Genetic Stock Laboratory was established.
			1975	Mar. 1	Dr. Yataro Tajima was elected the 4th Director.
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		Oct. 1	Animal 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	1976	Oct. 1	Microbial Section was added in the Genetic Stock Center.
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	1983	Oct. 1	Dr. Ei Matsunaga was elected the 5th Director.
			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			
昭和62年	1月12日	日本DNAデータバンク稼働			
昭和63年	4月8日	放射線・アイソトープセンター設置、遺伝情報研究センターにライブラリー研究室を設置	1985	Apr. 1	The DNA Synthesis and DNA Data Analysis Laboratories were added in the DNA Research Center.
	10月1日	総合研究大学院大学生命科学研究科遺伝学専攻設置	1987	Jan. 12	The DNA Data Bank of Japan began its operations.
平成元年	10月1日	富澤純一 第6代所長就任	1988	Apr. 8	The Radio-isotope Center was established. The Gene Library Laboratory was added in the DNA Research Center.
平成5年	4月1日	遺伝実験生物保存研究センターに発生工学研究室を設置		Oct. 1	The Graduate University for Advanced Studies was established. The Department of Genetics, School of Life Science of the University began accepting students.
平成6年	6月24日	遺伝情報研究センターに遺伝子機能研究室を設置			
平成7年	4月1日	生命情報研究センター設置	1989	Oct. 1	Dr. Jun-ichi Tomizawa was elected the 6th Director.
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・超分子構造・遺伝子回路の4研究室振替)	1993	Apr. 1	The Mammalian Development Laboratory was added in the Genetic Stock Research Center.
			1994	Jun. 24	The Gene Function Research Laboratory was added in the DNA Research Center.
			1995	Apr. 1	The Center for Information Biology was established.

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) 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)	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).
	10月1日	堀田凱樹 第7代所長就任		Oct. 1	Dr. Yoshiki Hotta was elected the 7th Director.
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	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)	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			
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	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	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.
	12月1日	小原雄治 第8代所長就任			
平成17年	4月1日	知的財産室を設置			
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)	2004	Apr. 1	Reorganized as Research Organization of Information and Systems, Inter-University Research Institute Corporation, together with three other national institutes.
平成23年	10月1日	先端ゲノミクス推進センター設置			
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	2005 2006	Dec. 1 Apr. 1 Apr. 1	Dr. Yuji Kohara was elected the 8th Director. Intellectual Property Unit was added. The Center for Frontier Research was established. The Laboratory for Cell Lineage, Neural Morphogenesis and Cell Architecture was added in the new center.
	12月1日	桂 勲 第9代所長就任		Oct. 1	Advanced Genomics Center was established.
平成26年	4月1日	リサーチ・アドミニストレーター室を設置	2011 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.
				Dec. 1	Dr. Isao Katsura was elected the 9th Director.
			2014	Apr. 1	Office for Research Development was added.

2013年に発行された論文一覧

Publications in 2013

Journal Title	Number
Nature	1
Nature Genetics	1
Nature Neuroscience	1
Molecular Cell	1
Genome Research	5
Developmental Cell	5
Circulation Research	1
American Journal of Human Genetics	2
Current Biology	4
Journal of Cell Biology	1
Journal of the American Chemical Society	1
Molecular Biology and Evolution	1
Nature Communications	3
The EMBO Journal	3
Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America	4

Akiba, T., Hibara, K., Kimura, F., Tsuda, K., Shibata, K., Ishibashi, M., Moriya, C., Nakagawa, K., Kurata, N. and Ito, Y. (2013). Organ fusion and defective shoot development in *oni3* mutants of rice. *Plant Cell Physiol* **55**, 42 - 51.

Amemiya, C.T., Alfoldi, J., Lee, A.P., Fan, S., Philippe, H., MacCallum, I., Braasch, I., Manousaki, T., Schneider, I., Rohner, N., Organ, C., Chalopin, D., Smith, J.J., Robinson, M., Dorrington, R.A., Gerdol, M., Aken, B., Biscotti, M.A., Barucca, M., Baurain, D., Berlin, A.M., Blatch, G.L., Buonocore, F., Burmester, T., Campbell, M.S., Canapa, A., Cannon, J.P., Christoffels, A., De Moro, G., Edkins, A.L., Fan, L., Fausto, A.M., Feiner, N., Forconi, M., Gamielidien, J., Gnerre, S., Gnirke, A., Goldstone, J.V., Haerty, W., Hahn, M.E., Hesse, U., Hoffmann, S., Johnson, J., Karchner, S.I., Kuraku, S., Lara, M., Levin, J.Z., Litman, G.W., Mauceli, E., Miyake, T., Mueller, M.G., Nelson, D.R., Nitsche, A., Olmo, E., Ota, T., Pallavicini, A., Panji, S., Picone, B., Ponting, C.P., Prohaska, S.J., Przybylski, D., Saha, N.R., Ravi, V., Ribeiro, F.J., Sauka-Spengler, T., Scapigliati, G., Searle, S.M.J., Sharpe, T., Simakov, O., Stadler, P.F., Stegeman, J.J., Sumiyama, K., Tabbaa, D., Tafar, H., Turner-Maier, J., van Heusden, P., White, S., Williams, L., Yandell, M., Brinkmann, H., Volf, J.-N., Tabin, C.J., Shubin, N., Scharf, M., Jaffe, D.B., Postlethwait, J.H., Venkatesh, B., Di Palma, F., Lander, E.S., Meyer, A. and Lindblad-Toh, K. (2013). The African coelacanth genome provides insights into tetrapod evolution. *Nature* **496**, 311 - 316.

Aoki, K., Ogata, Y., Igarashi, K., Yano, K., Nagasaki, H., Kaminuma, E. and Toyoda, A. (2013). Functional genomics of tomato in a post-genome-sequencing phase. *Breeding Sci* **63**, 14-20.

Aoki, K., Shiwa, Y., Takada, H., Yoshikawa, H. and Niki, H. (2013). Regulation of nuclear envelope dynamics via APC/C is necessary for the progression of semi-open mitosis in *Schizosaccharomyces japonicus*. *Genes Cells* **18**, 733 - 752.

Aoyama, N., Yamakawa, T., Sasamura, T., Yoshida, Y., Ohori, M., Okubo, H., Iida, E., Sasaki, N., Ueda, R. and Matsuno, K. (2013). Loss- and gain-of-function analyses of vacuolar protein sorting 2 in Notch signaling of *Drosophila melanogaster*. *Genes Genet Syst* **88**, 45 - 57.

Araki, R., Hasumi, A., Nishizawa, O., Sasaki, K., Kuwahara, A., Sawada, Y., Totoki, Y., Toyoda, A., Sakaki, Y., Li, Y., Saito, K., Ogawa, T. and Hirai, M.Y. (2013). Novel bioresources for studies of *Brassica oleracea*: identification of a kale MYB transcription factor responsible for glucosinolate production. *Plant Biotechnol J* **11**, 1017 - 1027.

Asakawa, K., Abe, G. and Kawakami, K. (2013). Cellular dissection of the spinal cord motor column by BAC transgenesis and gene trapping in zebrafish. *Front Neural Circuits* **7**, 100.

Asato, R., Yoshida, S., Ogura, A., Nakama, T., Ishikawa, K., Nakao, S., Sassa, Y., Enaida, H., Oshima, Y., Ikeo, K., Gojobori, T., Kono, T. and Ishibashi, T. (2013). Comparison of gene expression profile of epi-retinal membranes obtained from eyes with proliferative vitreoretinopathy to that of secondary epi-retinal membranes. *PLOS ONE* **e54179**, 1 - 8.

Babarinde, I. and Saitou, N. (2013). Heterogeneous tempo and mode of conserved noncoding sequence evolution among four mammalian orders. *Genome Biol Evol* **5**, 2330-2343.

Banjo, T., Grajcerek, J., Yoshino, D., Osada, H., Miyasaka, K.Y., Kida, Y.S., Ueki, Y., Nagayama, K., Kawakami, K., Matsumoto, T., Sato, M. and Ogura, T. (2013). Haemodynamically dependent valvulogenesis of zebrafish heart is mediated by flow-dependent expression of miR-21. *Nat Commun* **4**, 1978.

Brooun, M., Manoukian, A., Shimizu, H., Bode, H.R. and McNeill, H. (2013). Organizer formation in *Hydra* is disrupted by thalidomide treatment. *Dev Biol* **378**, 51-63.

Cooper, L., Walls, R.L., Elser, J., Gandolfo, M.A., Stevenson, D.W., Smith, B., Preece, J., Athreya, B., Mungall, C.J., Rensing, S., Hiss, M., Lang, D., Reski, R., Berardini, T.Z., Li, D., Huala, E., Schaeffer, M., Menda, N., Arnaut, N., Shrestha, R., Yamazaki, Y. and Jaiswal, P. (2013). The Plant Ontology as a Tool for Comparative Plant Anatomy and Genomic Analyses. *Plant Cell Physiol* **54**, e1.

Deguchi, K., Nagamatsu, G., Miyachi, H., Kato, Y., Morita, S., Kimura, H., Kitano, S., Hatada, I., Saga, Y., Tachibana, M. and Shinkai, Y. (2013). Posttranscriptional Regulation of Histone Lysine Methyltransferase GLP in Embryonic Male Mouse. *Biol Reprod* **88**, 36.

Earnshaw, W., Allshire, R.C., Black, B.E., Bloom, K., Brinkley, B.R., Brown, W., Cheeseman, I.M., Choo, K.H., Copenhaver, G.P., Deluca, J.G., Desai, A., Diekmann, S., Erhardt, S., Fitzgerald-Hayes, M., Foltz, D., Fukagawa, T., Gassmann, R., Gerlich, D.W., Glover, D.M., Gorbisky, G.J., Harrison, S.C., Heun, P., Hirota, T., Jansen, L.E., Karpen, G., Kops, G.J., Lampson, M.A., Lens, S.M., Losada, A., Luger, K., Maiato, H., Maddox, P.S., Margolis, R.L., Masumoto, H., McAinsh, A.D., Mellone, B.G., Meraldi, P., Musacchio, A., Oegema, K., O'Neill, R.J., Salmon, E.D., Scott, K.C., Straight, A.F., Stukenberg, P.T., Sullivan, B.A., Sullivan, K.F., Sunkel, C.E., Swedlow, J.R., Walczak, C.E., Warburton, P.E., Westermann, S., Willard, H.F., Wordeman, L., Yanagida, M., Yen, T.J., Yoda, K. and Cleveland, D.W. (2013). Esperanto for histones: CENP-A, not CenH3, is the centromeric histone H3 variant. *Chromosome Res* **27**, 101 - 106.

Fu, Y., Kawabe, A., Etcheverry, M., Ito, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Colot, V., Tarutani, Y. and Kakutani, T. (2013). Mobilization of a plant transposon by expression of the transposon-encoded anti-silencing factor. *EMBO J* **32**, 2407 - 2417.

Fukagawa, T. (2013). Speciation mediated by centromeres. *Dev Cell* **27**, 367 - 368.

Fukuda, K., Ichihyanagi, K., Yamada, Y., Go, Y., Udono, T., Wada, S., Maeda, T., Soejima, H., Saitou, N., Ito, T. and Sasaki, H. (2013). Regional DNA methylation differences between humans and chimpanzees are associated with genetic changes, transcriptional divergence and disease genes. *J Hum Genet* **58**, 446 - 454.

Goto, A., Sumiyama, K., Kamioka, Y., Nakasyo, E., Ito, K., Iwasaki, M., Enomoto, H. and Matsuda, M. (2013). GDNF and Endothelin 3 Regulate Migration of Enteric Neural Crest-Derived Cells via Protein Kinase A and Rac1. *J Neurosci* **33**, 4901 - 4912.

Goto, T., Tanave, A., Moriwaki, K., Shiroishi, T. and Koide, T. (2013). Selection for reluctance to avoid humans during the domestication of mice. *Genes Brain Behav* **12**, 760 - 770.

Gregoire, S., Karra, R., Passer, D., Deutsch, M.A., Krane, M., Feistritz, R., Sturzu, A., Domian, I., Saga, Y. and Wu, S.M. (2013). Essential and Unexpected Role of YY1 to Promote Mesodermal Cardiac Differentiation. *Circ Res* **112**(6), 900-10.

Häggglund, M., Dougherty, K.J., Borgius, L., Itohara, S., Iwasato, T. and Kiehn, O. (2013). Optogenetic dissection reveals multiple rhythmic modules underlying locomotion. *Proc Natl Acad Sci USA* **110**, 11589 - 11594.

Hamaji, T., Smith, D.R., Noguchi, H., Toyoda, A., Suzuki, M., Kawai-Toyooka, H., Fujiyama, A., Nishii, I., Marriage, T., Olson, B.J. 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* **8**, e57177.

Hara, Y., Iwabuchi, M., Ohsumi, K. and Kimura, A. (2013). Intranuclear DNA density affects chromosome condensation in metazoans. *Mol Biol Cell* **24**, 2442 - 2453.

Hara, Y. and Kimura, A. (2013). An allometric relationship between mitotic spindle width, spindle length, and ploidy in *Caenorhabditis elegans* embryos. *Mol Biol Cell* **24**, 1411 - 1419.

Hata, Y., Nakaoka, H., Yoshihara, K., Adachi, S., Haino, K., Yamaguchi, M., Nishikawa, N., Kashima, K., Yahata, T., Tajima, A., Watanabe, A., Akira, S., Hosomichi, K., Inoue, I. and Tanaka, K. (2013). A non-synonymous variant of IL1A is associated with endometriosis in Japanese population. *J Hum Genet* **58**, 517-520.

Higaki, S., Koyama, Y., Shimada, M., Ono, Y., Tooyama, I., Fujioka, Y., Sakai, N., Ikeuchi, T. and Takada, T. (2013). Response to fish specific reproductive hormones and endocrine disrupting chemicals of a Sertoli cell line expressing endogenous receptors from an endemic cyprinid *Gnathopogon caerulescens*. *Gen Comp Endocr* **191**, 65 - 73.

Higaki, S., Koyama, Y., Shirai, E., Yokota, T., Fujioka, Y., Sakai, N. and Takada, T. (2013). Establishment of testicular and ovarian cell lines from *Honmoro* (*Gnathopogon caerulescens*). *Fish Physiol Biochem* **39**, 701 - 711.

Hikichi, T., Matoba, R., Ikeda, T., Watanabe, A., Yamamoto, T., Yoshitake, S., Tamura-Nakano, M., Kimura, T., Kamon, M., Shimura, M., Kawakami, K., Okuda, A., Okochi, H., Inoue, T., Suzuki, A. and Masui, S. (2013). Transcription factors interfering with dedifferentiation induce cell type-specific transcriptional profiles. *Proc Natl Acad Sci USA* **110**, 6412 - 6417.

Hirata, H., Nanda, I., van Riesen, A., McMichael, G., Hu, H., Hambrock, M., Papon, M.A., Fischer, U., Marouillat, S., Ding, C., Allrol, S., Biene, M., Preisler-Adams, S., Grimme, A., Seelow, D., Webster, R., Haan, E., MacLennan, A., Stenzel, W., Yap, T.Y., Gardner, A., Nguyen, L.S., Shaw, M., Lebrun, N., Haas, S.A., Kress, W., Haaf, T., Schellenberger, E., Chelly, J., Viot, G., Shaffer, L.G., Rosenfeld, J.A., Kramer, N., Falk, R., El-Khechen, D., Escobar, L.F., Hennekam, R., Wieacker, P., Hübner, C., Ropers, H.H., Geck, J., Schuelke, M., Laumonier, F. and Kalscheuer, V.M. (2013). ZC4H2 mutations are associated with arthrogryposis multiplex congenita and intellectual disability through impairment of central and peripheral synaptic plasticity. *Am J Hum Genet* **92**, 681 - 695.

Hirata, H., Ogino, K., Yamada, K., Leacock, S. and Harvey, R.J. (2013). Defective escape behavior in DEAH-box RNA helicase mutants improved by restoring glycine receptor expression. *J Neurosci* **33**, 14638 - 14644.

Hizume, K., Yagura, M. and Araki, H. (2013). Concerted interaction between origin recognition complex(ORC), nucleosomes and replication origin DNA ensures stable ORC-origin binding. *Genes Cells* **18**, 764 - 779.

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.

Horikawa, D., Cumbers, J., Sakakibara, I., Rogoff, D., Leuko, S., Harnoto, R., Arakawa, K., Katayama, T., Kunieda, T., Toyoda, A., Fujiyama, A. and Rothschild, L.J. (2013). Analysis of DNA Repair and Protection in the Tardigrade *Ramazzottius valericornatus* and *Hypsibius dujardini* after Exposure to UVC Radiation. *PLOS ONE* **8**, e64793.

Horstick, E.J., Linsley, J.W., Dowling, J.J., Hauser, M.A., McDonald, K.K., Ashley-Koch, A., Saint-Amant, L., Satish, A., Cui, W.W., Zhou, W., Sprague, S.M., Stamm, D.S., Powell, C.M., Speer, M.C., Franzini-Armstrong, C., Hirata, H. and Kuwada, J.Y. (2013). Stac3 is a component of the excitation-contraction coupling machinery and mutated in Native American myopathy. *Nat Commun* **4**, 1 - 11.

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**, e1003410.

Inagaki, S. and Kakutani, T. (2013). What triggers differential DNA methylation in genes and TE: contribution of body methylation? *Cold Spring Harb Symp* **77**, 155 - 160.

Ishikawa, T., Okada, T., Ishikawa-Fujiwara, T., Todo, T., Kamei, Y., Shigenobu, S., Tanaka, M., Saito, T.L., Yoshimura, J., Morishita, S., Toyoda, A., Sakaki, Y., Taniguchi, Y., Takeda, S. and Mori, K. (2013). ATF α/β -mediated Adjustment of ER Chaperone Levels Is Essential for Development of the Notochord in *Medaka* Fish. *Mol Biol Cell* **24**, 1387 - 1395.

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**, D880 - D884.

Kanemaki, M. (2013). The dimeric Mcm8-9 complex of *Xenopus laevis* likely has a conserved function for resistance to DNA damage. *Cell Cycle* 12, 1338 - 1339.

Kanemaki, M. (2013). Frontiers of protein expression control with conditional degrons. *Pflugs Arch* 465, 419 - 425.

Katagiri, S., Yoshitake, K., Akahori, M., Hayashi, T., Furuno, M., Nishino, J., Ikeo, K., Tsuneoka, H. and Iwata, T. (2013). Whole-exome sequencing identifies a novel ALMS1 mutation (p.Q2051X) in two Japanese brothers with Alström syndrome. *Mol Vis* 19, 2393 - 2406.

Kawai, M., Futagami, T., Toyoda, A., Takaki, Y., Nishi, S., Hori, S., Arai, W., Tsubouchi, T., Morono, Y., Uchiyama, I., Ito, T., Fujiyama, A., Inagaki, F. and Takami, H. (2013). High frequency of phylogenetically diverse reductive dehalogenase-homologous genes in deep subseafloor sedimentary metagenomes. *Front Microbiol* 5, 80.

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.

Kawamoto, Y., Bando, T., Kamada, F., Li, Y., Hashiya, K., Maeshima, K. and Sugiyama, H. (2013). Development of a New Method for Synthesis of Tandem Hairpin Pyrrole-Imidazole Polyamide Probes Targeting Human Telomeres. *J Am Chem Soc* 135, 16468 - 16477.

Kikuchi, K., Narita, T., Pham, V.T., Iijima, J., Hirota, K., Keka, I.S., Mohiuddin, Okawa, K., Hori, T., Fukagawa, T., Essers, J., Kanaar, R., Whitby, M.C., Sugasawa, K., Taniguchi, Y., Kitagawa, K. and Takeda, S. (2013). Structure-specific endonucleases xpf and mus81 play overlapping but essential roles in DNA repair by homologous recombination. *Cancer Res* 73, 4362 - 4371.

Kimura, K. and Kimura, A. (2013). 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 - 5905.

Kishimoto, N., Asakawa, K., Madeline, R., Blader, P., Kawakami, K. and Sawamoto, K. (2013). Interhemispheric asymmetry of olfactory input-dependent neuronal specification in the adult brain. *Nat Neurosci* 16, 884 - 888.

Kita, Y., Kawakami, K., Takahashi, Y. and Murakami, F. (2013). Development of cerebellar neurons and glia revealed by in utero electroporation: Golgi-like labeling of cerebellar neurons and glia. *PLOS ONE* 8, e470091.

Kobayashi, S., Totoki, Y., Soma, M., Matsumoto, K., Fujihara, Y., Toyoda, A., Sakaki, Y., Okabe, M. and Ishino, F. (2013). Identification of an imprinted gene cluster in the x-inactivation center. *PLOS ONE* 8, e71222.

Kokubo, H., Miyagawa-Tomita, S., Nakashima, Y., Kume, T., Yoshizumi, M., Nakanishi, T. and Saga, Y. (2013). Hesr2 Knockout Mice Develop Aortic Valve Disease With Advancing Age. *Arterioscler Thromb Vas* 33, e84.

Kondo, S. and Ueda, R. (2013). Highly Improved Gene Targeting by Germline-Specific Cas9 Expression in *Drosophila*. *Genetics* 195, 715 - 721.

Kosaka, T., Toh, H. and Toyoda, A. (2013). Complete Genome Sequence of a Thermophilic Hydrogenotrophic Methanogen, *Methanothermobacter* sp. Strain Cat2. *Genome Announc* 1, e00672 - 00613.

Kubo, T. (2013). Genetic mechanisms of postzygotic reproductive isolation: An epistatic network in rice. *Breeding Sci* 63, 359 - 366.

Kubo, T., Fujita, M., Takahashi, H., Nakazono, M., Tsutsumi, M. and Kurata, N. (2013). Transcriptome analysis of developing ovids in rice isolated by laser microdissection. *Plant Cell Physiol* 54, 750 - 765.

Kubota, T., Nishimura, K., Kanemaki, M.T. and Donaldson, A.D. (2013). The Elg1 Replication Factor C-like Complex Functions in PCNA Unloading during DNA Replication. *Mol Cell* 50, 273 - 280.

Kwon, H.-B., Fukuhara, S., Asakawa, K., Ando, K., Kashiwada, T., Kawakami, K., Hibii, M., Kwon, Y.-G., Kim, K.-W., Allitalo, K. and Mochizuki, N. (2013). The parallel growth of motoneuron axons with the dorsal aorta depends on VegfC/Vegfr3 signaling in zebrafish. *Development* 140, 4081 - 4090.

Makino, Y., Takahashi, Y., Tanabe, R., Tamamura, Y., Watanabe, T., Haraikawa, M., Hamagaki, M., Hata, K., Kanno, J., Yoneda, T., Saga, Y., Goseki-Sone, M., Kaneko, K., Yamaguchi, A. and Imura, T. (2013). Spatiotemporal disorder in the axial skeleton development of the Mesp2-null mouse: A model of spondylocostal dysostosis and spondylothoracic dysostosis. *Bone* 53, 248 - 258.

Martin, B. and Gojobori, T. (2013). Editor's Report for Genome Biology and Evolution, 2013. *Genome Biol Evol* 5, 2304.

Matsui, H., Sato, F., Sato, S., Koike, M., Taruno, Y., Saiki, S., Funayama, M., Ito, H., Taniguchi, Y., Uemura, N., Toyoda, A., Sakaki, Y., Takeda, S., Uchiyama, Y., Hattori, N. and Takahashi, R. (2013). ATP13A2 deficiency induces a decrease in cathepsin D activity, fingerprint-like inclusion body formation, and selective degeneration of dopaminergic neurons. *FEBS Lett* 587, 1316 - 1325.

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.

Matsuoka, S., Hiromi, Y. and Asaoka, M. (2013). Egrf signaling controls the size of the stem cell precursor pool in the *Drosophila* ovary. *Mech Dev* 130, 241 - 253.

Matsutani, M., Shirakihara, Y., Imada, K., Yakushi, T. and Matsushita, K. (2013). Draft Genome Sequence of a Thermophilic Bacillaceae *Anoxybacillus flavithermus* Kn10 Isolated from Kan-nawa Hot Spring in Japan. *Genome Announc* 1, e00311 - e00313.

Mitsunaga, S., Hosomichi, K., Okudaira, Y., Nakaoka, H., Kunii, N., Suzuki, Y., Kuwana, M., Sato, S., Kaneko, H., Homma, Y., Kashiwase, K., Azuma, F., Kulski, J.K., Inoue, I. and Inoko, H. (2013). Exome sequencing identifies novel rheumatoid arthritis-susceptible variants in the BTNL2. *J Hum Genet* 58, 210-215.

Mitsunaga, S., Shimizu, S., Okudaira, Y., Oka, A., Tanaka, M., Kimura, M., Kulski, J.K., Inoue, I. and Inoko, H. (2013). Improved loop-mediated isothermal amplification for HLA-DRB1 genotyping using RecA and a restriction enzyme for enhanced amplification specificity. *Immunogenet* 65, 405-415.

Miura, H., Inoko, H., Inoue, I., Okada, Y., Tanaka, M., Sato, M. and Ohtsuka, M. (2013). PiggyBac-mediated generation of stable transfectants with surface human leukocyte antigen expression from a small number of cells. *Anal Biochem* 437, 29-31.

Miyake, K., Yang, C., Minakuchi, Y., Ohori, K., Soutome, M., Hirasawa, T., Kazuki, Y., Adachi, N., Suzuki, S., Itoh, M., Goto, Y., Andoh, T., Kurosawa, H., Oshimura, M., Sasaki, M., Toyoda, A. and Kubota, T. (2013). Comparison of Genomic and Epigenomic Expression in Monozygotic Twins Discordant for Rett Syndrome. *PLOS ONE* 8, e66729.

Mochiduki, T., Sakai, N., Nakajima, T. and Nakajima, M. (2013). The relationship between HSP70 accumulation and acquisition of thermal tolerance in the guppy, *Poecilia reticulata*. *Fish Genet Breed Sci* 42, 91 - 98.

Moriguchi, K., Edahiro, N., Yamamoto, S., Tanaka, K., Kurata, N. and Suzuki, K. (2013). Transkingdom genetic transfer from *Escherichia coli* to *Saccharomyces cerevisiae* as a simple gene introduction tool. *Appl Environ Microb* 79, 4393 - 4400.

Moriguchi, K., Yamamoto, S., Tanaka, K., Kurata, N. and Suzuki, K. (2013). Trans-kingdom horizontal DNA transfer from bacteria to yeast is highly plastic due to natural polymorphisms in auxiliary nonessential recipient genes. *PLOS ONE* 8, e74590.

Muto, A., Ohkura, M., Abe, G., Nakai, J. and Kawakami, K. (2013). Real-time visualization of neuronal activity during perception. *Curr Biol* 23, 307 - 311.

Muto, A. and Kawakami, K. (2013). Prey capture in zebrafish larvae serves as a model to study cognitive functions. *Front Neural Circuits* 7, 110.

Nagasaki, H., Mochizuki, T., Kodama, Y., Saruhashi, S., Morizaki, S., Sugawara, H., Ohyanagi, H., Kurata, N., Takagi, T., Kaminuma, E. and Nakamura, Y. (2013). DDBJ Read Annotation Pipeline: A Cloud Computing-Based Pipeline for High-Throughput Analysis of Next-Generation Sequencing Data. *DNA Res* 20, 383 - 390.

Nakagawa, S., Bai, H., Sakurai, T., Nakaya, Y., Konno, T., Miyazawa, T., Gojobori, T. and Imakawa, K. (2013). Dynamic Evolution of Endogenous Retrovirus-Derived Genes Expressed in Bovine Conceptuses during the Period of Placentation. *Genome Biol Evol* 5, 296 - 306.

Nakamura, M., Buzas, D.M., Kato, A., Fujita, M., Kurata, N. and Kinoshita, T. (2013). The role of *Arabidopsis thaliana* NAR1, a cytosolic iron-sulfur cluster assembly component, in gametophytic gene expression and oxidative stress responses in vegetative tissue. *New Phytol* 199, 925 - 935.

Nakamura, Y., Cochrane, G., Karsch-Mizrachi, I.: International Nucleotide Sequence Database Collaboration. (2013). The International Nucleotide Sequence Database Collaboration. *Nucleic Acids Res* 41, D21 - D24.

Nakamura, Y., Mori, K., Saitoh, K., Oshima, K., Mekuchi, M., Sugaya, T., Shigenobu, Y., Ojima, N., Muta, S., Fujiwara, A., Yasuike, M., Oohara, I., Hirakawa, H., Chowdhury, V., Kobayashi, T., Nakajima, K., Sano, M., Wada, T., Tashiro, K., Ikeo, K., Hattori, M., Kuhara, S., Gojobori, T. and Inouye, K. (2013). Evolutionary changes of multiple visual pigment genes in the complete genome of Pacific bluefin tuna. *Proc Natl Acad Sci USA* 110, 11061 - 11066.

Nakamura, Y., Sasaki, N., Kobayashi, M., Ojima, N., Yasuike, M., Shigenobu, Y., Satomi, M., Fukuma, Y., Shiwaku, K., Tsujimoto, A., Kobayashi, T., Nakayama, I., Itoh, F., Nakajima, K., Sano, M., Wada, T., Kuhara, S., Inouye, K., Gojobori, T. and Ikeo, K. (2013). The First Symbiotic-Free Genome Sequence of Marine Red Alga, *Susabi-nori* (*Pyropia yezoensis*). *PLOS ONE* e57122, 1 - 11.

Nakanishi, A., Kobayashi, N., Suzuki-Hirano, A., Nishihara, H., Sasaki, T., Hirakawa, M., Sumiyama, K., Shimogori, T. and Okada, N. (2013). A SINE-Derived Element Constitutes a Unique Modular Enhancer for Mammalian Diencephalic Fgf8. *PLOS ONE* 7, e43785.

Nakaoka, H., Mitsunaga, S., Hosomichi, K., Shyh-Yuh, L., Sawamoto, T., Fujiwara, T., Tsutsui, N., Suematsu, K., Shinagawa, A., Inoko, H. and Inoue, I. (2013). Detection of Ancestry Informative HLA Alleles Confirms the Admixed Origins of Japanese Population. *PLOS ONE* 8, e60793.

Nakayama, Y., Kikuta, H., Kanai, M., Yoshikawa, K., Kawamura, A., Kobayashi, K., Wang, Z., Khan, A., Kawakami, K. and Yamasu, K. (2013). Gbx2 functions as a transcriptional repressor to regulate the specification and morphogenesis of the mid-hindbrain junction in a dosage- and stage-dependent manner. *Mech Dev* 130, 532 - 552.

Nikaido, M., Noguchi, H., Nishihara, H., Toyoda, A., Suzuki, Y., Kajitani, R., Suzuki, H., Okuno, M., Aibara, M., Ngatunga, B.P., Mzighani, S.I., Kalombo, H.W., Masengi, K.W., Tuda, J., Nogami, S., Maeda, R., Iwata, M., Abe, Y., Fujimura, K., Okabe, M., Amano, T., Maeno, A., Shirosishi, T., Itoh, T., Sugano, S., Kohara, Y., Fujiyama, A. and Okada, N. (2013). Coelacanth genomes reveal signatures for evolutionary transition from water to land. *Genome Res* 23, 1740 - 1748.

Nikaido, M., Suzuki, H., Toyoda, A., Fujiyama, A., Hagino-Yamagishi, K., Kocher, T.D., Carleton, K. and Okada, N. (2013). Lineage-Specific Expansion of Vomeronasal Type 2 Receptor-Like (Olfr) Genes in Cichlids May Contribute to Diversification of Amino Acid Detection Systems. *Genome Biol Evol* 5, 711 - 722.

Nishino, T., Rago, F., Hori, T., Tomii, K., Cheeseman, I.M. and Fukagawa, T. (2013). CENP-T provides a structural platform for outer kinetochore assembly. *EMBO J* 32, 424 - 436.

Nozaki, T., Kaizu, K., Pack, C.G., Tamura, S., Tani, T., Hihara, S., Nagai, T., Takahashi, K. and Maeshima, K. (2013). Flexible and dynamic nucleosome fiber in living mammalian cells. *Nucleus* 4, 349 - 356.

Nozawa, M., Fukuda, N., Ikeo, K. and Gojobori, T. (2013). Tissue- and stage-dependent dosage compensation on the neo-X chromosome in *Drosophila pseudoobscura*. *Mol Biol Evol* 37, 614-624.

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, D25 - D29.

Ogiwara, I., Iwasato, T., Miyamoto, H., Iwata, R., Yamagata, T., Mazaki, E., Yanagawa, Y., Tamamaki, N., Hensch, T., Itohara, S. and Yamakawa, K. (2013). Nav1.1 haploinsufficiency in excitatory neurons ameliorates seizure-associated sudden death in a mouse model of Dravet syndrome. *Hum Mol Genet* 22, 4784 - 4804.

Oka, M., Moriyama, T., Asally, M., Kawakami, K. and Yoneda, Y. (2013). Differential role for transcription factor Oct4 nucleocytoplasmic dynamics in somatic cell reprogramming and self-renewal of embryonic stem cells. *J Biol Chem* 288, 15085 - 15097.

Okamoto, S., Furuya, K., Nozaki, S., Aoki, K. and Niki, H. (2013). Synchronous Activation of Cell Division by Light or Temperature Stimuli in the Dimorphic Yeast *Schizosaccharomyces japonicus*. *Eukaryot Cell* 12, 1235 - 1243.

Okugawa, T., Oshima, T., Ikeo, K., Kondo, T., Tomita, T., Fukui, H., Watari, J. and Miwa, H. (2013). Successful Self-Expandable Metallic Stent Placement for a Case of Distal Rectal Stenosis due to Gastric Cancer Metastasis. *Case Rep Gastroenterol* 7, 214 - 218.

Osakabe, A., Tachiwara, H., Takaku, M., Hori, T., Obuse, C., Kimura, H., Fukagawa, T. and Kurumizaka, H. (2013). Vertebrate Spt2 is a novel nucleolar histone chaperone that assists in ribosomal DNA transcription. *J Cell Sci* 126, 1323 - 1332.

Sadakata, T., Kakegawa, W., Shinoda, Y., Hosono, M., Katoh-Semba, R., Sekine, Y., Sato, Y., Tanaka, M., Iwasato, T., Itohara, S., Furuyama, K., Kawaguchi, Y., Ishizaki, Y., Yuzaki, M. and Furuichi, T. (2013). CAPS1 Deficiency Perturbs Dense-Core Vesicle Trafficking and Golgi Structure and Reduces Presynaptic Release Probability in the Mouse Brain. *J Neurosci* 33, 17326 - 17334.

Saitou, N. and Kitano, T. (2013). The PNarc method for detection of ancient recombinations through phylogenetic network analysis. *Mol Phylogenet Evol* 66, 507 - 514.

Saka, K., Ide, S., Ganley, A.R. and Kobayashi, T. (2013). Cellular Senescence in Yeast Is Regulated by rDNA Noncoding Transcription. *Curr Biol* 35, 1794 - 1798.

Sasaki, O., Yoshizumi, T., Kuboyama, M., Ishihara, T., Suzuki, E., Kawabata, S. I. and Koshiba, T. (2013). A structural perspective of the MAVS-regulatory mechanism on the mitochondrial outer membrane using bioluminescence resonance energy transfer. *Biochim Biophys Acta* 1833, 1017 - 1027.

Sato, Y., Jinam, T., Iwamoto, T., Yamauchi, A., Imoto, I., Inoue, I. and Tajima, A. (2013). Replication Study and Meta-Analysis of Human Non-Obstructive Azoospermia in Japanese Populations. *Biol Reprod* 88, Article 87.

Satou, C., Kimura, Y., Hirata, H., Suster, M.L., Kawakami, K. and Higashijima, S.I. (2013). Transgenic tools to characterize neural properties of discrete populations of zebrafish neurons. *Development* 140, 3927 - 3931.

Sawa, H., Shibata, Y. and Nishiwaki, K. (2013). HTZ-1/H2A.z and MYS-1/MYST HAT act redundantly to maintain cell fates in somatic gonadal cells through repression of *ceh-22* in *Caenorhabditis elegans*. *Dev Biol* 141, 209 - 218.

Sawa, H. and Hendrik C.K. (2013). Wnt signaling in *C. elegans*. The *C. elegans* Research Community. WormBook, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK19669/>.

Saze, H., Kitayama, J., Takashima, K., Miura, S., Harukawa, Y., Ito, T. and Kakutani, T. (2013). Mechanism for full-length RNA processing of Arabidopsis genes containing intragenic heterochromatin. *Nat Commun* 4, 2301.

Sekine, D., Ohnishi, T., Furuumi, H., Ono, A., Yamada, T., Kurata, N. and Kinoshita, T. (2013). Dissection of two major components of post-zygotic hybridization barrier in rice endosperm. *Plant J* 76, 792 - 799.

Shang, W.H., Hori, T., Martins, N.M., Toyoda, A., Misu, S., Monma, N., Hiratani, I., Maeshima, K., Ikeo, K., Fujiyama, A., Kimura, H., Earnshaw, W.C. and Fukagawa, T. (2013). Chromosome Engineering Allows the Efficient Isolation of Vertebrate Neocentromeres. *Dev Cell* 24, 635 - 648.

Shinya, M., Kobayashi, K., Masuda, A., Tokumoto, M., Ozaki, Y., Saito, K., Kawasaki, T., Sado, Y. and Sakai, N. (2013). Properties of gene knockdown system by vector-based siRNA in zebrafish. *Dev Growth Differ* 55, 755 - 765.

Shiomi, D., Toyoda, A., Aizu, T., Ejima, F., Fujiyama, A., Shini, T., Kohara, Y. and Niki, H. (2013). Mutations in Cell Elongation Genes *mreB*, *mrdA* and *mrdB* Suppress The Shape Defect of RodZ-Deficient Cells. *Mol Microbiol* 87, 1029 - 1044.

Shoguchi, E., Shinzato, C., Kawashima, T., Gyoja, F., Mungpakdee, S., Koyanagi, R., Takeuchi, T., Hisata, K., Tanaka, M., Fujiwara, M., Hamada, M., Seidi, A., Fujie, M., Usami, T., Goto, H., Yamasaki, S., Arakaki, N., Suzuki, Y., Sugano, S., Toyoda, A., Kuroki, Y., Fujiyama, A., Medina, M., Coffroth, M.A., Bhattacharya, D. and Satoh, N. (2013). Draft Assembly of the Symbiodinium minutum Nuclear Genome Reveals Dinoflagellate Gene Structure. *Curr Biol* 23, 1399 - 1408.

Sittaramane, V., Pan, X., Glasco, D.M., Huang, P., Gurung, S., Bock, A., Li, S., Wang, H., Kawakami, K., Matisse, M.P. and Chandrasekhar, A. (2013). The PCP protein Vangl2 regulates migration of hindbrain motor neurons by acting in floor plate cells, and independently of cilia function. *Dev Biol* 382, 400 - 412.

Suzuki, I.K. and Hirata, T. (2013). Neocortical neurogenesis is not really 'neo': A new evolutionary model derived from a comparative study of chick pallial development. *Dev Growth Differ* 55, 173 - 187.

Takada, T., Ebata, T., Noguchi, H., Keane, T., Adams, D., Narita, T., Shin-I, T., Fujisawa, H., Toyoda, A., Abe, K., Obata, Y., Sakaki, Y., Moriwaki, K., Fujiyama, A., Kohara, Y. and Shiroishi, T. (2013). The ancestor of extant Japanese fancy mice contributed to the mosaic genomes of classical inbred strains. *Genome Res* 23, 1329 - 1338.

Takahashi, A. and Miczek, K.A. (2013). Neurogenetics of Aggressive Behavior: Studies in Rodents. *Curr Top Behav Neurosci*, DOI: 10.1007/7854_2013_1263.

Takahashi, Y., Fukuda, Y., Yoshimura, J., Toyoda, A., Kurppa, K., Moritoyo, H., Belzil, V.V., Dion, P.A., Higasa, K., Doi, K., Ishiura, H., Mitsui, J., Date, H., Ahsan, B., Matsukawa, T., Ichikawa, Y., Moritoyo, T., Ikoma, M., Hashimoto, T., Kimura, F., Murayama, S., Onodera, O., Nishizawa, M., Yoshida, M., Atsuta, N., Sobue, G., JaCALs, Fifita, J.A., Williams, K.L., Blair, I.P., Nicholson, G.A., Gonzalez-Perez, P., Brown, R.H. Jr, Nomoto, M., Elenius, K., Rouleau, G.A., Fujiyama, A., Morishita, S., Goto, J. and Tsuji, S. (2013). ERBB4 Mutations that Disrupt the Neuregulin-ErbB4 Pathway Cause Amyotrophic Lateral Sclerosis Type 19. *Am J Hum Genet* 93, 900 - 905.

Takaku, Y., Shimizu, H., Takahashi, T. and Fujisawa, T. (2013). Subcellular localization of the epithelipeptide, Hym-301, in hydra. *Cell Tissue Res* 357, 419 - 424.

Takata, H., Hanafusa, T., Mori, T., Shimura, M., Iida, Y., Ishikawa, K., Yoshikawa, K., Yoshikawa, Y. and Maeshima, K. (2013). Chromatin compaction protects genomic DNA from radiation damage. *PLOS ONE* 8, e75622.

Takeda, J., Yamasaki, C., Murakami, K., Nagai, Y., Sera, M., Hara, Y., Obi, N., Habara, T., Gojobori, T. and Imanishi, T. (2013). H-InvDB in 2013: an omics study platform for human functional gene and transcript discovery. *Nucleic Acids Res* 41, D915 - D919.

Takenaka, Y., Noda-Ogura, A., Imanishi, T., Yamaguchi, A., Gojobori, T. and Shigeri, Y. (2013). Computational analysis and functional expression of ancestral copepod luciferase. *Gene* 528, 201 - 205.

Tamura, M., Hosoya, M., Fujita, M., Iida, T., Amano, T., Maeno, A., Kataoka, T., Otsuka, T., Tanaka, S., 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* 22, 2471-2481.

Tanaka, S., Komeda, Y., Umemori, T., Kubota, Y., Takisawa, H. and Araki, H. (2013). Efficient initiation of DNA replication in eukaryotes requires Dpb11/TopBP1-GINS interaction. *Mol Cell Biol* 33, 2614 - 2622.

Tanaka, S., Mizushima, Y., Kato, Y., Tamura, M. and Shiroishi, T. (2013). Functional conservation of Gsdma cluster genes specifically duplicated in the mouse genome. *G3* 3, 1843 - 1850.

Tatsumoto, S., Adati, N., Tohtoki, Y., Sakaki, Y., Boroviak, T., Habu, S., Okano, H., Suemizu, H., Sasaki, E. and Satake, M. (2013). Development and Characterization of cDNA Resources for the Common Marmoset: One of the Experimental Primate Models. *DNA Res* 20, 255 - 262.

Tsuda, K., Akiba, T., Kimura, F., Ishibashi, M., Moriya, C., Nakagawa, K., Kurata, N. and Ito, Y. (2013). ONION2 Fatty Acid Elongase Is Required For Shoot Development In Rice. *Plant Cell Physiol* 54, 209 - 217.

Ueda, K., Yoshimura, F., Miyao, A., Hirochika, H., Nonomura, K.I. and Wabiko, H. (2013). COLLAPSED ABNORMAL POLLEN1 gene encoding the arabinokinase-like protein is involved in pollen development in rice. *Plant Physiol* 162, 858 - 871.

Umeda, K., Shoji, W., Sakai, S., Muto, A., Kawakami, K., Ishizuka, T. and Yawo, H. (2013). Targeted expression of a chimeric channelrhodopsin in zebrafish under regulation of Gal4-UAS system. *Neurosci Res* 75, 69 - 75.

Umemori, J., Mori, A., Ichiyani, K., Uno, T. and Koide, T. (2013). Identification of both copy number variation-type and constant-type core elements in a large segmental duplication region of the mouse genome. *BMC Genomics* 14, 455.

Wada, H., Dambly-Chaudière, C., Kawakami, K. and Ghysen, A. (2013a). Innervation is required for sense organ development in the lateral line system of adult zebrafish. *Proc Natl Acad Sci USA* 110, 5659 - 5664.

Wada, H., Ghysen, A., Asakawa, K., Abe, G., Ishitani, T. and Kawakami, K. (2013). Wnt/Dkk negative feedback regulates sensory organ size in zebrafish. *Curr Biol* 23, 1559 - 1565.

Wang, Z., Pascual-Anaya, J., Zediss, A., Li, W., Niimura, Y., Huang, Z., Li, C., White, S., Xiong, Z., Fang, D., Wang, B., Ming, Y., Chen, Y., Zheng, Y., Kuraku, S., Pignatelli, M., Herrero, J., Beal, K., Nozawa, M., Li, Q., Wang, J., Zhang, H., Yu, L., Shigenobu, S., Wang, J., Liu, J., Flicek, P., Searle, S., Wang, J., Kuratani, S., Yin, Y., Aken, B., Zhang, G. and Irie, N. (2013). The draft genome of soft-shell turtle and green sea turtle yield insights into the development and evolution of the turtle-specific body plan. *Nat Genet* 45, 701 - 706.

Weinberg, P., Flames, N., Sawa, H., Garriga, G. and Hobert, O. (2013). The SWI/SNF Chromatin Remodeling Complex Selectively Affects Multiple Aspects of Serotonergic Neuron Differentiation. *Genetics* advance online publication 194, 189-198.

Wu, Q., Kanata, K., Saba, R., Deng, C.X., 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.

Yamaki, S., Ohyanagi, H., Yamasaki, M., Eiguchi, M., Miyabayashi, T., Kubo, T., Kurata, N. and Nonomura, K.I. (2013). Development of INDEL markers to discriminate all genome types rapidly in the genus *Oryza*. *Breeding Sci* 63, 246 - 254.

Yamamoto, Y., Watanabe, T., Hoki, Y., Shirane, K., Li, Y., Ichiyani, K., Kuramochi-Miyagawa, S., Toyoda, A., Fujiyama, A., Oginuma, M., Suzuki, H., Sado, T., Nakano, T. and Sasaki, H. (2013). Targeted gene silencing in mouse germ cells by insertion of a homologous DNA into a piRNA generating locus. *Genome Res* 23, 292 - 299.

Yamanaka, I., Miki, M., Asakawa, K., Kawakami, K., Oda, Y. and Hirata, H. (2013). Glycinergic transmission and postsynaptic activation of CaMKII are required for glycine receptor clustering in vivo. *Genes Cells* 18, 211 - 224.

Yamazaki, M., Mochida, K., Asano, T., Nakabayashi, R., Chiba, M., Nirin, U., Yamazaki, Y., Goodenowe, D.B., Sankawa, U., Yoshida, T., Toyoda, A., Totoki, Y., Sakaki, Y., Gongora-Castillo, E., Buell, C.R., Sakurai, T. and Saito, K. (2013). Coupling Deep Transcriptome Analysis with Untargeted Metabolic Profiling in *Ophiorrhiza pumila* to Further the Understanding of the Biosynthesis of the Anti-cancer Alkaloid Camptothecin and Anthraquinones. *Plant Cell Physiol* 54, 686 - 696.

Yoshida, K., Makino, T., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Hasebe, M., Kawata, M., Kume, M., Mori, S., Peichel, C.L., Toyoda, A., Fujiyama, A. and Kitano, J. (2013). Sex Chromosome Turnover Contributes to Genomic Divergence between Incipient Stickleback Species. *PLOS ONE* 10, e1004223.

2013年度 バイオロジカルシンポジウム

Biological Symposium

開催日 (Date)	演者 (Speaker)	所属 (Affiliation)	演題 (Title)
4/8	Frédéric Rosa	Institut De Biologie De L'Encole Normale Supérieure (IBENS)	Analysis of Taste-Controlled Feeding Behaviour
4/10	Misha Ahrens	The Howard Hughes Medical Institute (HHMI)/Janelia Farm Research Campus (JFRC)	Functional Circuit Discovery Using Whole-Brain Light-Sheet Imaging at Cellular Resolution in Zebrafish
4/18	Maho Hamasaki	Department of Genetics, Graduate School of Medicine, Osaka University	The Autophagosome Formation Takes Place at ER-Mitochondria Contact Sites
5/1	Masanori Arita	Department of Biophysics and Biochemistry, Graduate School of Science, The University of Tokyo	Cyberinfrastructure for Metabolomics and Related Research
5/20	Hiromi Yanagihara	Radiation Biology Center, Kyoto University	UV Damage Tolerance is Regulated by DSB Response Protein, NBS1
5/20	Kazuyuki Yamagata	Center for Tsukuba Advanced Research Alliance, University of Tsukuba & Division of Newborn Medicine Boston Children's Hospital and Harvard Medical School	Arginine Methylation of FOXO1 Transcription Factor Inhibits its Phosphorylation by Akt
6/5	Yoko Ikeda	Clermont Université	Analysis for Stress-Induced Release of Heterochromatin Silencing in Arabidopsis
6/27	Chau-Ti Ting	Department of Life Science, National Taiwan University	Non-Neutral Evolution of Fatty Acid Disaturase F Pseudogenes in Drosophila
7/5	Calvin C. P. Pang	The Chinese University of Hong Kong (CUHK), Hong Kong Eye Hospital	Genomics of Major Eye Diseases
7/17	Kenta Yashiro	Translational Medicine and Therapeutics, William Harvey Research Institute, Barts and The London SMD, Queen Mary University	Single-Cell Expression Analyses of Embryonic Cardiac Progenitor Cells
7/17	Manolo Gouy	Le Centre National de la Recherche Scientifique	From Non-Homogeneous Evolutionary Models to Molecular Thermometers
7/24	Motojiro Yoshihara	University of Massachusetts Medical School	The Drosophila Feeding Circuit Ties Synaptic Plasticity to Memory Formation
7/26	Takashi Murata	National Institute for Basic Biology	Mechanism of Microtubule-Driven Cytokinesis in Plants
8/2	Vera M. Kalscheuer	Max Planck Institute for Molecular Genetics	Knowing the Brain: From Patients to Molecular Mechanisms Involved in Intellectual Disability
8/20	Takeshi Kawashima	Marine Genomics Unit, Okinawa Institute of Science and Technology (OIST)	A Recent Study of the Genome Evolution in the Coral Holobiont
8/21	Daniel R. Lucey	Department of Microbiology and Immunology, Georgetown University Medical Center	Novel Coronavirus Middle East Respiratory Syndrome (MERS) Update
8/22	Colm O'Huigin	Frederick National Laboratory for Cancer Research, National Cancer Institute	A MicroRNA Influences HLA Expression; Evolution and Consequences
8/26	Arndt von Haeseler	Center for Integrative Bioinformatics Vienna (CIBIV)	NextGenMap: Fast and Accurate Read Mapping in Highly Polymorphic Genomes
8/29	Patrick Varga-Weisz	The Babraham Institute, Babraham Research Campus	Chromatin Dynamics for Heterochromatin Maintenance and Assembly
9/3	Naoyuki Inagaki	Graduate School of Biological Science, Nara Institute of Science and Technology (NAIST)	Molecular Mechanics of Axon Outgrowth and Guidance
9/17	Kanae Ando	Department of Neuroscience, Thomas Jefferson University	Neurodegenerative Processes Induced by Depletion of Mitochondria from the Presynaptic Terminals
9/24	Kaoru Sugimoto	Division of Biology, California Institute of Technology	The Cellular Basis for Arabidopsis Regeneration
9/24	Hideaki Takeuchi	The University of Tokyo	Socially-Regulated Female Mating Receptivity in Medaka Fish and its Neural Mechanism
9/24	Takuro Tojima	Brain Science Institute, RIKEN	Signaling and Driving Mechanisms Underlying Bidirectional Axon Guidance
9/24	Keiko Sakakibara	The University of Tokyo	Discovery of the Transcription Factors Regulating the Alternation of Generations in Land Plants
9/24	Yoshihisa Oda	The University of Tokyo	Cell Wall Patterning by a Rho GTPase- and Microtubule-Driven Symmetry Breaking
9/24	Yoshiaki Shinohara	Brain Science Institute, RIKEN	Experience-Dependent Enhancement of Gamma Oscillations in the Rat Hippocampus
9/24	Yusuke Miyanari	Institut de Génétique et de Biologie Moléculaire et Cellulaire, Department of Development and Stem Cell	Reprogramming and Nuclear Dynamics
9/24	Yuta Shimamoto	Laboratory of Chemistry and Cell Biology, The Rockefeller University	Examining Mechanisms of Spindle Organization and Function Using Direct Mechanical Manipulation
9/26	Simon Hughes	Developmental Cell Biology, Kings College London	Vertebrate Muscle Patterning and Growth in Limb, Neck and Body
9/27	Tomomi Kiyomitsu	Whitehead Institute/Massachusetts Institute of Technology and Nagoya University	Cortical Dynein and Asymmetric Membrane Elongation Coordinately Position the Spindle in Anaphase
10/4	Elmar Schiebel	Zentrum für Molekulare Biologie der Universität Heidelberg (ZMBH)	Molecular Mechanisms of Microtubule Nucleation by Gamma-Tubulin
10/4	Takanori Amano	Mammalian Genetics Laboratory, NIG	A Long-Range Regulation of <i>Shh</i> Expression via Chromosomal Dynamics
10/21	Masaoki Kohzaki	Department of Molecular Biology, The University of Geneva	A Checkpoint Monitoring Completion of DNA Replication in Vertebrates Involves the Rev7 Translesion DNA Repair Protein
10/23	Rodney Rothstein	Columbia University Medical Center	Chromosome Mobility During Double-Strand Break Repair
10/29	Yoichiro Tamori	Department of Biological Science, Florida State University	Tissue Homeostasis Through Competition and Compensation
10/29	Yuko Shimada-Niwa	Graduate School of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba	Adaptive Regulation of Ecdysteroid Biosynthesis Through Serotonergic Neurons in Drosophila
11/5	David Sherratt	Department of Biochemistry, University of Oxford	The Molecular Mechanism of MukBEF Action in Chromosome Segregation
11/6	Hyunsook Lee	Seoul National University	Mitotic Infidelity and Cancer: Lessons from Acetylation-Deficient BubR1 Mice
11/7	David Sherratt	Department of Biochemistry, University of Oxford	Visualizing Homologous Recombination in Live <i>E. coli</i>
11/8	Sophie Vríz	Université Paris 7 - Denis Diderot	Reactive Oxygen Species (ROS) as Signaling Molecules to Specify Morphogenetic Fields During Vertebrate Development and Adult Zebrafish Regeneration
11/8	Tatsumi Hirata	Division of Brain Function, NIG	Approaching Brain Function Through Studying the Neural Wiring Design
11/14	Tsutomu Hamada	School of Materials Science, Japan Advanced Institute of Science and Technology (JAIST)	Artificial Lipid Vesicles with Cellular Functions
11/20	Takeshi Sasamura	Biological Sciences, Osaka University	Functional Analysis of Lipid Metabolism Genes Affecting Developmental Signaling Pathways
11/21	Kazuo H. Takahashi	Graduate School of Environment and Life Science, Okayama University	Search for Evolutionary Capacitor Genes in <i>Drosophila Melanogaster</i>

開催日 (Date)	演者 (Speaker)	所属 (Affiliation)	演題 (Title)
11/27	Katsunori Sugimoto	Department of Microbiology and Molecular Genetics, New Jersey Medical School Rutgers, The State University of New Jersey	Activation of Protein Kinase Mec1 (ATR Homolog) Following DNA Damage
11/28	Amy E. Ikui	Department of Biology, Brooklyn College, The City University of New York (CUNY)	Stress-Induced CDC6 Degradation is Triggered by GSK-3 Kinase
11/29	Yuki Hara	Genome Biology Unit, European Molecular Biology Laboratory (EMBL)	A Microfluidic Approach Revealing How the Size of the Cell Nucleus is Controlled in <i>Xenopus</i> Egg Extract
12/2	Kazuya Hori	Harvard Medical School, Department of Cell Biology	Regulation of Ligand-Independent Notch Signal Through Intracellular Trafficking
12/3	Florian Engert	Harvard University	Neural Circuits Underlying Operant Learning in Larval Zebrafish
12/6	Akira Watanabe	Genome/Epigenome Analysis Core Facility, Center for IPS Cells Research and Application, Kyoto University	Deep Sequencing of iPS Cells at Single Cell Level
12/9	Daisuke Izawa	Gurdon Institute, University of Cambridge	Novel Mechanistic Insight into How the Spindle Assembly Checkpoint Prevents Premature Anaphase
12/16	Hiroyuki Sasaki	Division of Epigenomics and Development Medical Institute of Bioregulation, Kyushu University	Whole-Genome DNA Methylation Profiles in Mammalian Germ Cell Development
12/17	Takushi Kishida	Primate Research Institute, Kyoto University	Aquatic Adaptation and the Evolution of Olfaction in Whales
12/18	Colin Crist	Department of Human Genetics, McGill University Lady Davis Institute for Medical Research	Post Transcriptional Mechanisms Regulating Skeletal Muscle Stem Cell Activity
12/19	Satoru Ide	Institut de Génétique Humaine, Le Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS), UPR1142 é	Development of Chromatin Purification Technique for Ribosomal RNA Gene
12/25	Takuya F. Sakaguchi	Cleveland Clinic Lerner College of Medicine	Forward Genetic Dissection of Liver Organogenesis and Physiology
1/7	Kazuo Hara	Laboratory for Gene Expression Analysis, NIG	What can INFORMATICS do to Contribute to the Bio-Medical Community other than Bio-Informatics?
1/8	Ding Xue	Department of MCD Biology, University of Colorado	Programmed Cell Death and Lipid Asymmetry
1/20	Jun Takagi	Department of Physics, Science and Engineering, Waseda University	Examining the Mechanisms that Ensure the Structural and Functional Stability of the Vertebrate Metaphase Spindle
1/20	Yoichi Shinkai	Cellular Memory Laboratory, RIKEN	Biology of Histone and Non-Histone Lysine Methylation
1/21	Philippe Vernier	Institute of Neurobiology Alfred Fessard, Le Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS)	Evolution and Development of Dopamine Systems in the Prosencephalon of Vertebrates
1/23	Stephen Kowalczykowski	Department of Microbiology and Molecular Genetics, University of California Davis	Watching Individual Proteins Working on Single Molecules of DNA: from Biophysics to Cancer
1/29	Daisuke Morito	Biological Sciences, Kyoto Sangyo University	Structure and Function of Moyamoya Disease Susceptibility Protein Mysterin/RNF213
2/6	Toshio Tsukiyama	Basic Science Division, Fred Hutchinson Cancer Research Center	Regulation of S Phase Checkpoint Activity and Non-Coding RNA Transcription by ATP-Dependent Chromatin Remodeling Factors
2/6	Asano Ishikawa	Ecological Genetics Laboratory, NIG	Molecular and Genetic Basis for Variation in Photoperiodic Response among Stickleback Ecotypes
2/17	Bill Earnshaw	Wellcome Trust Centre for Cell Biology, The University of Edinburgh	From Cold White Hands to the Mysteries of Ki-67
2/17	Dimitris Beis	Biomedical Research Foundation, Academy of Athens	Zebrafish Models of Cardiovascular Disease
2/20	Rieko Matsuura	Centrosome Biology Laboratory, NIG	Continuous Centrosome Inactivation During Oogenesis Ensures Proper Meiotic Progression in <i>C. elegans</i>
2/26	Feng Zhang	Broad Institute of MIT & Harvard, McGovern Institute for Brain Research	Neuroengineering-Molecular and Optical Axes of Control
2/28	Shigeki Nakagome	The University of Chicago, The Institute of Statistical Mathematics	Applying Population Genetics to Human Complex Disease
3/3	Johann Bollmann	Max Planck Institute for Medical Research	From Vision to Action: Visually Guided Behavior in Zebrafish
3/7	Hirofumi Nakaoka	Division of Human Genetics, NIG	Bridging from Discoveries of Genome-Wide Association Studies to Biological Pathways and Regulatory Mechanisms Underlying Human Complex Phenotypes
3/10	Motomi Matsuno	Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science	Neuron-Glia Communication Prevents Apoptosis Induced by Long-Term Memory Formation
3/12	Tomoko Ohyama	Janelia Farm Research Campus	A Circuit for Multimodal Integration Underlying <i>Drosophila</i> Larval Escape Response
3/12	Nobuhiko Tokuriki	Department of Biochemistry and Molecular Biology, The University of British Columbia	Connecting the Dots: A Reconstructive Approach for Protein Evolution
3/13	Ziheng Yang	Department of Genetics, Evolution and Environment, University College London	Bayesian Molecular Clock Dating of Species Divergences
3/13	John F. Marko	Department of Molecular Biosciences Department of Physics and Astronomy, Northwestern University	Micromechanical Approach to Analysis of Protein-DNA Interactions and Chromosome Structure
3/14	Andrew G. Clark	Department of Molecular Biology & Genetics, Cornell University	Responses of the Transcriptome to 50 Generations of Selection on Tameness/Aggression in the Silver Fox
3/18	Manyuan Long	Department of Ecology & Evolution, The University of Chicago	An Emerging Paradigm: New Genes Drive Evolution of Functions and Phenotypes
3/18	Gembu Abe	Institute of Cellular and Organismic Biology, Academia Sinica	Study of Developmental Mechanisms Change Underlying the Goldfish Caudal Fin Bifurcation
3/20	Hideki Yokoyama	Zentrum für Molekulare Biologie der Universität Heidelberg (ZMBH)	How Chromosomes Regulate Mitosis?
3/24	Charles N. David	University of Munich	Spontaneous Contractile Behavior in Hydra: What Controls It? Where's the "Brain in a Nerve Net?"
3/28	John H. Postlethwait (Ingo Braasch)	Institute of Neuroscience, University of Oregon	Connecting the Genomes of Teleost Fish to Human Biology: Spotted Gar as an Outgroup for the Teleost Genome Duplication

予算／科学研究費

Budget / Grant-in-Aid for Scientific Research

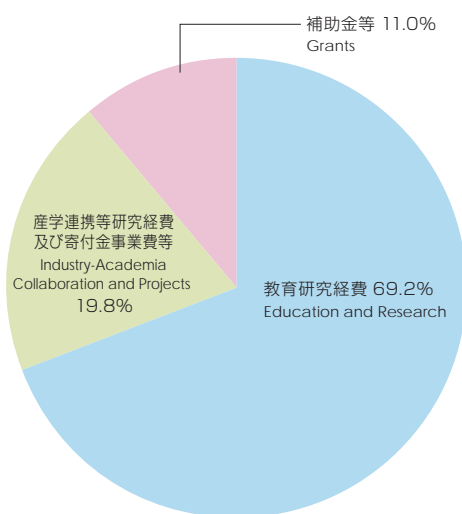
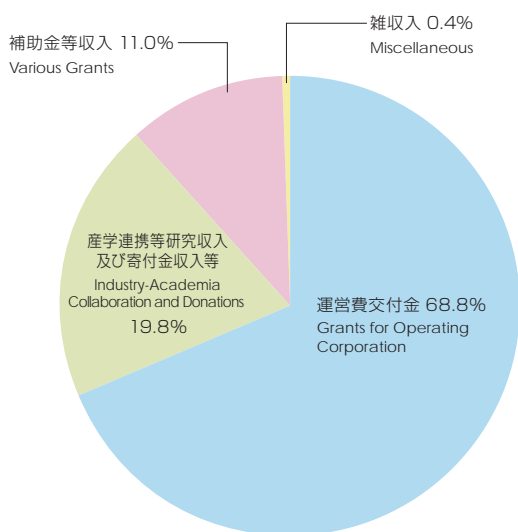
予算 Budget

平成26年度 (FY2014)

収入 区分	Revenue 金額
運営費交付金 Grants for Operating Corporation	2,938,567
補助金等収入 Various Grants	467,723
雑収入 Miscellaneous	17,623
産学連携等研究収入及び寄附金収入等 Industry-Academia Collaboration and Donations	846,672
合計 Total	4,270,585

(×1,000yen)

支出 区分	Expenditure 金額
教育研究経費 Education and Research	2,956,190
補助金等 Grants	467,723
産学連携等研究経費及び寄附金事業費等 Industry-Academia Collaboration and Projects	846,672
合計 Total	4,270,585

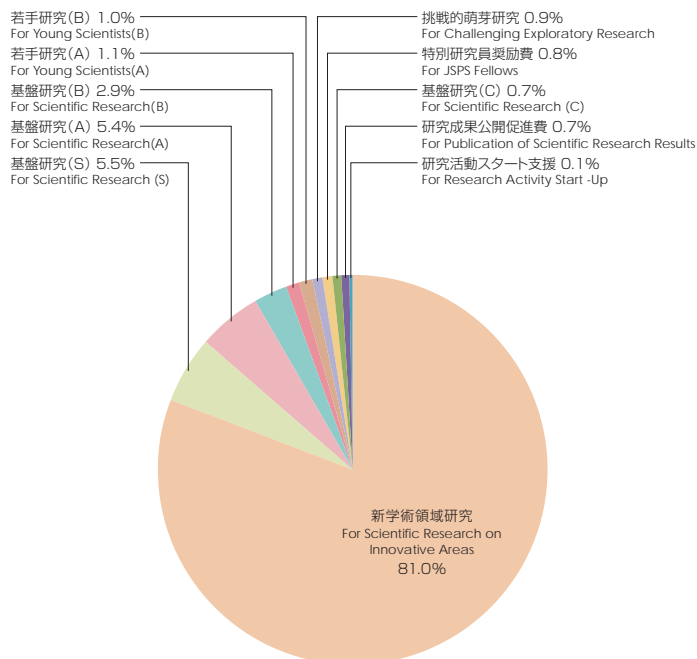


科学研究費 Grant-in-Aid for Scientific Research

平成25年度 (FY2013)

(×1,000yen)

研究種目	交付額／交付件数 Amount/the Number of Applications Granted
新学術領域研究 For Scientific Research on Innovative Areas	1,351,000 / 23
基盤研究 (S) For Scientific Research (S)	92,300 / 3
基盤研究 (A) For Scientific Research (A)	89,800 / 7
基盤研究 (B) For Scientific Research (B)	49,000 / 9
基盤研究 (C) For Scientific Research (C)	11,400 / 9
挑戦の萌芽研究 For Challenging Exploratory Research	14,800 / 10
若手研究 (A) For Young Scientists (A)	17,700 / 4
若手研究 (B) For Young Scientists (B)	16,800 / 12
研究活動スタート支援 For Research Activity Start-Up	1,100 / 1
研究成果公開促進費 For Publication of Scientific Research Results	11,300 / 2
特別研究員奨励費 For JSPS Fellows	13,200 / 11
合計 Total	1,668,400 / 91



(H26.3月末現在)

共同研究・研究会

Collaborative Research・Research Meetings

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、2013年度も計108件の共同研究と計15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.

多様な塩分環境へのトゲウオ科魚類の適応機構 Mechanisms of adaptation to diverse salinity environments in sticklebacks

□ 東京大学 大気海洋研究所
助教 日下部 誠

様々な浸透圧環境に生息する魚類において体液浸透圧の維持に最も重要な因子は何か？北野研究室との共同研究では、広塩性魚類であるイトヨをモデル生物として、塩分耐性能の異なる淡水型と海型イトヨについて浸透圧調節変異の遺伝基盤を明らかにすることによって浸透圧調節の最重要因子の同定に挑戦している。海水暴露時の血漿ナトリウム濃度を表現型としたQTL解析を行った結果、浸透圧調節変異に関わる可能性の極めて高い遺伝子座を同定することに成功した。

□ Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo
Assistant Professor, Makoto Kusakabe

What is the most important factor or factors for maintaining the body fluid osmolarity in fish? We investigated the prime factor contributing to the differences in osmoregulation between anadromous and stream stickleback. QTL analysis successfully identified a locus potentially crucial for variation in osmoregulation between ecotypes.

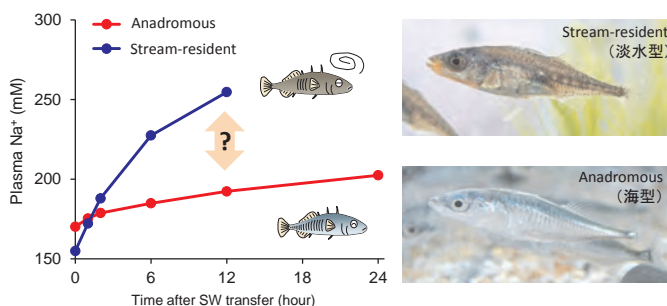


図1 海型および淡水型イトヨの海水移行後の血漿Na⁺量
Plasma Na⁺ levels after seawater transfer.

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25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 遺伝とエピジェネティックスの維持伝達のための機能複合体の解析
- 2 ヒストン修飾を指標としたクロマチンダイナミクスの高解像度解析
- 3 染色体ドメインの形成機構
- 4 ニフトリDT40細胞を用いたmRNA品質管理と細胞内ストレス応答とのクロストーク機構の解析
- 5 条件的ヘテロクロマチンの確立と維持機構の検討
- 6 ニフトリにおけるゲノムワイドなDNAシトシンのメチル化制御機構の解析
- 7 遺伝子ノックアウト細胞を用いたヒストンバリエントH2A、Zの機能解析
- 8 酵母およびマウスのゲノムの安定性維持機構の解析
- 9 出芽酵母を用いたイネのPOLA1サブユニットの機能解析
- 10 核内受容体DHR78とコリプレッサーSamuel複合体によるキイロショウジョウバエ精原細胞の分裂制御機構の解明
- 11 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
- 12 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
- 13 Use of Zebrafish Enhancer Trap Lines for the Optogenetic Dissection of Behavior
- 14 Screening and identification of Habenula- and neuromodulatory pathway-relevant transgenic zebrafish
- 15 Analysis of development and functions of specific areas in the zebrafish forebrain
- 16 Shelf Screen of zTrap zebrafish for skeletal and heart muscle lines
- 17 Identification of Genes Control the Development of Non-myocyte Population of Vertebrate Heart
- 18 Statistical models infer ancestral genomes
- 19 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
- 20 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
- 21 エクソーム解析による関節リウマチ感受性遺伝子同定とその発現、相互作用解析
- 22 シロイヌナズナ近縁種における転移因子の制御機構の解明
- 23 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
- 24 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
- 25 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
- 26 MCM結合因子MCM-BPの機能解明
- 27 HECT型ユビキチンリガーゼH10BHによる細胞周期制御機構の解析
- 28 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
- 29 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
- 30 Analysis of X-linked intellectual disability in zebrafish
- 31 Evolutionary genomics of sex chromosome turnover in the Japan Sea stickleback
- 32 エゾサンショウウオ (*Hynobius retardatus*) の表現型可塑性に関するEco-genomics
- 33 Ecological genomics of speciation in Japanese sticklebacks
- 34 日本産トゲウオにおける適応放散の遺伝機構
- 35 メダカ属の性的二型多様化の遺伝機構
- 36 マウス組換えホットスポット活性化因子の機能解析
- 37 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
- 38 日本産野生マウス由来近交系MSM/Msを用いた次世代シーケンサーによる遺伝子発現解析
- 39 転写共役因子HRを介したエネルギー代謝制御の解析
- 40 EpiprofinによるShhとエナメル基質構成蛋白の発現制御機構の解明
- 41 内耳血管条構築に関わるメラノサイトの機能解析
- 42 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
- 43 マウスの社会行動に関わる遺伝的要因の解析
- 44 野生由来近交系マウス系統群を用いた薬物嗜好性の遺伝子メカニズム解析
- 45 大脳基底核に発現する細胞接着分子の遺伝子欠損マウスの行動解析

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 |
| 木村 宏 | 大阪大学大学院 生命機能研究科 |
| 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 第2生理学教室 |
| 佐渡 敬 | 九州大学 生体防御医学研究所 |
| 多田政子 | 鳥取大学 染色体工学研究センター |
| 原田昌彦 | 東北大学大学院 農学研究科 |
| 岩崎博史 | 東京工業大学 生命理工学部 |
| 中村郁郎 | 千葉大学大学院 園芸学研究科 |
| 小瀬博之 | 国際基督教大学 教養学部 |
| 八木 健 | 大阪大学大学院 生命機能研究科 |
| 阿部玄武 | Academia Sinica, Taiwan, Institute of Cellular and Organismic Biology |
| Carlos Pantoja | University of California, Berkeley, Department of Molecular and Cellular Biology |
| Jiulin Du | Institute of Neuroscience, Shanghai Institutes for Biological Sciences, Chinese Academy of Sciences |
| Philippe VERNIER | National Center of Scientific Research (CNRS), France |
| Simon M. Hughes | King's College London |
| Xin Lou | Model Animal Research Center of Nanjing University |
| Ziheng Yang | University College London |
| 要 匡 | 琉球大学 医学研究科 |
| 佐藤健人 | 東海大学 医学部 |
| 光永滋樹 | 東海大学 医学部 |
| 河邊 昭 | 京都産業大学 総合生命科学部 |
| 畠中由美子 | 自然科学研究機構 生理学研究所 |
| 久保田弓子 | 大阪大学 理学研究科 |
| 高橋達郎 | 大阪大学 理学研究科 |
| 田中克典 | 関西学院大学 理工学部 |
| 橋本吉民 | 東京薬科大学 生命科学部 |
| 亀井宏泰 | 東京大学大学院 農学生命科学研究科 |
| 肥塚崇男 | 山口大学 農学部 |
| Vera M. Kalscheuer | Max Planck Institute for Molecular Genetics |
| Katie Peichel | Fred Hutchinson Cancer Research Center |
| 西村欣也 | 北海道大学大学院 水産科学研究院 |
| Mark Ravinet | Queen's University Belfast, UK |
| 森 誠一 | 岐阜経済大学 経済学部 |
| 山平寿智 | 琉球大学 熱帯生物圏研究センター |
| 太田邦史 | 東京大学大学院 総合文化研究科 |
| 折田 創 | 順天堂大学附属静岡病院 外科 |
| 清澤秀孔 | 高知大学 医学部 |
| 田中成和 | 順天堂災害医学研究所 |
| 中村卓史 | 東北大学大学院 歯学研究科 |
| 山本博章 | 長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部 |
| 若菜茂晴 | 理化学研究所 バイオリソースセンター |
| 浅田伸彦 | 岡山理科大学 理学部 |
| 笠井慎也 | 東京都医学総合研究所 依存性薬物プロジェクト |
| 霜田 靖 | 長岡技術科学大学 生物系 |

46 Identification of mutant zebrafish with deficiency in gonad differentiation	Bon-chu Chung	Institute of Molecular Biology, Academia Sinica
47 琵琶湖固有魚介類における生殖細胞の培養とその分化系の開発	高田達之	立命館大学 薬学部
48 魚類における環境適応に関する遺伝的機構の解明	中嶋正道	東北大学大学院 農学研究科
49 バクテリアの接合系を利用した植物への新規遺伝子導入法の開発	守口和基	広島大学大学院 理学研究科
50 大腸菌の染色体複製と分配を制御する新規因子のリアルタイム細胞内動態解明	片山 勉	九州大学 薬学研究院
51 動的クロマチン制御のスナップショット解析	田上英明	名古屋市立大学大学院 システム自然科学研究科
52 分裂酵母接合型変換におけるドナー選択制御因子の検索	筒井康博	東京工業大学大学院 生命理工学研究科
53 静止期におけるアミノ酸の再生産	中山秀喜	京都産業大学 総合生命科学部
54 DNA相同組換えによる染色体構造維持の分子メカニズム	菱田 卓	学習院大学 理学部
55 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解析	古谷寛治	京都大学 放射線生物研究センター
56 Screen of Drosophila RNAi lines for host genetic modifiers of tumor invasion	Pradip SINHA	Indian Institute of Technology Kanpur
57 ショウジョウバエ近縁集を利用した遺伝子・細胞機能の進化研究のための解析ツールの開発	粟崎 健	杏林大学 医学部
58 潰瘍性大腸炎の原因菌アドヘシンの構造遺伝子解析および分子系統解析	齋藤忠夫	東北大学大学院 農学研究科
59 線虫(<i>C. elegans</i>)を用いた放射性セシウム由来ガンマ線被曝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
60 APCタンパク質が線虫初期胚での非対称な紡錘体の動きを制御する機構の解明	杉岡賢史	University of Oregon Department of Biology, Institute of Molecular Biology
61 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
62 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
63 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
64 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
65 神経変性症状を呈するショウジョウバエ変異体の微細形態解析	曾根雅紀	東邦大学 理学部
66 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
67 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
68 神経軸索ガイダンス因子RoboとSlitの共進化研究	劉 慶信	中国山東農業大学 発育遺伝学研究室
69 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
70 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
71 次世代シーケンサーを用いた類人猿ゲノム計画	郷 康広	自然科学研究機構 新分野創成センター(生理学研究所内)
72 次世代シーケンシングによるENU変異マウスライブラリーの点突然変異検出の試み	権藤洋一	理化学研究所 バイオリソースセンター
73 ハクサンハタザオとダイコンの次世代シーケンス解析	花田耕介	理化学研究所 植物科学研究センター
74 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	細谷浩史	広島大学大学院 理学研究科
75 ヒトゲノムの未解読領域を対象とした配列決定	黒木陽子	東北大学 東北メディカル・メガバンク機構 ゲノム解析部門
76 イネにおける形態多様性に関わる遺伝的機構の解析	伊藤純一	東京大学大学院 農学生命科学研究科
77 イネ花粉突然変異体Tos0113, Tos0251, Tos0330, Tos0403, Tos0425の遺伝学的解析	上田健治	秋田県立大学 生物資源科学部
78 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
79 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
80 Genetic studies on development, morphogenesis and behaviors by using a model vertebrate zebrafish : Cardiac development and function	Dimitris Beis	Biomedical Research Foundation Academy of Athens
81 Effects of Prenatal Cocaine and Caffeine on Visual Processing	Irina Zhdanova	Boston University School of Medicine
82 Ribosome structure and evolutionary dynamics among prokaryotic lineages	Sudip Kundu	University of Calcutta Department of Biophysics, Molecular Biology and Bioinformatics
83 F1雑種と両親系統間でのエピゲノムの比較解析	藤本 龍	神戸大学 農学部
84 インド野生ハツカネズミの系統地理学的位置づけと選択的浸透を示す遺伝子の探索	鈴木 仁	北海道大学大学院 地球環境科学研究院
85 日本産野生マウス由来のMSM系統を用いた、マウス肺腫瘍発生関連遺伝子のマッピング	宮下信泉	香川大学 総合生命科学研究センター
86 心内膜床形成過程におけるNotch signalの役割について	坂部正英	奈良県立医科大学 先端医学研究機構
87 哺乳類生殖細胞形成におけるRNA結合タンパク質NANOS2の機能解析	鈴木 敦	横浜国立大学 工学研究院
88 ストレス脆弱性マウスを用いた脳組織の形態学的解析	半澤直人	山形大学 理学部
89 Evolutionary studies of marine metagenomics	John AC Archer	King Abdullah University of Science and Technology Computational Bioscience Research Center
90 精巣発現遺伝子の機能比較解析	高野敏行	京都工芸繊維大学 ショウジョウバエ遺伝資源センター
91 Data Analysis in Genomic Evolutionary studies in special reference to Structural Biology	Vladimir Bajic	King Abdullah University of Science and Technology Computational Bioscience Research Center
92 植物ハイパースペクトル画像からの形質特性抽出法の確立	松田 修	九州大学大学院 理学研究院
93 次世代シーケンサーを利用した進化研究	阿形清和	京都大学大学院 理学研究科
94 ピルビン酸低減清酒酵母のRNASeq 解析	北垣浩志	佐賀大学 農学部
95 シャジクモ藻類ヒメミカツキモのゲノム解析	関本弘之	日本女子大学 理学部
96 Screening for Gal4 expression in adult tissues	Sophie Vriza	University Paris Diderot

共同研究B

研究課題	研究代表者	
1 染色体ローダーCtf18-RFCとDNAポリメラーゼε間相互作用の出芽酵母での機能の解析	釣本敏樹	九州大学 理学研究院
2 αキメリン欠損による神経回路形成異常と眼球運動制御への影響	加藤 明	東海大学 創造科学技術研究機構 医学部門
3 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	伊藤秀臣	北海道大学大学院 理学研究院
4 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
5 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
6 心臓形成におけるWnt antagonistの機能	吉栖正生	広島大学大学院 医歯薬保健学研究院
7 社会的環境要因がマウスの行動に与える影響	下位香代子	静岡県立大学 環境科学研究所
8 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
9 細菌細胞骨格タンパク質の動態解析	塩見大輔	立教大学 理学部
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	鈴木崇之	東京工業大学大学院 生命理工学専攻
11 ゲノム損傷応答と造血幹細胞機能に関わる分子経路探索法の確立	吉田健吾	放射線影響研究所 放射線生物学/分子疫学部
12 アナナスショウジョウバエ単為生殖系統のゲノム解析	平井和之	杏林大学 医学部

研究会

研究課題	研究代表者	
1 クロマチンによる遺伝情報のエピジェネティック制御機構	胡桃坂仁志	早稲田大学 理工学術院
2 哺乳類脳の機能的神経回路の構築メカニズム	岩里琢治	国立遺伝学研究所 形質遺伝研究部門
3 がらくたDNAの進化	斎藤成也	国立遺伝学研究所 集団遺伝研究部門
4 新機能獲得の分子進化	隅山健太	国立遺伝学研究所 集団遺伝研究部門
5 転移因子と宿主の相互作用による生命機能	一柳健司	九州大学 生体防御医学研究所
6 イネ分子遺伝学の未来	伊藤純一	東京大学大学院 農学生命科学研究科
7 細菌細胞の増殖と代謝研究会	島田友裕	東京工業大学 資源化学研究所
8 染色体DNAの安定維持の分子メカニズム	中川拓郎	大阪大学大学院 理学研究科
9 単細胞システムの細胞構築・運動・増殖機構の研究	森 博幸	京都大学 ウイルス研究所
10 ショウジョウバエ多様性研究会	松田宗男	杏林大学 医学部
11 大腸菌ゲノム転写研究全体像の現状分析と転写データベースの構築	石浜 明	法政大学 マイクロナノテクノロジー研究所
12 全生物学分野における分子進化研究	田村浩一郎	首都大学東京 理工学研究科
13 ゲノム医科学とバイオインフォマティクスの接点と集学研究	井ノ上逸朗	国立遺伝学研究所 人類遺伝研究部門
14 ゲノム進化分野におけるビッグデータ情報解析の新展開	池尾一穂	国立遺伝学研究所 遺伝情報分析研究室
15 塩基配列データアーカイブをフル活用するための大規模データ解析技術開発	坊農秀雅	情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター

平成25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(研究題目)	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 ~ 26.3.31
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 ~ 26.9.30
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 ~ 27.3.31
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	新型シーケンサを利用した、新規ゲノム配列/転写産物配列決定手法の開発に関する研究	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 特任教授 五條堀 孝 准教授 池尾一穂	23.2.18 ~ 26.3.31
独立行政法人理化学研究所	次世代シーケンサの定量データベースDDBJ Omics Archive (DOR)の登録補助ツール仕様構築	大量遺伝情報研究室 教授 中村保一	23.9.1 ~ 26.3.31
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 ~ 26.3.31
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 ~ 27.3.31
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
株式会社ブリヂストン	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	25.4.1 ~ 26.3.31
株式会社医学生物学研究所	小型化Degronおよび関連分子に対する抗体の開発	分子機能研究室 准教授 鐘巻将人	25.4.1 ~ 26.3.31
科学技術振興機構	NBDCヒトデータベースにおける暗号化システムの最適化	DDBJセンター 特任研究員 児玉悠一	25.12.27 ~ 26.3.31
公益財団法人東京都医学総合研究所	被毛の有無とエネルギー代謝関連表現型変化の相関解析	系統生物研究センター 教授 城石俊彦	26.2.12 ~ 27.3.31

平成25年度 受託研究

Commissioned Research

委託者	研究課題(研究題目)	研究代表者	契約期間
文部科学省 科学技術振興機構	データ解析拠点の構築と情報研究開発 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	遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂 分子遺伝研究部門 助教 堀 哲也	25.4.1 ~ 26.3.31 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 ~ 25.9.30
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 特任教授 五條堀 孝	24.4.1 ~ 27.3.31
科学技術振興機構	テグロン変異細胞創出のための基盤技術開発	分子機能研究室 准教授 鐘巻将人	25.10.1 ~ 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有化	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
科学技術振興機構	藻類の光独立・混合栄養代謝を解き明かす計算化学資源の統合	生命ネットワーク研究室 教授 有田正規	25.11.1 ~ 27.3.31
産業技術総合研究所 (科学技術振興機構)	生体防御系を利用した疾患診断の基盤技術開発ーHLAタイプング解析	人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗	25.10.1 ~ 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 特任教授 五條堀 孝	25.4.1 ~ 26.3.24
独立行政法人農業生物資源 研究所(農林水産省)	多数の遺伝子が関与する形質を改良する新しい育種技術の開発 NGB1006 カンキツの育種選抜に利用可能なゲノムワイドSNPの拡充	大量遺伝情報研究室 助教 神沼英里	25.6.7 ~ 26.3.3
岐阜経済大学(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	25.4.1 ~ 26.3.20
高機能遺伝子デザイン技術 研究組合(経済産業省)	生合成パスウェイデータベースの構築	生命ネットワーク研究室 教授 有田正規	25.11.1 ~ 26.2.28
環境省	放射線の生物学的影響に関する研究調査事業	比較ゲノム解析研究室 教授 藤山秋佐夫	25.12.13 ~ 26.3.31
独立行政法人日本学術振興会	食物の前減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

平成25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 生命科学の新たな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 相賀裕美子	22.7.13 ~ 27.3.31

平成25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	25.4.1 ~ 26.3.31
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	25.4.1 ~ 26.3.31
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	25.4.1 ~ 26.3.31
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	25.4.1 ~ 26.3.31
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	25.4.1 ~ 26.3.31
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	25.4.1 ~ 26.3.31

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 特任教授 由良 敬	25.4.1 ~ 26.3.31
---------------------------------	---------------------	------------------

平成25年度 表彰・受賞歴

Awards・Honors

内容	氏名
平成25年度文部科学大臣表彰 若手科学者賞「中心小体複製の分子機構の研究」	中心体生物学研究室 特任准教授 北川大樹
平成24年度日本育種学会 奨励賞「栽培イネにおける生殖的隔離遺伝子群の遺伝的解析」	植物遺伝研究室 助教 久保真彦
第17回日本細胞生物学会大会 論文賞 "Live Imaging of Protein Kinase Activities in Transgenic Mice Expressing FRET Biosensors"	集団遺伝研究部門 助教 隅山健太
第65回日本細胞生物学会大会 プログラム委員長賞 "RBM14 prevents de novo assembly of centriolar proteins and maintains genome integrity."	中心体生物学研究室 研究員 白土 玄
第65回日本細胞生物学会大会 プログラム委員長賞「生きた細胞におけるクロマチンドメイン」	生体高分子研究室 研究員 野崎 慎
第13回日本進化学会賞「近隣結合法などの分子系統進化学の方法論の開発とその応用研究」	集団遺伝研究部門 教授 斎藤成也
平成25年度木村資生記念学術賞「近隣結合法などの分子系統進化学の方法論の開発とその応用研究」	集団遺伝研究部門 教授 斎藤成也
第15回日本進化学会大会 若手口頭発表最優秀賞「イトヨにおける異なる日長応答性の進化とその遺伝基盤」	生態遺伝学研究室 研究員 石川麻乃
TWAS (The World Academy of Science for the advancement of science in developing countries) Associate Fellow	遺伝情報分析研究室 特任教授 五條堀 孝
第67回日本人類学会大会 若手会員大会発表賞「古代日本列島人の核ゲノム解析」	集団遺伝研究部門 大学院生 神澤秀明
第58回日本人類遺伝学会大会 最優秀ポスター賞「Phase-definedシーケンシングによるHLA遺伝子配列完全決定とパイプライン」	人類遺伝研究部門 助教 細道一善
第85回日本遺伝学会大会 Best Papers賞(優秀口頭発表賞)「トゲウオ科魚類における新しい性染色体領域の出現は遺伝子のアミノ酸配列と発現量の進化を促進した」	生態遺伝学研究室 研究員 吉田恒太

平成25年度 知的財産権

Intellectual Property Rights

国内登録4件

共通DNA断片の検出方法	五條堀 孝	第5240814号
タンパク質分解誘導性細胞、その製造方法、および、タンパク質分解の制御方法	鐘巻将人 西村浩平	第5250811号
生命現象予測装置、生命現象予測方法、および生命現象予測プログラム	池尾一穂	第5380668号
セントロメア局在タンパク質	深川竜郎 堀 哲也 天野美保	第5382678号

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
ヒューリック神谷町ビル 2階
TEL (03) 6402-6200
<http://www.rois.ac.jp/>

機構所属研究所

国立極地研究所
National Institute of Polar Research
〒190-8518 東京都立川市緑町10-3
TEL (042) 512-0608
<http://www.nipr.ac.jp/>

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

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

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

□ 機構の理念

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

情報・システム研究機構は、4研究所が連携することにより、生命、地球、環境、社会などに関わる複雑な問題を情報とシステムという視点から総合的に捉え、実験・観測による多種・大量のデータの産生とそこからの情報の抽出、真理の発見、データベースの構築とその活用法の開発などの諸課題に関して、分野の枠を超えた融合的な研究を通して、新分野の開拓を図るものです。また、その成果と新たな研究領域に対する研究基盤を広く共同利用に供することを目的としています。

さらに、複雑なシステムに関する情報学的研究の方法論、データベースやネットワークの高度利用に関する研究開発と事業を通して、学術研究に関わる国内外の諸機関に対して、研究の機動的、効果的展開を支援するための情報基盤を提供することも大きな使命です。

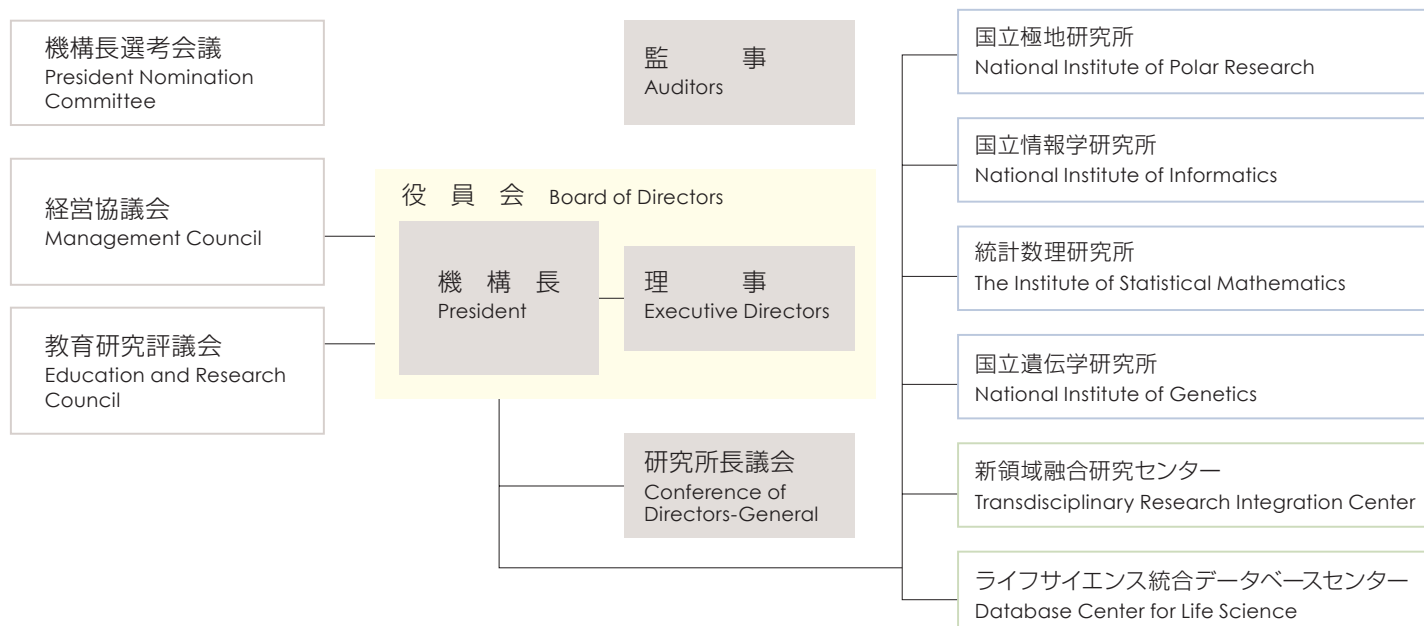
このように、情報・システム研究機構においては、各研究所が従来から進めてきた大学共同利用機関としての研究の充実発展に加え、これまでの研究所の枠を超えた先端的な融合研究を新たな構想の下に推進していこうとしています。

□ Philosophy and Concept

Science today is experiencing a revolution characterized by the remarkable progress in experimental as well as computing technologies that enable us to produce and handle a large amount of data. This is best exemplified in genome science, but is also true in other fields such as earth, environmental and social sciences. The Research Organization of Information and Systems (ROIS) is established to promote research activities of the inter-university collaborative institutes by integrating their effort to create new paradigms along this current scientific trend. Each of the four institutes has its own history and research activities, but they are selected not because they are specialized in closely related fields, but they complement each other for future research development.

Through the interdisciplinary cooperation, we will be able to create new paradigms that conform to the current science revolution. In order to explore the new vistas in ROIS, we organized "Transdisciplinary Research Integration Center (TRIC)" where collaborative and integrative research projects are promoted. For the first term, we would like to place emphasis on biological information, earth and environmental information and basis of informatics and inference. We would like to expand our activities to other systems, in the future. By doing so, we hope to go far beyond the original discipline of each institute, and to enhance our role as inter-university collaborative research institutes.

Organization





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."

要覧 2014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







2014 要覽

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

