

2017 要覽

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構

国立遺伝学研究所

National Institute of Genetics

国立大学法人 総合研究大学院大学

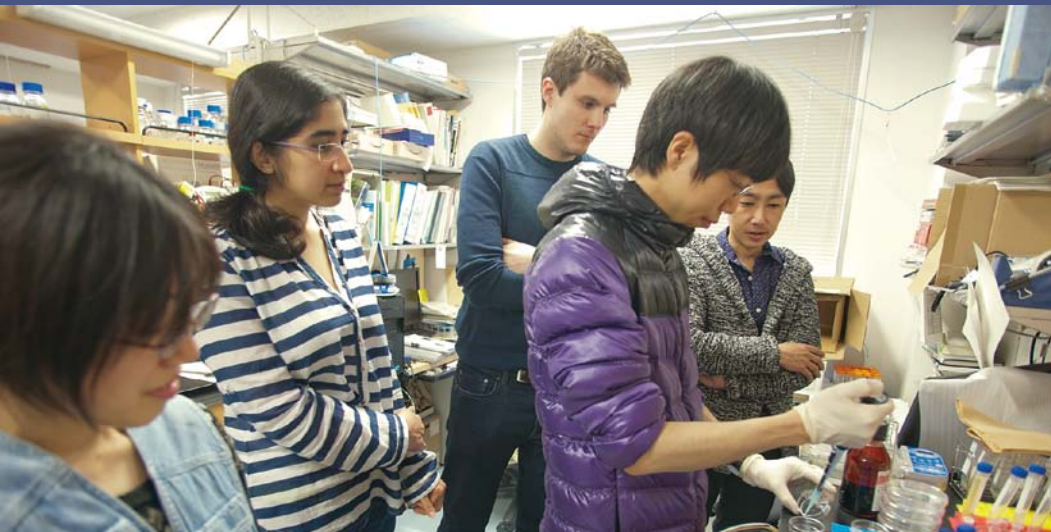
遺伝学専攻

Department of Genetics, SOKENDAI









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。
*大学共同利用機関は、個別の大学では整備や維持が困難な大型装置などを有し、全国の研究者との共同利用・共同研究を推進する研究機関です。

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).

Message from the Director-General

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、学術コミュニティー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動き、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36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データベース（DDBJ）、実験生物系統の分与、先端ゲノミクス事業などにより、学術コミュニティー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作り、将来を見ず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ぎ、世界中の研究者と協力して研究を進め、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、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, SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies). 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



Isao Katsura

Contents

目次

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

09 概要
Outline

14 遺伝研へのアクセス
Access to the Institute

15 遺伝研マップ
Campus Map

遺伝研の研究活動

17 研究活動
Research Activities

53 国際戦略アドバイザー／客員研究部門
International Strategic Advisor / Visiting Faculty

55 知的財産室
Intellectual Property Unit

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

57 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

58 ゲノムデータ解析支援センター
Center for Genome Informatics

共同利用・共同研究

60 生物遺伝資源センター
Genetic Resource Center

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

62 DDBJセンター
DDBJ Center

63 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

64 先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム
Platform for Advanced Genome Science

65 共同研究・研究会
Collaborative Research and Research Meetings

70 国際交流
International Activities

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

73 遺伝学電子博物館
Cyber Museum of Genetics

74 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

遺伝研データ

81 運営
Management

85 研究教育職員・研究員・学生
Research Staff and Students

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

90 沿革
History

92 2016年に発行された論文一覧
Publications in 2016

95 予算
Budget

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

96 バイオロジカルシンポジウム
Biological Symposia

98 表彰・受賞歴
Awards and Honors

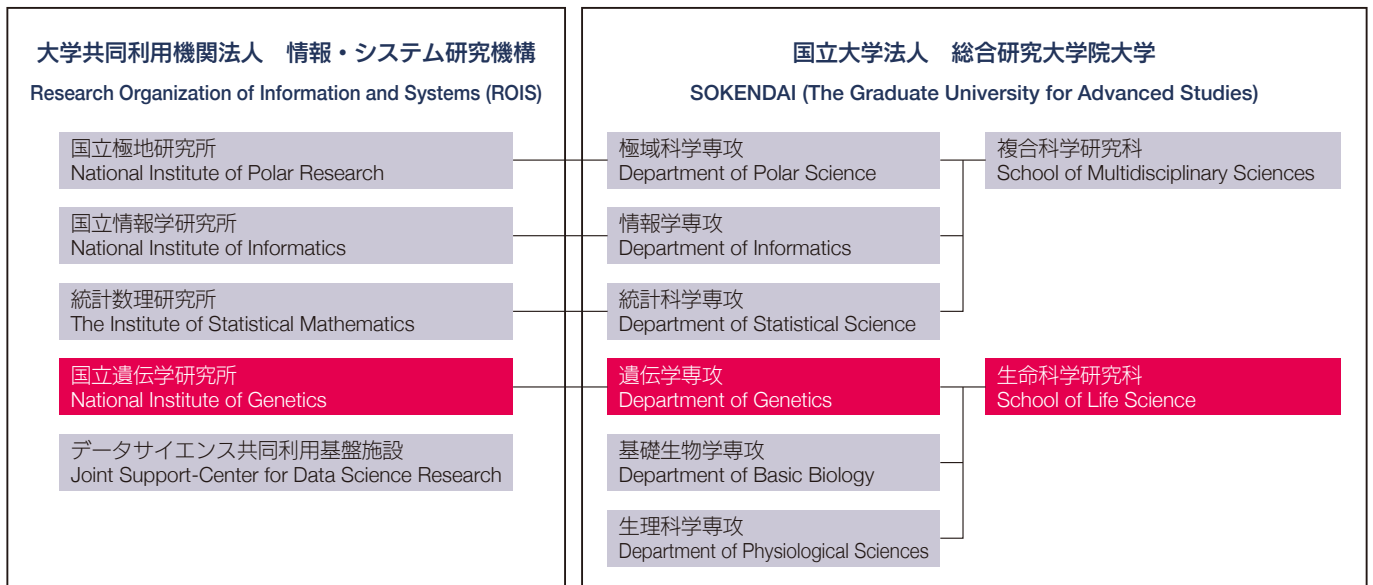
98 知的財産権
Intellectual Property Rights

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

100 国立大学法人 総合研究大学院大学
SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies)

Our Mission

遺伝研の活動



Outline of Departments, Research Centers and Experimental Farm

研究系・研究センター等の概要

■ 分子遺伝研究系

染色体や中心体の生体内動態について複合的な方法を取り入れ研究を行うとともに、新たな研究手法の開発も行っている。

■ 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

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

植物の生殖研究を行うとともに、系統生物研究センターと連携して植物遺伝資源の収集、保存、分譲を行っている。

■ 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、日本医療研究開発機構 (AMED) 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) は論文や特許で公知にされる塩基配列データを網羅し管理公開する、米国 (NCBI) と欧州 (ENA/EBI) との協力事業である。他の生命系主要データベースや解析ツールと共にスーパーコンピュータを用いて公開している。

□ 情報基盤ユニット

研究所全体のネットワーク・ウェブサーバー管理および情報セキュリティ対策を行う。また利用者向けセキュリティ講習会やメール等のアカウント管理も実施している。

□ マウス研究支援ユニット

研究所内のマウスを用いた研究のサポートを目的とし、胚及び精子凍結、マウススクリーニング、トランスジェニック及びノックアウトマウス作製などを行う。今年度から共同研究として外部の研究機関に対するマウス作製サービスも開始した。

□ 動物飼育実験施設

所内におけるマウス・ラットなどの実験動物の主要な飼育保管施設として、動物の飼育及び実験のサポートを行い、研究・教育の推進に貢献する。

■ Department of Molecular Genetics

The dynamics of chromosome and centrosome have been studied using innovative and multi-disciplinary approaches, as well as development of new technology for research.

■ 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, such as 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*, fish, 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, zebrafishes, *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

We study plant reproduction, and also conduct collection, conservation and distribution of plant genetic resources in cooperation with Genetic Strains Research Center.

■ 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 and 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 AMED.

□ 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 collaboration with NCBI (USA) and ENA/EBI (Europe) that releases a whole catalogue of identified DNA sequences. DDBJ is hosted by a supercomputer that also provides powerful analytical tools and other databases.

□ Information and Technology Unit

The unit maintains the network and web servers of the entire institute and ensures information security. It also provides training courses for security and manages email and web accounts.

□ Mouse Research Supporting Unit

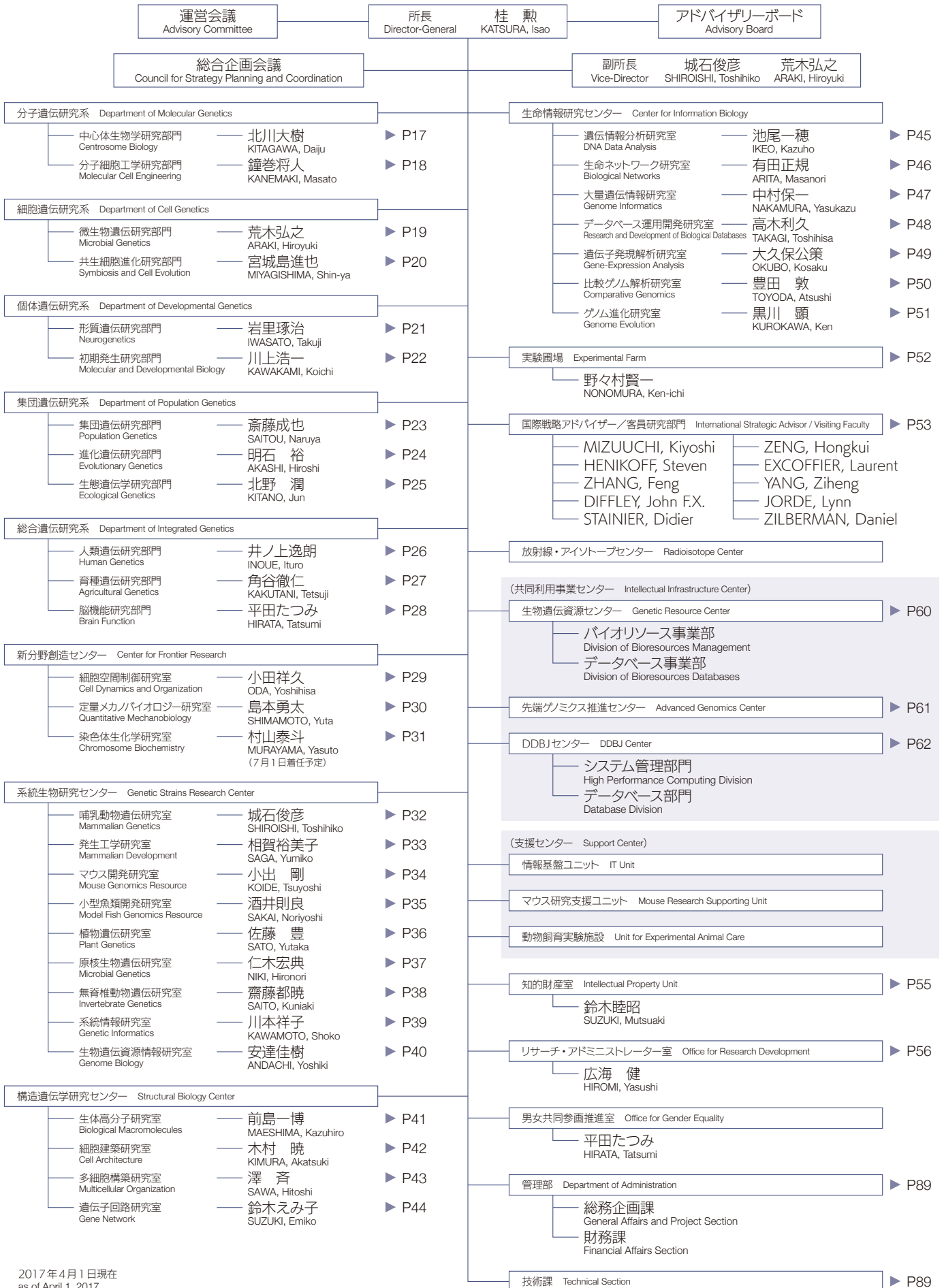
To facilitate mouse research in NIG, the unit offer service such as embryo freezing, in vitro fertilization and transgenic mouse production. The mouse production service is now opened to other academic institutes as collaborative research.

□ Unit for Experimental Animal Care

The unit run a main animal facility of NIG, and aim to contribute to research and education by providing suitable rearing condition and research environment to use mice and rats.

Organization

組織



2017年4月1日現在
as of April 1, 2017

Cutting-edge Research : A Core Institute for Life Sciences

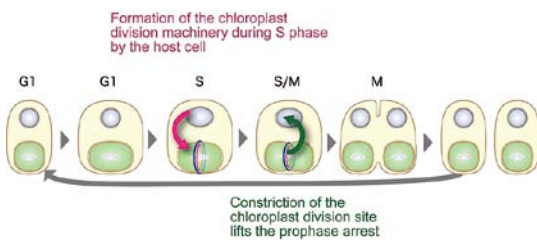
遺伝学の中核拠点としての先端研究活動

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りださ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 genome and the internal and external environments. 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.

▶ Research Highlights

最近の研究成果より



葉緑体分裂はS期に形成されるリングによって行われる。リングが収縮すると細胞はM期中期に進む。
The chloroplast division ring is formed in S phase. Constriction of the ring permits the cell to enter metaphase.

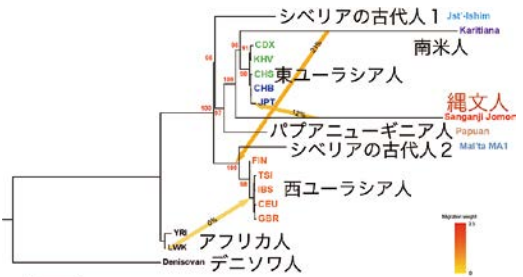
葉緑体分裂による細胞周期制御機構

光合成を行う葉緑体は、シアノバクテリアが真核細胞内に共生して誕生しました。細胞が葉緑体を維持するためには、細胞分裂時に葉緑体も分裂することが必須です。宮城島教授らは、葉緑体分裂の開始が細胞のM期中期への進行に必須であること、この機構により細胞と葉緑体の分裂が同期されていることを明らかにしました。

Regulation of cell cycle progression by chloroplast division

Chloroplasts evolved from a cyanobacterial endosymbiont and their continuity has been maintained by chloroplast division prior to cell division. Miyagishima group found that constriction of the chloroplast division site is required for prophase to metaphase transition of the host cell, thereby synchronizing the cell and chloroplast division.

Sumiya, N., Fujiwara, T., Era, A., and Miyagishima, S. (2016). Chloroplast division checkpoint in eukaryotic algae. *Proc Natl Acad Sci USA* 113, 7629-7638.



縄文人と他集団の系統樹。赤数字は系統樹の枝の信頼性を示す確率を、矢印は混血をあらわす。
Phylogenetic tree of Jomon and other populations. Red values are probabilities to indicate credibility of branches and arrows are admixtures.

縄文人の核ゲノム配列をはじめて決定

福島県三貫地貝塚出土の3000年ほど前に生きた縄文人の歯から、核ゲノムの一部配列が斎藤教授らによってはじめて決定されました。縄文人はアイヌ人にもっとも近く、現代人の祖先が東ユーラシアに移り住んだころに分岐した古い系統であること、現代本土日本人に伝えられた縄文人ゲノムの割合は20%未満であることがわかりました。

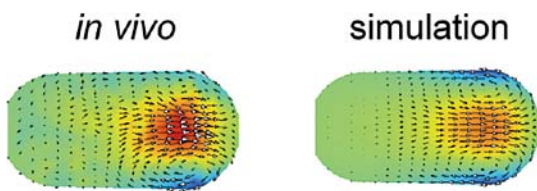
First determination of nuclear genome sequence of Jomon people

Partial nuclear genome sequences were determined by Saitou group from 3,000 year-old teeth of Jomon excavated from Sanganj Shell Mound, Fukushima. Jomon was closest to Ainu people, and their lineage diverged when modern humans moved to East Eurasia. Jomon genome transmitted to Mainland Japanese was less than 20%.

Kanzawa-Kiryama, H., Kryukov, K., Jinam, T. A., Hosomichi, K., Saso, A., Suwa, G., Ueda, S., Yoneda, M., Tajima, A., Shinoda, K., Inoue I., and Saitou, N. (2017). A partial nuclear genome of the Jomons who lived 3000 years ago in Fukushima, Japan. *J Hum Genet* 62, 213-221 (Advance access on Sept 1, 2016).

データ同化法で細胞内部の力を推定

細胞内では様々な力が働き、ものの配置や動きを制御していますが、細胞内部で働く力を測定することは困難です。木村教授らは統計数理研究所で研究・開発されてきた「データ同化法」を用いて、細胞質流動の原動力の分布と大きさを推定することに成功しました。本手法は多くの研究者に活用されることが期待されます。



本研究で推定した力を用いたシミュレーション (右) は、実際の細胞内の流動 (左) をよく再現しました。
A simulation performed using the estimated forces (right) agrees well with flows in the experiment (left).

Estimation of intracellular forces using data assimilation

Forces exerted inside the cell are important but difficult to measure. Kimura group, in collaboration with researchers in The Institute of Statistical Mathematics, developed a computational method to estimate the localization and amplitude of the forces generating cytoplasmic streaming. This method has diverse applications in cell biology.

Niwayama, R., Nagao, H., Kitajima, T.S., Hufnagel, L., Shinohara, K., Higuchi, T., Ishikawa, T., and Kimura, A. (2016). Bayesian inference of forces causing cytoplasmic streaming in *Caenorhabditis elegans* embryos and mouse oocytes. *PLoS One* 11, e0159917.

Intellectual Infrastructure Supporting Life Sciences

生命科学を支える共同利用

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.



生物遺伝資源（バイオリソース）事業

学術研究用生物系統の開発、収集、提供を主体としたバイオリソース事業を展開し、全国の中核拠点として機能しています。日本医療研究開発機構（AMED）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ます。

BioResource Project

NIG serves as a center for developing, collecting, and distributing biological resources of various strains of experimental organisms for academic research. NIG also plays an important role as a central institution for individual National Bio-Resource 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

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ます。これまでに、微生物から大型真核生物にいたる多様な生物種において、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きており、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ます。

Advanced Genomics Project

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

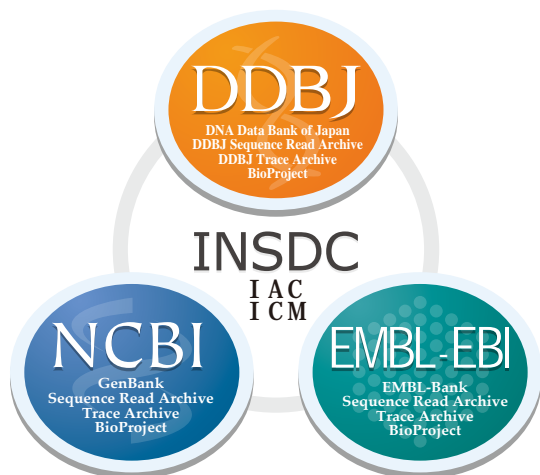
DDBJ（日本DNAデータバンク）事業

DDBJ; DNA Data Bank of Japanは、生命科学の研究活動をサポートするために、米国のNCBIおよび欧州のENA/EBIとの協力体制の下で世界の公共財『国際塩基配列データベース（INSDB）』を維持管理しています。INSDBには、日・米・欧の特許庁と韓国のKOBICの協力により日・米・欧・韓国特許データ登録されています。

さらに、次世代シーケンサ出力データアーカイブも三者の協力体制で運営されています。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 Project

DNA Data Bank of Japan (DDBJ), collecting nucleotide sequence data, under collaboration with NCBI in U.S. and ENA/EBI in Europe, maintains International Nucleotide Sequence Database (INSDB). Japan, US, European, and Korean patent data is also included in the database by the collaboration of Japan, US, European patent offices, and by the courtesy of KOBIC in Korea. The three parties also cooperate to Sequence Read Archive. In 2013, DDBJ started a controlled access database, Japanese Genotype-phenotype Archive (JGA) in collaboration with JST.



Access to the Institute

遺伝研へのアクセス

遺伝研周辺地図



遺伝研詳細地図



三島駅までのアクセス

How to get to JR Mishima Station

- 羽田空港 Haneda Airport → 品川駅 JR Shinagawa Station → 三島駅 JR Mishima Station
 京急 約20分 20min by Keikyu Line
 新幹線こだま 約50分 50min by Shinkansen (Kodama)
- 成田空港 Narita Airport → 品川駅 JR Shinagawa Station → 三島駅 JR Mishima Station
 JR 約1時間 1hr by JR Narita Express
 新幹線こだま 約50分 50min 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
- シャトルバス
 北口4番乗り場から約15分 (平日のみ運行)
 15min by the NIG Free Shuttle Bus (North Exit #4)
 - 路線バス
 南口5番乗り場から約20分
 「柳郷地行き」 遺伝研前下車、または、「夏梅木行き」 遺伝研坂下下車徒歩10分
 20min by Local Bus (South Exit #5)
 - タクシー
 南口・北口共に約15分
 15min by Taxi

Campus Map

遺伝研マップ



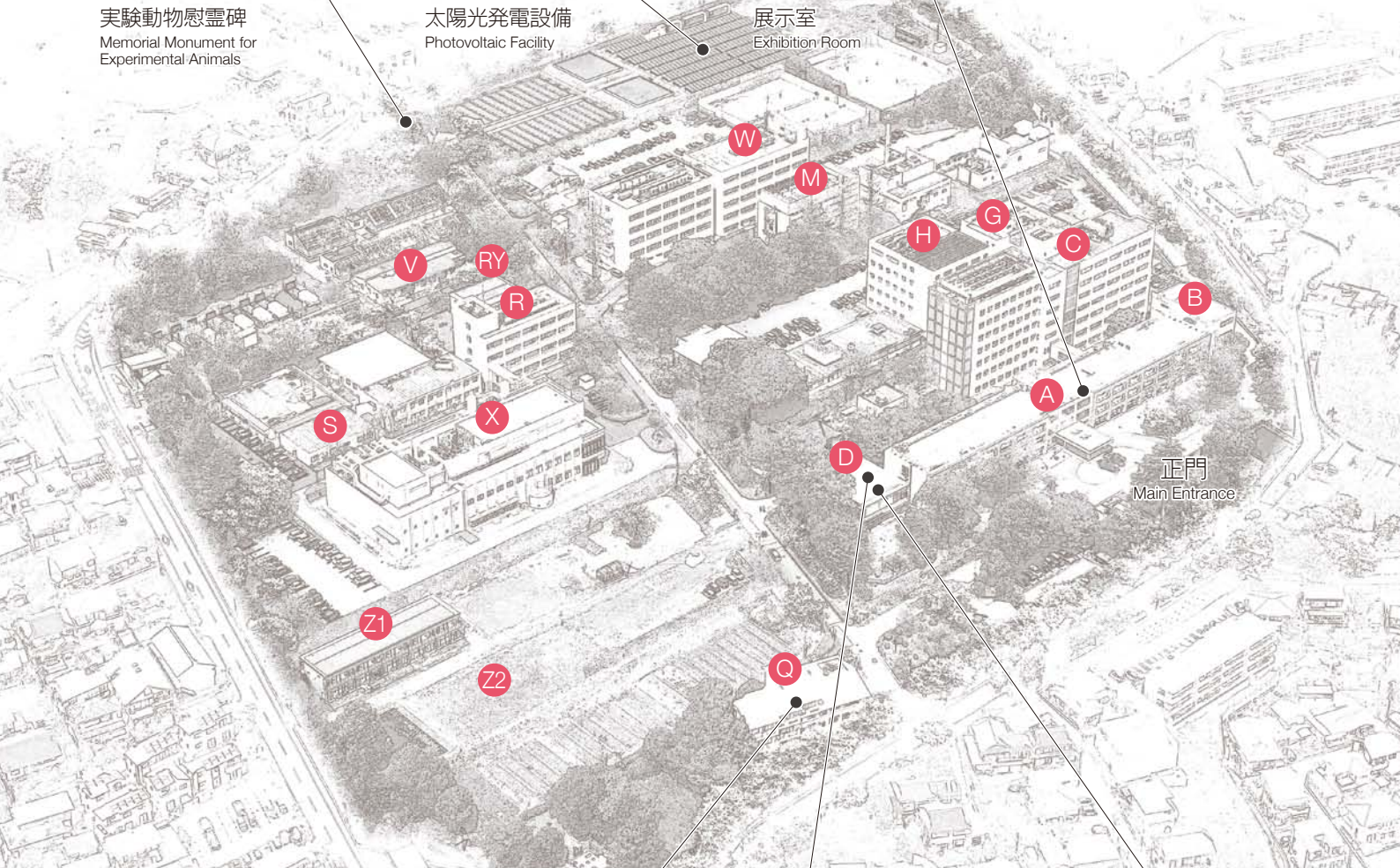
実験動物慰霊碑
Memorial Monument for
Experimental Animals



太陽光発電設備
Photovoltaic Facility



展示室
Exhibition Room



研究員宿泊施設
Guest House



講堂
Lecture Hall



食堂
Cafeteria

- 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

- M** 電子計算機棟
Computer Building I
- Q** 研究員宿泊施設
Guest House
- R** 系統生物研究センター
Genetic Strains Research Center
- RY** 系統生物附属プレハブ棟
Genetic Strains Research Center Annex
- S** 系統生物西附属棟
Genetic Strains Research Center West Building
- 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
- Z1** 所内宿舎 1号棟
Official Housing I
- Z2** 所内宿舎 2号棟
Official Housing II

研究所の敷地と建物

土地総面積 101,363㎡
Institute Facilities and Grounds

内訳
Details

- 研究所敷地 94,095㎡
Institute Area
- 宿舎敷地 7,268㎡
Residential Area

建築面積 16,972㎡
Building Area

建物延面積 41,816㎡
(Total Floor Space)

(2017年4月1日現在)

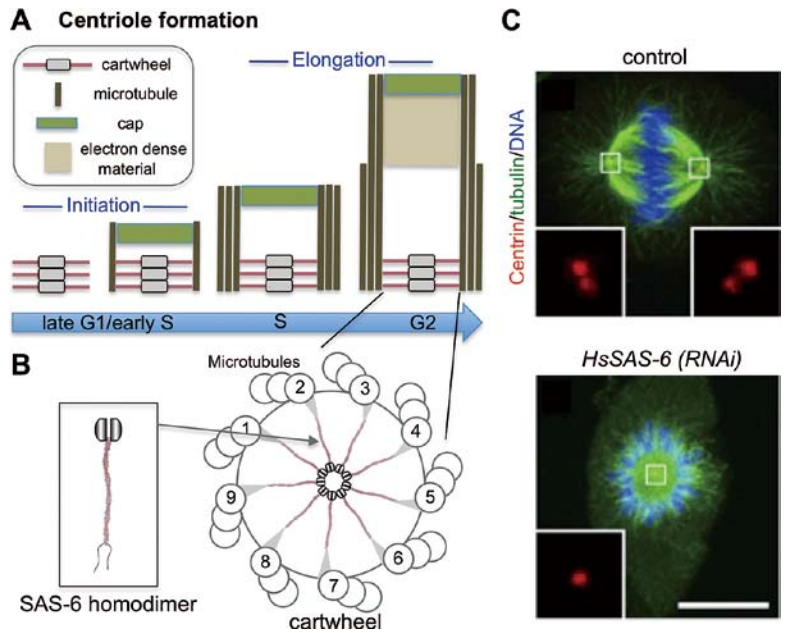
Research Activities

遺伝研の研究活動



The mechanisms of centrosome duplication and dynamics

中心体の自己複製機構と生体内動態、そして起源の解明



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

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

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.

Selected Publications

Tsuchiya, Y., Yoshida, S., Gupta, A., Watanabe, K., and Kitagawa, D. (2016). Cep295 is a conserved scaffold protein required for generation of a bona fide mother centriole. *Nat Commun* 7, 12567.

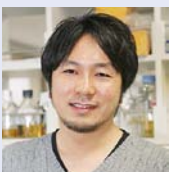
Shiratsuchi, G., Takaoka, K., Ashikawa, T., Hamada, H., and Kitagawa, D. (2015). RBM14 prevents assembly of centriolar protein complexes and maintains mitotic spindle integrity. *EMBO J* 34, 97-114.

Ohta, M., Ashikawa, T., Nozaki, Y., Kozuka-Hata, H., Goto, H., Inagaki, M., Oyama, M., and Kitagawa, D. (2014). Direct interaction of Plk4 with STIL ensures formation of a single procentriole per parental centriole. *Nat Commun* 5, 5267.

Division of Centrosome Biology 中心体生物学研究部門

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/kitagawa>

Kitagawa Group 北川研究室



KITAGAWA, Daiju
Professor
北川大樹 教授



TAKAO, Daisuke
Assistant Professor
高尾大輔 助教

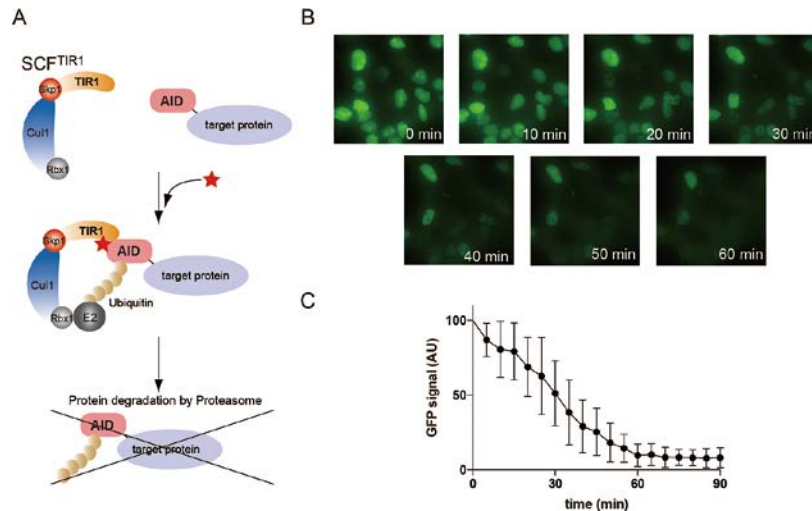


YOSHIDA, Satoko
Assistant Professor
吉場聡子 助教



A new genetics of human cells for the study of DNA transactions

ヒト細胞における新たな遺伝学を用いたDNAトランスアクションの解析



オーキシンドグロン (AID) 技術

(A) AID法の原理。植物由来のF-box因子TIR1を発現させた細胞において、TIR1は内因子とSCF-TIR1 E3ユビクチンリガゼ複合体を形成する。オーキシンはTIR1とAIDタグの結合を促進することで、AID融合タンパク質を分解に導く。(B) TIR1とGFP-AIDに核局在シグナルを融合したタンパク質を人293細胞に発現させた。培地にオーキシン添加後、経時的にGFPを観察した。(C) GFPシグナルを定量化した。60分程度で大部分のGFPが分解されていることがわかる。

The auxin-inducible degron (AID) technology

(A) Schematic illustration of the AID system. TIR1 derived from a plant forms an SCF-TIR1 E3 ubiquitin ligase with the endogenous factors when expressed in human cells. Auxin promotes the interaction between TIR1 and AID for poly-ubiquitination of AID. Therefore, AID-fused proteins are degraded by the proteasome. (B) TIR1 and GFP-AID fused with a nuclear localization signal were expressed in human 293 cells. After addition of auxin, GFP was detected by a time-lapse microscopy. (C) Quantification of GFP signal. Most of GFP was degraded by 60 min.

当研究室は、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ヒト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AID技術を開発しました。さらに、CRISPR-Casゲノム編集技術と組み合わせ、ヒトコンディショナル変異細胞を作る方法を確認しました。作成した変異細胞では、半減期30分以下で標的タンパク質を分解除去することができます。AID技術を応用してヒトゲノムDNAがいかに安定維持されているのか、特にDNA複製と他のDNAトランスアクションの関連性を明らかにしようとしています。

We established the auxin-inducible degron (AID) technology, by which the expression of a protein of interest can be rapidly controlled by the addition of a plant hormone, auxin. By combining the CRISPR-Cas-based genome-editing technology with the AID system, we can now make human conditional mutants, in which a protein of interest can be depleted in a half-life of less than 30 min. By applying the AID technology, we wish to understand how genomic DNA is maintained in human cells. In particular, we are focusing on the relationship between DNA replication and other DNA transactions.

Selected Publications

Natsume, T., Kiyomitsu, T., Saga, Y., and Kanemaki, M.T. (2016). Rapid protein depletion in human cells by auxin-inducible degron tagging with short homology donors. *Cell Reports* 15, 210-218.

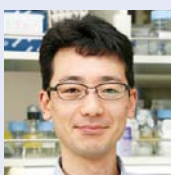
Nishimura, K., and Kanemaki, M.T. (2014). Rapid depletion of budding yeast proteins via the fusion of an auxin-inducible degron (AID). *Curr Protoc Cell Biol* 64, 20.9.1-20.9.16.

Nishimura, K., Ishiai, M., Horikawa, K., Fukagawa, T., Takata, M., Takisawa, H., and Kanemaki, M.T. (2012). Mcm8 and Mcm9 form a complex that functions in homologous recombination repair induced by DNA interstrand crosslinks. *Molecular Cell* 47, 511-522.

Division of Molecular Cell Engineering 分子細胞工学研究部門

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/kanemaki>

Kanemaki Group 鐘巻研究室



KANEMAKI, Masato
Professor
鐘巻将人 教授

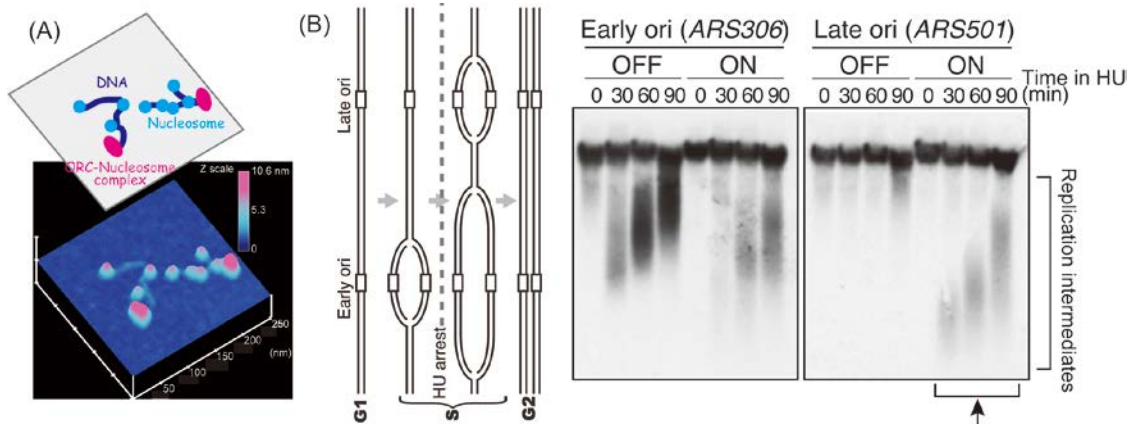


NATSUME, Toyoaki
Assistant Professor
夏目豊彰 助教



Molecular mechanism of eukaryotic DNA replication in the cell cycle

真核生物染色体のDNA複製機構とその細胞周期による調節



(A) 複製開始領域を決定するORC複合体は、ヌクレオソームとの相互作用を介して安定に複製開始領域に結合する。図はORC-ヌクレオソーム複合体のAFM像。(B) 複製開始のタイミングはSld3-Sld7-Cdc45複合体が制御している。細胞内でこの複合体を過剰発現させる(図中“ON”)と複製のタイミングが異常を示し、late originの複製が早期に開始する(図中矢印)。

(A) AFM image of ORC-chromatin complexes. ORC (origin recognition complex) binds to replication origins, where DNA replication is initiated. We revealed that chromatin structure stabilizes origin-ORC interaction. (B) Origin association of the low abundance replication proteins Sld3, Sld7, and Cdc45 is the key to determining the temporal order of origin firing. Simultaneous over-expression of these proteins (“ON” in the figure) allows the late-firing origins to fire earlier in S phase (arrow in the figure).

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。

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.

Selected Publications

Tanaka, S., and Araki, H. (2016). Role of CDK in replication initiation. In “The initiation of DNA replication in eukaryotes (ed. D. Kaplan)”, pp. 263-278.

Itou, H., Muramatsu, S., Shirakihara, Y., and Araki, H. (2014). Crystal Structure of the homology domain of the eukaryotic DNA replication proteins Sld3/Treslin. Structure 22, 1341-1347.

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.

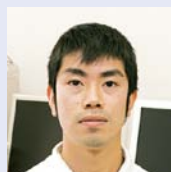
Division of Microbial Genetics 微生物遺伝研究部門

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/araki>

Araki Group 荒木研究室



ARAKI, Hiroyuki
Professor
荒木弘之 教授

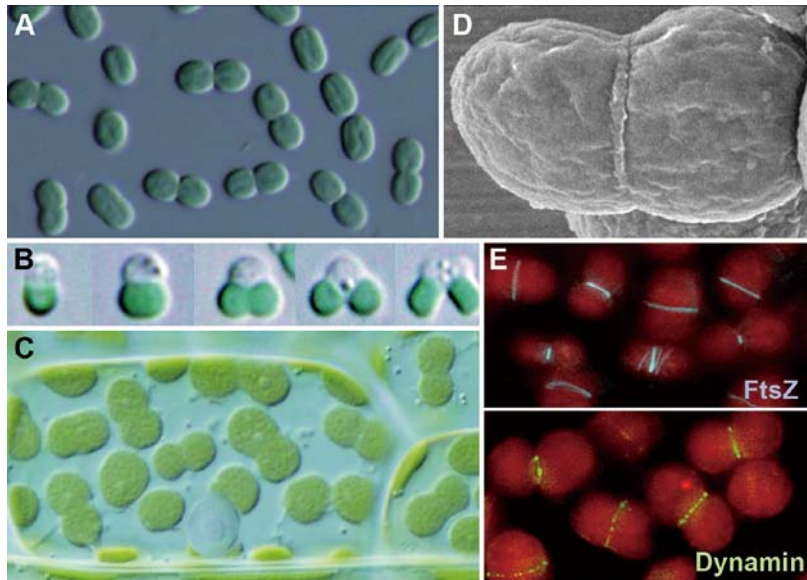


HIZUME, Kohji
Assistant Professor
日詰光治 助教



Evolutionary integration of two independent organisms by endosymbioses

細胞内共生による異種細胞の統合機構の解明



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します (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 Dynamain 等から構成されていることを明らかにしました (E)。

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

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、バクテリアが真核細胞内に共生して誕生しました。その他にも、真核細胞が別の細胞を取り込み、新機能を獲得する例は広く存在します。このような二種の細胞の世代を超えた持続的統合には、宿主細胞と共生細胞の協調増殖機構の確立が必須です。私たちは、(1) 真核細胞による葉緑体とミトコンドリアの増殖制御、(2) 細胞内小器官によるエネルギー供給と細胞の増殖の関係、(3) 葉緑体とミトコンドリア以外の細胞内共生系における宿主細胞と共生体細胞の協調増殖機構を理解することで、細胞内共生成立の基本原理の解明を目指しています。

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

Selected Publications

Sumiya, N., Fujiwara, T., Era, A., and Miyagishima, S. (2016). Chloroplast division checkpoint in eukaryotic algae. *Proc Natl Acad Sci USA* 113, 7629-7638.

Nakabachi, A., Ishida, K., Hongoh, Y., Ohkuma, M., and Miyagishima, S. (2014). Aphid gene of bacterial origin encodes a protein transported to an obligate endosymbiont. *Curr Biol* 24, 640-641.

Miyagishima, S., Fujiwara, T., Sumiya, N., Hirooka, S., Nakano, A., Kabeya, Y., and Nakamura, M. (2014). Translation-independent circadian control of the cell cycle in a unicellular photosynthetic eukaryote. *Nat Commun* 5, 3807.

Division of Symbiosis and Cell Evolution 共生細胞進化研究部門

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/miyagishima>

Miyagishima Group 宮城島研究室



MIYAGISHIMA, Shin-ya
Professor
宮城島進也 教授

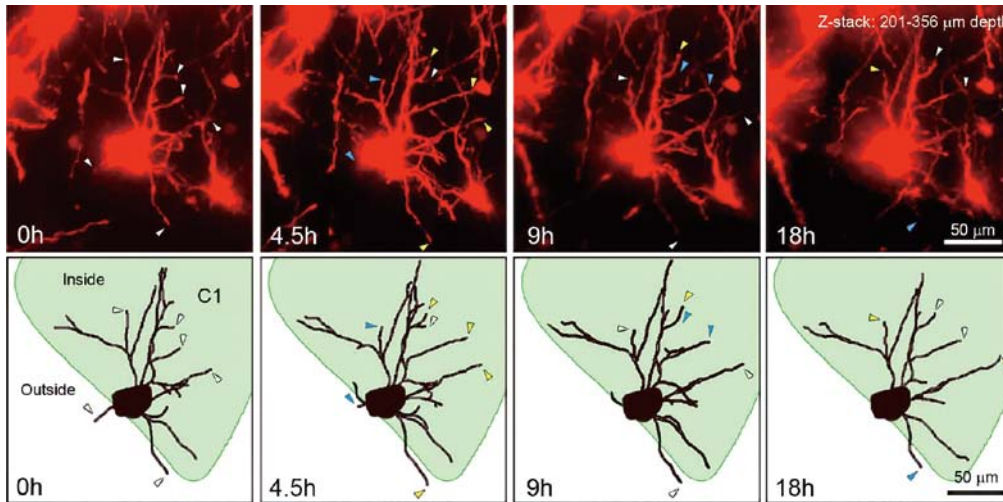


FUJIWARA, Takayuki
Assistant Professor
藤原崇之 助教



Neuronal circuit development and function in the mouse brain

マウスを用いた脳神経回路発達の分子から個体までの統合的解析



新生児の脳の中で神経回路が発達する過程を、二光子顕微鏡を用いて直接観察することに成功した。マウス大脳皮質の中の単一の神経細胞を明るく蛍光標識（赤色）し、生後5日目、4.5、9、18時間後の時点でイメージングしたところ、樹状突起の枝が激しく伸縮しながら、正しい結合相手の軸索（緑色）に向かって広がっていく様子が観察された。

A process of neuronal circuit development in the neonatal brain was observed using two-photon microscopy. Dendrites of cortical neurons (red) were highly motile and expanded towards proper presynaptic targets (thalamocortical axons: green). Images of a single neuron in the mouse somatosensory cortex at 0h, 4.5h, 9h and 18h after postnatal day 5 are shown.

哺乳類の脳は高度な情報処理能力をもっていますが、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。その発達の仕組みを理解するためには、分子から動物個体までの統合的な研究が必要不可欠です。本研究室では、分子生物学、マウス遺伝学を基盤とし、in vivoでの遺伝子操作や2光子顕微鏡イメージングなど多角的なアプローチによって、哺乳類の神経回路が発達し機能する仕組みを明らかにすることを目指しています。特に、外界からの刺激の影響を強く受ける子どもの時期の回路発達（神経活動依存的回路発達）に興味を持っています。

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. In particular, we are interested in activity-dependent circuit development during postnatal stages.

Selected Publications

Luo, W., Mizuno, H., Iwata, R., Nakazawa, S., Yasuda, K., Itohara, S., and Iwasato, T. (2016). Supernova: A versatile vector system for single-cell labeling and gene function studies in vivo. *Sci Rep* 6, 35747.

Iwata, R., Matsukawa, H., Yasuda, K., Mizuno, H., Itohara, S., and Iwasato, T. (2015). Developmental RacGAP α 2-chimaerin signaling is a determinant of the morphological features of dendritic spines in adulthood. *J Neurosci* 35, 13728-13744.

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* 82, 365-379.

Division of Neurogenetics 形質遺伝研究部門

Iwasato Group 岩里研究室



IWASATO, Takuji
Professor
岩里琢治 教授



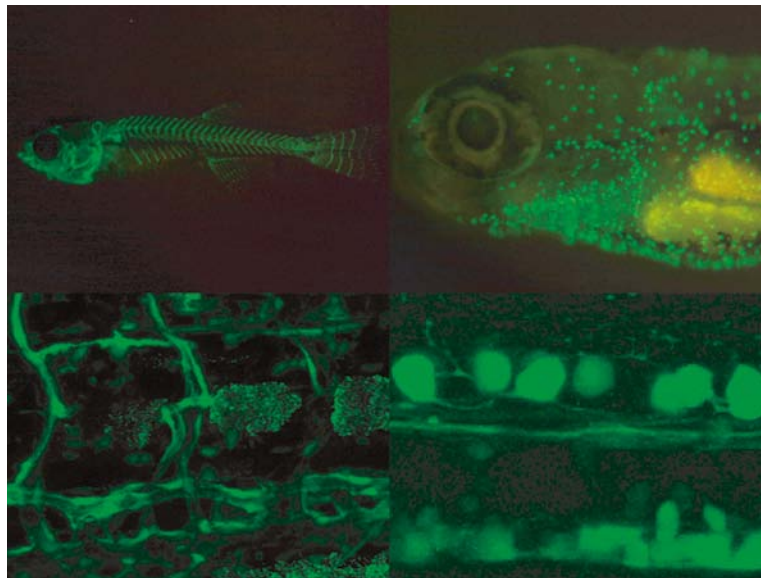
MIZUNO, Hidenobu
Assistant Professor
水野秀信 助教

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/iwasato>



The genetic basis of development and behaviors in zebrafish

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



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。

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.

私たちはゼブラフィッシュを用いて、世界で初めて高効率なトランスポゾン転移システムを開発し、それを用いて、遺伝子導入動物作製法、遺伝子ノエンハンサートラップ法、Gal4-UAS法を開発してきました。これらの方法を駆使して世界最大規模のトランスジェニックフィッシュリソースを構築し、特定の細胞や器官の可視化や機能操作を実現させました。これらの研究リソースを基に世界中の研究者と共同研究を展開しています。さらに私たちは、行動・学習・記憶に重要な神経回路の可視化、神経細胞機能障害、神経活動のイメージングなどを通じて脳機能の解明を目指しています。

We developed the highly efficient transposon transposition system in zebrafish, and developed powerful genetic methods, including the transgenesis, gene trap, enhancer trap, Gal4-UAS methods. By using these methods, we created a large number of transgenic fish lines that express the yeast Gal4 transcription activator in specific cells, tissues and organs for the applications in developmental biology and neuroscience. We are studying the structure and function of specific neuronal circuits that regulate locomotion, learning and memory. Also, we visualize neuronal activity during behavior by calcium imaging to identify functional neuronal circuits.

Selected Publications

Wada, H., Iwasaki, M., and Kawakami, K. (2014). Development of the lateral line canal system through a bone remodeling process in zebrafish. *Dev Biol* 392, 1-14.

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.

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.

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

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/kawakami>

Kawakami Group 川上研究室



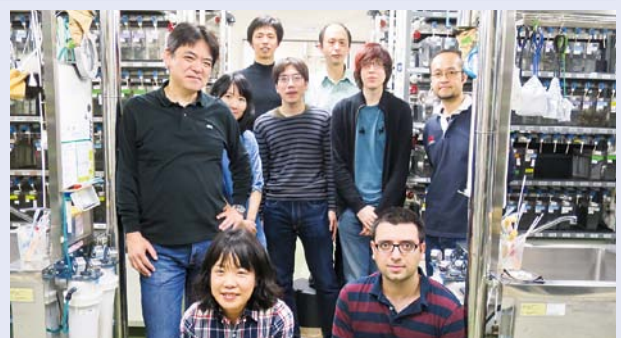
KAWAKAMI, Koichi
Professor
川上浩一 教授



ASAKAWA, Kazuhide
Assistant Professor
浅川和秀 助教

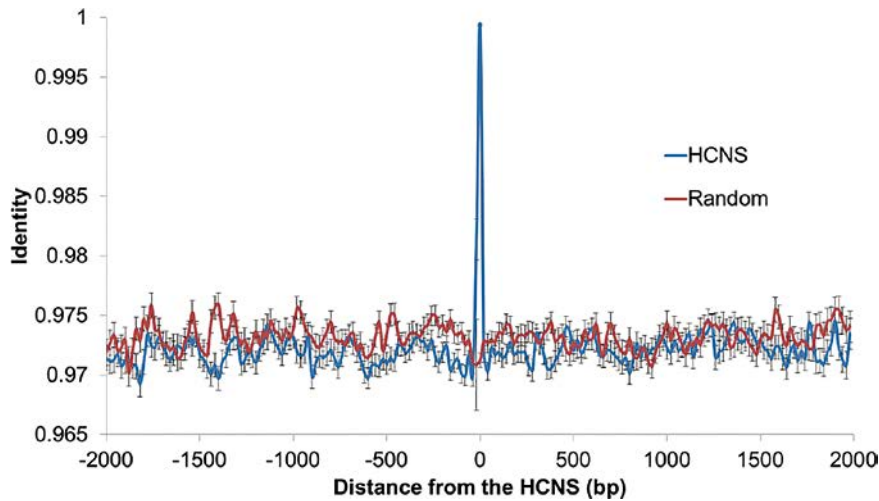


MUTO, Akira
Assistant Professor
武藤 彩 助教



Genome evolution of organisms with special reference to human

ヒトを中心とした生物のゲノム進化



ヒト科（ヒト、チンパンジー、ゴリラ、オランウータン）でのみ同一である非コード配列とその周辺の配列保存率。Saber et al. (2016) より。
 Conservation levels of noncoding sequences identical only among Hominidae (human, chimpanzee, gorilla, and orangutan) and their flanking regions. From Saber et al. (2016).

生物のゲノム進化をおもにコンピュータ解析で研究しています。特に現代人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。研究対象としては (1) 古代DNA解析をふくめたさまざまな人類集団、特に日本列島人のゲノム規模データの解析、(2) ヒト科、霊長類、哺乳類、脊椎動物などにおいて各系統で進化的に保存された非コード領域の解析、(3) ゲノム進化学研究に有用な解析法の開発、があります。

We study genome evolution of organisms mainly through computer analyses. We are particularly interested in evolution of modern humans and primate and mammalian evolution toward human. Research interests are (1) genome data analysis of modern humans with special reference to those in Japanese Archipelago including ancient DNA, (2) lineage-specific evolutionary changes at different levels of organism groups such as Hominidae, primates, mammals, and vertebrates, (3) development of methods useful for evolutionary genomic studies.

Selected Publications

Kanzawa-Kiriyama, H., Kryukov, K., Jinam, T.A., Hosomichi, K., Saso, A., Suwa, G., Ueda, S., Yoneda, M., Tajima, A., Shinoda, K., Inoue I., and Saitou, N. (2017). A partial nuclear genome of the Jomons who lived 3000 years ago in Fukushima, Japan. *J Hum Genet* 62, 213-221.

Saber, M.M., Babarinde, I.A., Hettiarachchi, N., and Saitou, N. (2016). Emergence and evolution of Hominidae-specific coding and noncoding genomic sequences. *Genome Biol Evol* 8, 2076-2092.

Babarinde, I.A., and Saitou, N. (2016). Genomic locations of conserved noncoding sequences and their proximal protein-coding genes in mammalian expression dynamics. *Mol Biol Evol* 33, 1807-1817.

Division of Population Genetics 集団遺伝研究部門

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/saitou>

Saitou Group 斎藤研究室



SAITOU, Naruya
Professor
斎藤成也 教授

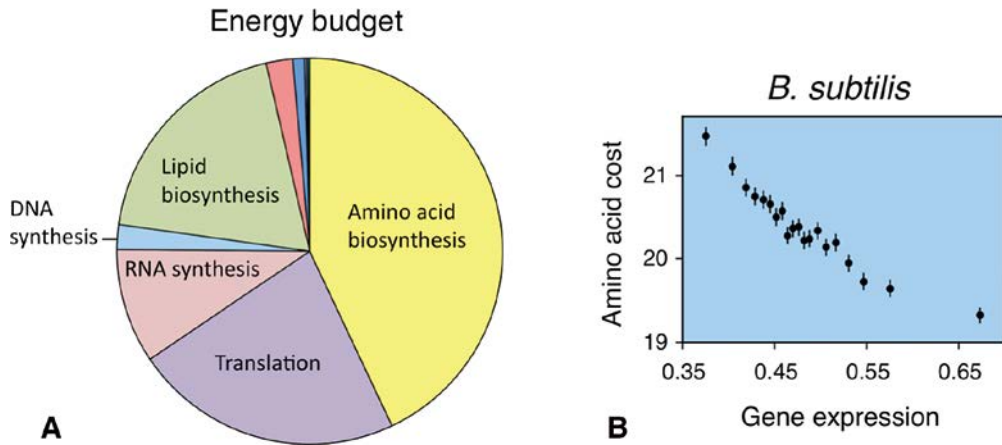


JINAM, Timothy A.
Assistant Professor
ジナム ティモシー A. 助教



Population genetics and genome evolution

集団遺伝とゲノム進化



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。

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.

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。

- 1) 生合成における制約やその効率にかかる自然選択が、ゲノムおよびタンパク質の進化に与える影響の解明。
- 2) ゲノム進化に関する理論的研究。特にコンピューターシミュレーションを用いた、ゲノム進化に影響を与えた要因を統計的に検出する方法の開発。
- 3) キイロショウジョウバエの近縁種間でみられる、系統特異的なゲノム進化パターンとそれを引き起こした要因の解明。

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

- 1) Phenotypic bases of weak selection: biosynthetic constraints or selection for efficient synthesis may be important global factors in genome and proteome evolution.
- 2) Modeling evolutionary processes: we employ computer simulations of weak selection and fitness interactions among mutations to determine statistical methods to detect subtle evolutionary forces.
- 3) lineage-specific genome evolution: we are trying to understand why nucleotide and amino acid composition vary strongly among closely related *Drosophila*.

Selected Publications

Matsumoto, T., John, A., Baeza-Centurion, P., Li, B., and Akashi, H. (2016). Codon usage selection can bias estimation of the fraction of adaptive amino acid fixations. *Mol Biol Evol* 33, 1580-1589.

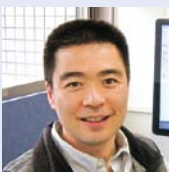
Matsumoto, T., Akashi, H., and Yang, Z. (2015). Evaluation of ancestral sequence reconstruction methods to infer nonstationary patterns of nucleotide substitution. *Genetics* 200, 873-890.

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

Division of Evolutionary Genetics 進化遺伝研究部門

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/akashi>

Akashi Group 明石研究室



AKASHI, Hiroshi
Professor
明石 裕 教授



MATSUMOTO, Tomotaka
Assistant Professor
松本知高 助教



Genetics of adaptive radiation

適応放散の遺伝機構



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マイクロ生態系での生態実験を用いて分子から生態までをつないでいきます。

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.

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。

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.

Selected Publications

Ishikawa, A., Kusakabe, M., Ravinet, M., Yoshida, K., Makino, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., and Kitano, J. (2017). Different contributions of local- and distant-regulatory changes to transcriptome divergence between stickleback ecotypes. *Evolution*, 71, 565-581.

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 Genet* 10, 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. *J Evol Biol* 26, 1417-1430.

Division of Ecological Genetics 生態遺伝学研究部門

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/kitano>

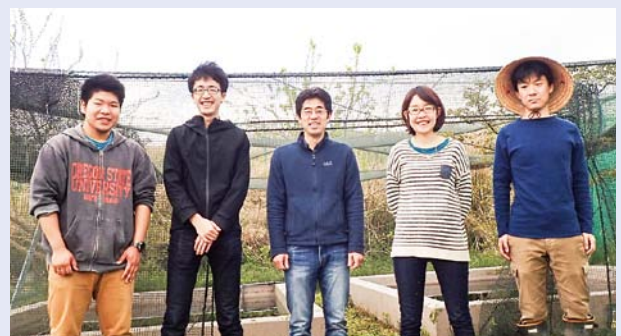
Kitano Group 北野研究室



KITANO, Jun
Professor
北野 潤 教授

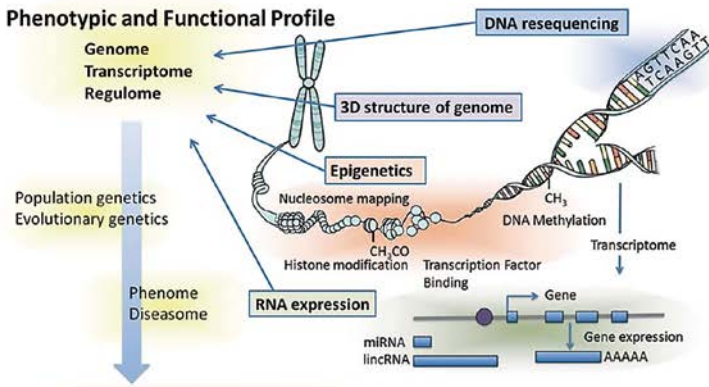


ISHIKAWA, Asano
Assistant Professor
石川麻乃 助教

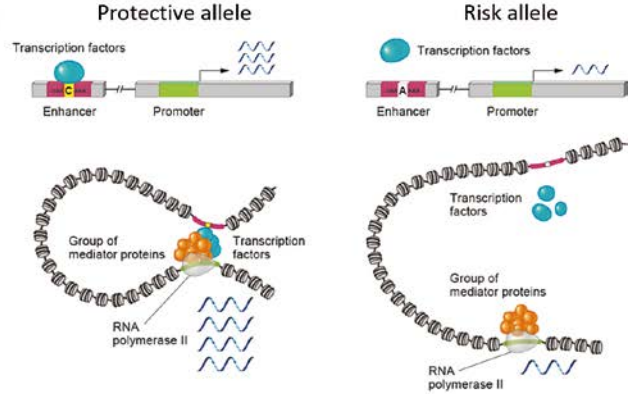


Genomic medicine with next generation sequencing technology

次世代シーケンサーを駆使したゲノム医学研究



Regulatory mechanism underlying disease-associated SNPs



What is the disease mechanism?

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。

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.

本研究室では、次世代シーケンサーで得られる膨大な塩基配列情報を医学研究に活用し、ヒト疾患の理解、治療法の開発に寄与することを目指しています。疾患ゲノム研究は原因となっている遺伝子変異、多型を検出することを当初の目標としていますが、病変組織における遺伝子発現プロファイル、ネットワーク解析を組み合わせることで、疾患メカニズム理解につなが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。

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.

Selected Publications

Romero, V., Hosomichi, K., Nakaoka, H., Shibata, H., and Inoue, I. (2017) Structure and evolution of the filaggrin gene repeated region in primates. *BMC Evol Biol* 17, 10.

Ahmadloo, S., Nakaoka, H., Hayano, T., Hosomichi, K., You, H., Utsuno, E., Sangai, T., Nishimura, M., Matsushita, K., Hata, A., Nomura, F., Inoue, I. (2017) Rapid and cost-effective high-throughput sequencing for identification of germline mutations of BRCA1 and BRCA2. *J Hum Genet* 62, 561-567.

Nakaoka, H., Gurumurthy, A., Hayano, T., Ahmadloo, S., Omer, W.H., Yoshihara, K., Yamamoto, A., Kurose, K., Enomoto, T., Akira, S., Hosomichi, K., and Inoue, I. (2016) Allelic imbalance in regulation of ANRIL through chromatin interaction at 9p21 endometriosis risk locus. *PLoS Genet* 12, e1005893.

Division of Human Genetics 人類遺伝研究部門

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/inoue>

Inoue Group 井ノ上研究室



INOUE, Ituro
Professor
井ノ上逸朗 教授

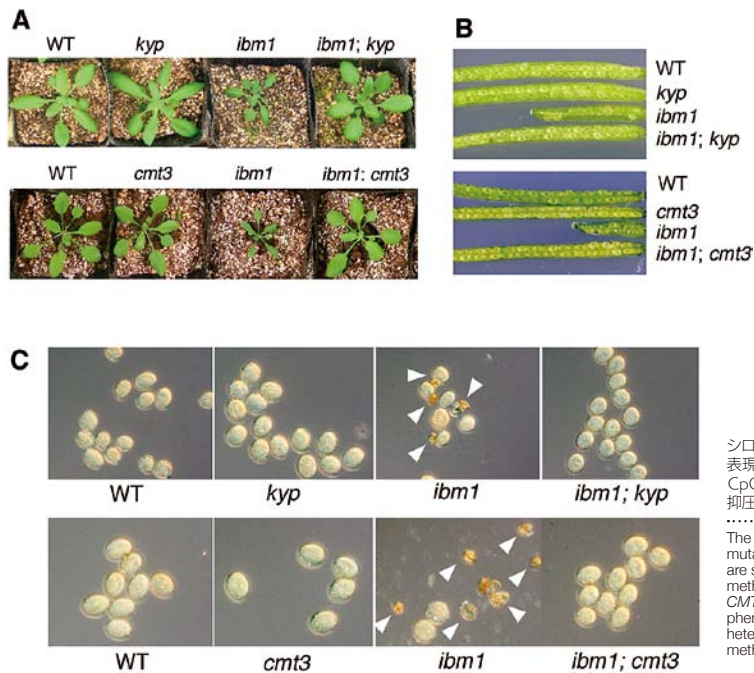


NAKAOKA, Hirofumi
Assistant Professor
中岡博史 助教



Genetics of epigenetics

エピジェネティクスの遺伝学



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* の突然変異で抑制される。

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.

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の生物で観察されます。このような「エピジェネティック」な現象の実体は、DNA のメチル化などのクロマチンの修飾であることがわかってきています。私達は、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.

Selected Publications

Inagaki, S., Takahashi, M., Hosaka, A., Ito, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Tarutani, Y., and Kakutani, T. (2017). Gene-body chromatin modification dynamics mediate epigenome differentiation in Arabidopsis. *EMBO J* 36, 970-980.

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.

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.

Division of Agricultural Genetics 育種遺伝研究部門

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/kakutani>

Kakutani Group 角谷研究室



KAKUTANI, Tetsuji
Professor
角谷徹仁 教授



TARUTANI, Yoshiaki
Assistant Professor
樽谷芳明 助教

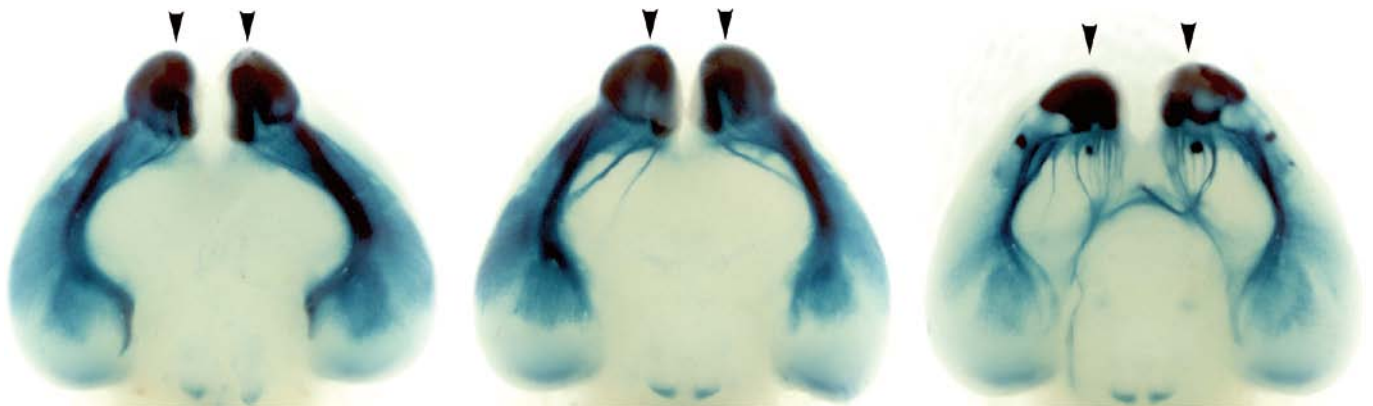


INAGAKI, Soichi
Assistant Professor
稲垣宗一 助教



Approaching brain function through studying development of nervous systems

神経発生から眺める脳機能



遺伝子型の異なる3匹のマウス胚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。

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.

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。

The brain circuitry is made up of an enormous number of neurons. It is constructed by sequential developmental steps, involving neuronal differentiation, migration, axon guidance, and synaptogenesis. The resulting wiring patterns determine the characteristics of animals' behavior and mental activities. Although the brain maintains a certain degree of plasticity, the core element is almost fixed and non-rewireable after the completion. We focus on this rigid feature of the brain by attempting to reveal the rules of neural development and to understand how the wiring design shapes brain function.

Selected Publications

Zhu, Y., Matsumoto, T., Nagasawa, T., Mackay, F., and Murakami, F. (2015). Chemokine signaling controls integrity of radial glial scaffold in developing spinal cord and consequential proper position of boundary cap cells. *J Neurosci* 35, 9211-9224.

Mita, S., de Monasterio-Schrader, P., Fünfschilling, U., Kawasaki, T., Mizuno, H., Iwasato, T., Nave, K.A., Werner, H.B., and Hirata, T. (2015). Transcallosal projections require glycoprotein M6-Dependent neurite growth and guidance. *Cereb Cortex* 25, 4111-4125.

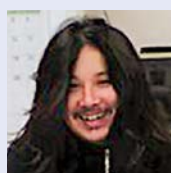
Suzuki, K., and Hirata, T. (2014). A common developmental plan for neocortical geneexpressing neurons in the pallium of the domestic chicken *Gallus gallus domesticus* and the Chinese softshell turtle *Pelodiscus sinensis*. *Front Neuroanat* 8, 20.

Division of Brain Function 脳機能研究部門

Hirata Group 平田研究室



HIRATA, Tatsumi
Professor
平田たつみ 教授



KAWASAKI, Takahiko
Assistant Professor
川崎能彦 助教



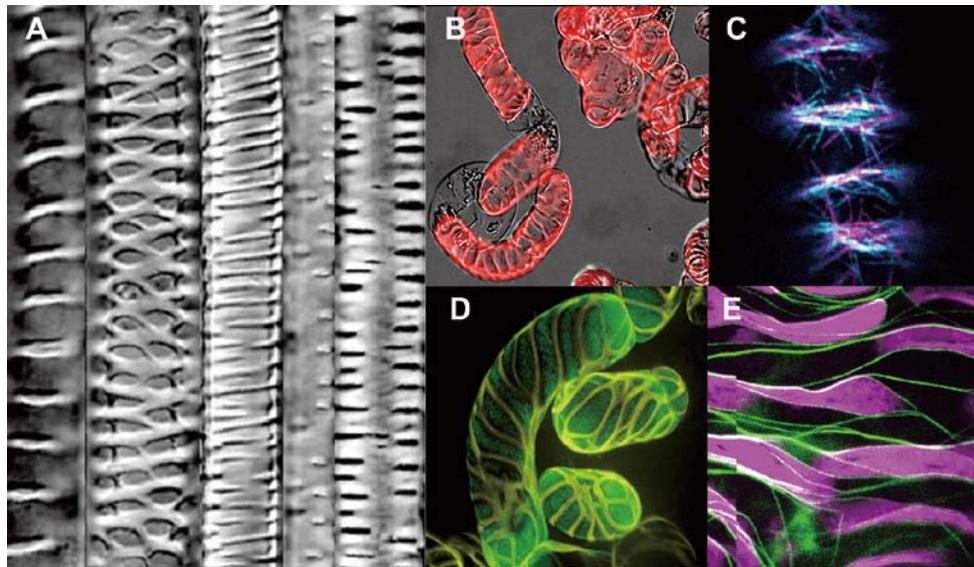
ZHU, Yan
Assistant Professor
トウー ヤン 助教

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/hirata>



Molecular basis of plant cell morphogenesis

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



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細管。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、微細管 (緑) と相互作用している。

(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.

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の動きを調べています。

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.

Selected 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. *Current Biology* 20, 1197-1202.

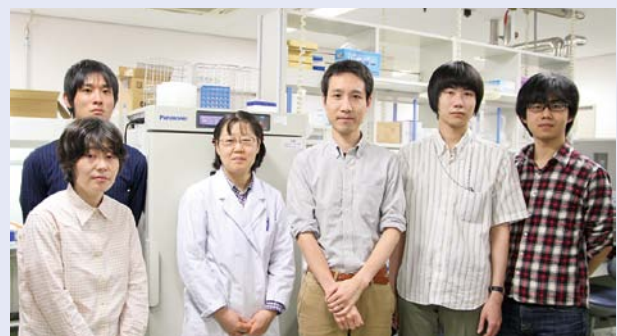
Cell Dynamics and Organization Laboratory 細胞空間制御研究室

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/oda>

Oda Group 小田研究室

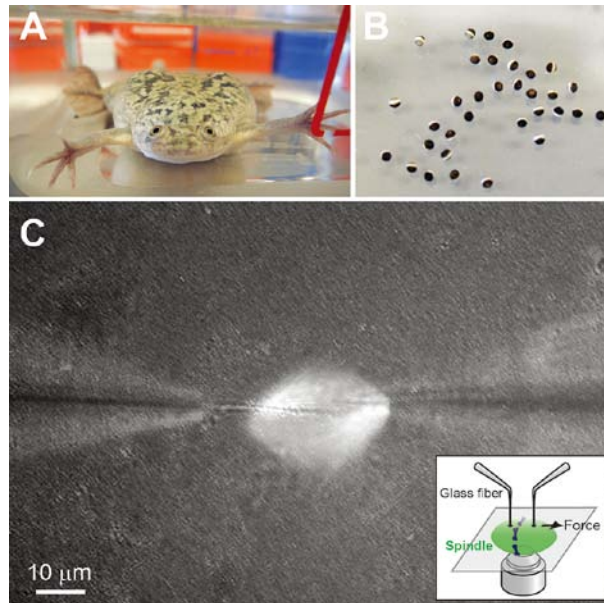


ODA, Yoshihisa
Associate Professor
小田祥久 准教授



Cellular mechanochemistry regulating eukaryotic chromosome dynamics

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



(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。

(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 can be used to apply mechanical force. Inset illustrates the geometry of the set-up

細胞がメカニカルな力を感じて応答する能力は、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。私たちの研究室では、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 force 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 aim ultimately to use the knowledge to control cellular behavior.

Selected Publications

Shimamoto, Y., Forth, S., and Kapoor, T.M. (2015). Measuring pushing and braking forces generated by ensembles of kinesin-5 crosslinking two microtubules. *Dev Cell* 34, 669-681.

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., 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.

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

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/shimamoto>

Shimamoto Group 島本研究室

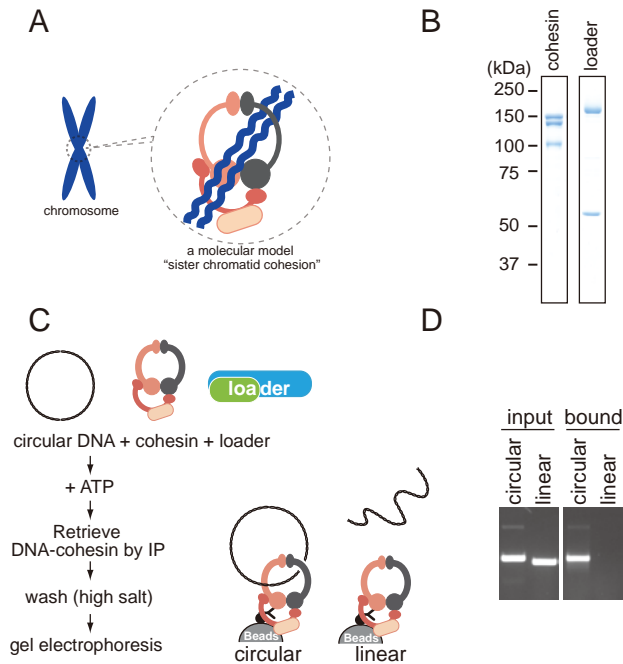


SHIMAMOTO, Yuta
Associate Professor
島本勇太 准教授



Revealing molecular function of SMC complexes in chromosome structural control

SMC 複合体による染色体構造形成機構の解明



A, コヒーシン (SMC1/3) 複合体による姉妹染色体接着形成モデル。B. 精製した分裂酵母コヒーシン、及びローダー複合体。C, D. コヒーシンのDNA結合反応の試験管内再構成実験、及びアガロースゲル電気泳動による解析。

A. A molecular model how cohesin complex mediates sister chromatid cohesion. B. Purified cohesin proteins. C, D. Biochemical reconstitution of topological DNA loading by the cohesin ring.

ゲノム情報を保持する染色体は、細胞の大きさに比べてはるに長大な分子です。細胞は、これを核内に絡まることなく納め、遺伝子発現、複製、分配といった複雑でダイナミックな反応を同時に制御しています。巨大なリング状のSMC複合体は染色体構造形成の中心となる制御因子であり、ゴムバンドのようにDNAを束ねて働くと考えられています。私たちは、SMC複合体を含む染色体構造の制御を行うタンパク質を精製し、試験管内再構成することによって、その分子メカニズムを解明しようとしています。

Controlling of chromosome structure is essential for not only faithful chromosome segregation but also gene transcription, DNA replication and repair. Ring-shaped SMC complexes are central architects of chromosome. The complexes topologically entraps DNA strand to exert their vital chromosomal functions. We have successfully purified cohesin (SMC1/3) complex and reconstituted its functional DNA binding reaction. Our aim is to investigate molecular mechanism how SMC complexes mediate structural control of chromosome.

Selected Publications

Murayama, Y., and Uhlmann, F. (2017). An in vitro assay for monitoring topological DNA entrapment by the chromosomal cohesin complex. *Methods Mol Biol* 1515, 23-35.

Murayama, Y., and Uhlmann, F. (2014). Biochemical reconstitution of topological DNA binding by the cohesin ring. *Nature* 505, 367-371.

Murayama, Y., and Uhlmann, F. (2015). DNA entry into and exit out of the cohesin ring by an interlocking gate mechanism. *Cell* 163, 1628-1640.

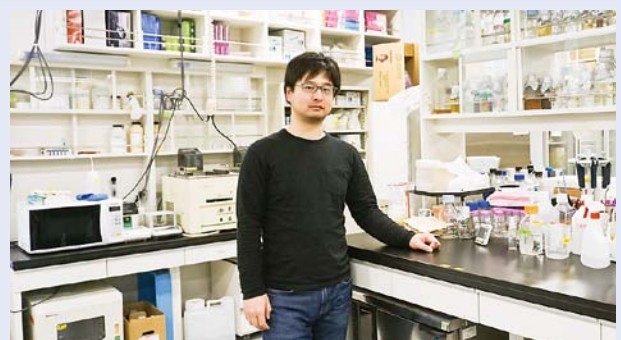
Chromosome Biochemistry Laboratory 染色体生化学研究室

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/murayama>

Murayama Group 村山研究室

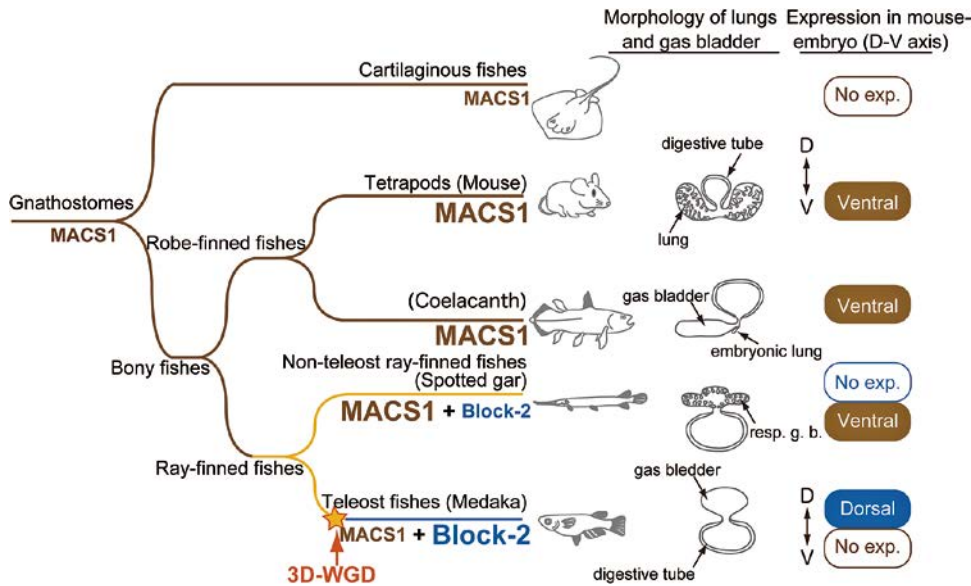


MURAYAMA, Yasuto
Associate Professor
村山泰斗 准教授
(7月1日着任予定)



Integrative genetics of mouse complex traits

マウス高次形質の統合的遺伝解析



肺から魚の浮袋への形態転換に伴う *Shh* 遺伝子エンハンサーの進化: 形態形成に働く *Shh* 遺伝子発現を調節するエンハンサー配列が、肺を持つ陸生動物では消化管の腹側で活性を持つこと、一方、浮袋を持つ真骨魚類では、このエンハンサー活性が喪失し別のエンハンサー配列が消化管の背側で活性を獲得したことが明らかになりました。つまり、肺から浮袋への形態進化に伴ってエンハンサー活性の腹側から背側への軸性転換が生じたことがわかりました。

Shh enhancer evolution: MACS1 is a *Shh* endoderm enhancer that emerged prior to the divergence of cartilaginous and bony fishes. Ray-finned fishes evolved a novel conserved non-coding sequence named Block-2. The MACS1 activity in the ventral digestive tube has been lost in the euteleost lineage, and Block-2 acquired an enhancer activity for dorsal epithelial expression in the digestive tube. It implicates that evolution of these two enhancers is relevant to the morphological transition from ventral lungs to dorsal gasbladder.

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。

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.

Selected Publications

Sagai, T., Amano, T., Maeno, A., Kimura, T., Nakamoto, M., Takehana, Y., Naruse, K., Okada, N., Kiyonari, H., and Shiroishi, T. (2017). Evolution of *Shh* endoderm enhancers during morphological transition from ventral lungs to dorsal gas bladder. *Nat commun* 8, 14300.

Takada, T., Yoshiki, A., Obata, Y., Yamazaki, Y., and Shiroishi, T. (2015). NiG_MoG: a mouse genome navigator for exploring intersubspecific genetic polymorphisms. *Mamm Genome* 26, 331-337.

Oka, A., Takada, T., Fujisawa, H., and Shiroishi, T. (2014). Evolutionarily diverged regulation of X-chromosomal genes as a primal event in mouse reproductive isolation. *PLoS Genet* 10, e1004301.

Mammalian Genetics Laboratory 哺乳動物遺伝研究室

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/shiroishi>

Shiroishi Group 城石研究室



SHIROISHI, Toshihiko
Professor
城石俊彦 教授



TAKADA, Toyoyuki
Assistant Professor
高田豊行 助教

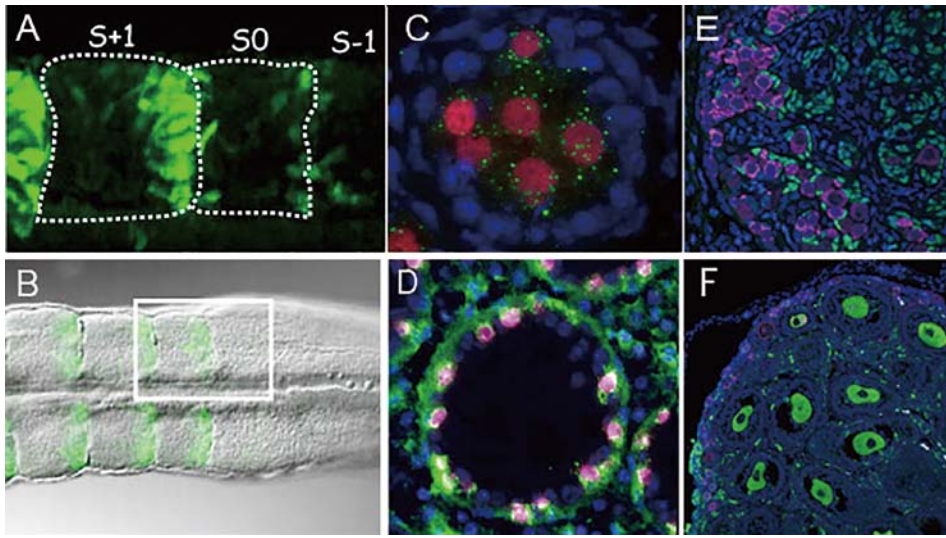


AMANO, Takanori
Assistant Professor
天野孝紀 助教



Developmental genetic studies using gene engineering technology in mice

マウス発生工学を用いた発生分化機構の解析



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週目の精細管。E. 生後直後の卵巣切片。生殖細胞（マゼンタ）は体細胞（緑）に囲まれたシストとして存在する。F. 生後12日目の卵巣切片。シストは崩壊して原始卵胞は活性化（緑）し卵子として成長する。原始卵胞活性化機構の解明を目指している。

(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. (E-F) Sections of ovaries at birthday (E) and 12 days after birth (F). We are interested in the mechanism of primordial follicle activation (green in F) after cyst (magenta in E) breakdown.

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、中胚葉形成機構、生殖細胞の性決定機構、また精子形成、卵子形成を支配するRNA制御機構の解明を目指しています。最近ではクリスパーを用いた遺伝子改変技術を用いて、多くの有用マウスを作製し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。

We aim to elucidate molecular mechanisms involved in several developmental processes. Major targets are mesoderm tissues and germ cell development; sexual fate decision, spermatogenesis and oogenesis. We like to understand mechanisms how germ cells chose two alternative pathways to form sperm or oocyte. For the functional analyses, we use Cas9-mediated gene editing technology to facilitate mutant mouse production.

Selected Publications

Wu, Q., Fukuda, K., Kato, Y., Zhou, Z., Deng, C.X., and Saga, Y. (2016). Sexual fate change of XX germ cells caused by the deletion of SMAD4 and STRA8 independent of somatic sex reprogramming. *PLoS Biol* 14, e1002553.

Kato, Y., Katsuki, T., Kokubo, H., Masuda, A., and Saga, Y. (2016). Dazl is a target RNA suppressed by mammalian NANOS2 in sexually differentiating male germ cells. *Nat Commun* 7, 11272.

Suzuki, A., Niimi, Y., Shinmyozu, K., Zhou, Z., Kiso, M., and Saga, Y. (2016). Dead end1 is an essential partner of NANOS2 for selective binding of target RNAs in male germ cell development. *EMBO Rep* 17, 37-46.

Mammalian Development Laboratory 発生工学研究室

Saga Group 相賀研究室



SAGA, Yumiko
Professor
相賀裕美子 教授



KATO, Yuzuru
Assistant Professor
加藤 譲 助教



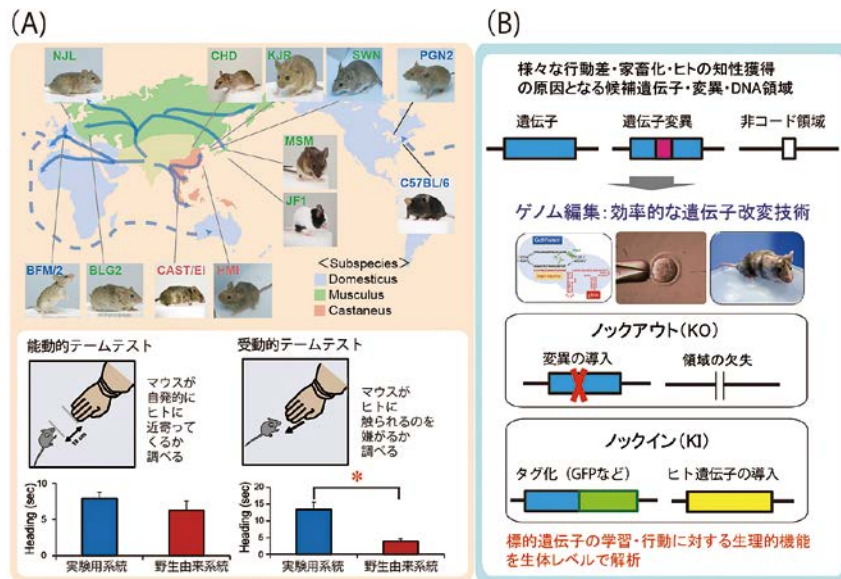
AJIMA, Rieko
Assistant Professor
安島理恵子 助教

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/saga>



Behavioral genetics using wild-derived mouse strains

野生由来マウスを用いた行動遺伝学



生物の個体差をもたらす遺伝的機構の多くは未だ解明されていません。私たちは、世界各地から捕獲された野生由来マウス系統を用い、様々な行動の多様性を生み出すメカニズムの解明に取り組んでいます。野生由来の近交系統は、特徴的な行動を示し、顕著な系統差を示すことから、行動遺伝学研究に有用です。加えて、ゲノム編集技術を用いた効率的な遺伝子改変動物の開発にも取り組んでいます。これらを駆使することで、行動の多様性に関わる遺伝子を同定し、その機能を分子、細胞、更には神経レベルで明らかにすることを目指しています。

The genetic basis for individual differences in complex traits is still unclear. In order to clarify the mechanisms related to behavioral diversity, we are using a series of wild-derived mouse strains. Wild derived strains exhibit a prominent degree of wildness and phenotypic diversity among them. We are also developing efficient genome editing methodologies in rodents with CRISPR/Cas9. We are identifying genes related to behavioral diversity using these tools, and are aiming to understand the role of these genes in the molecular, cellular, and neural mechanisms that underlie this behavioral diversity.

Selected Publications

Yoshimi, K., Kunihiro, Y., Kaneko, T., Nagahora, H., Voigt, B., and Mashimo, T. (2016). ssODN-mediated knock-in with CRISPR-Cas for large genomic regions in zygotes. *Nat Commun* 7, 10431.

Hirata, H., Takahashi, A., Shimoda, Y., and Koide, T. (2016). Caspr3-deficient mice exhibit low motor learning during the early phase of the accelerated rotarod task. *PLoS One* 11, e0147887.

Takahashi, A., Lee, R.X., Iwasato, T., Itohara, S., Arima, H., Bettler, B., Miczek, K.A., and Koide, T. (2015). Glutamate input in the dorsal raphe nucleus as a determinant of escalated aggression in male mice. *J Neurosci* 35, 6452-6463.

Mouse Genomics Resource Laboratory マウス開発研究室

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/koide>

Koide Group 小出研究室

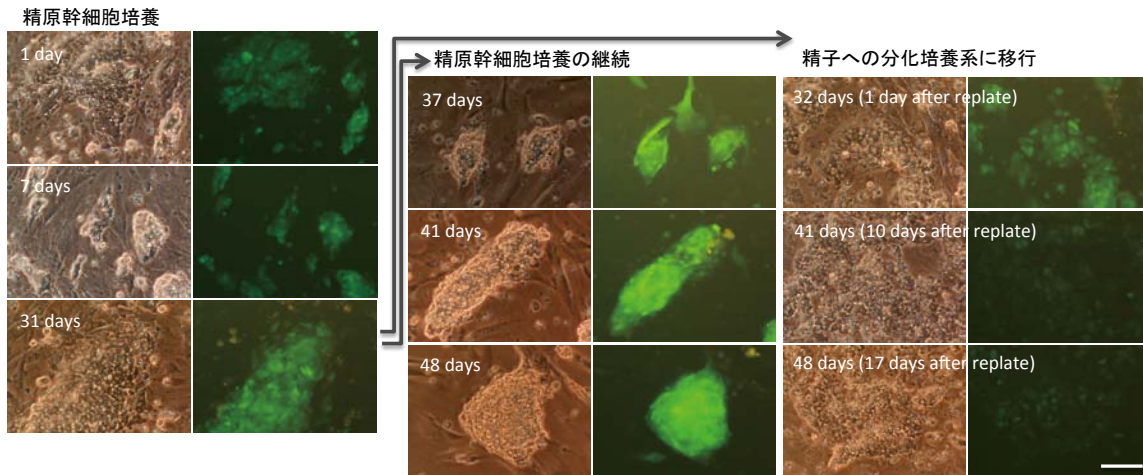


KOIDE, Tsuyoshi
Associate Professor
小出 剛 准教授



Analyses of regulatory mechanisms in zebrafish germ cells

ゼブラフィッシュを用いた生殖細胞制御機構の解析



精原幹細胞で緑色蛍光タンパクを発現する系統を用いた精原幹細胞-精子の細胞培養。精原幹細胞培養系では精原幹細胞が増殖するのに対して（左および中央パネル）、精子への分化培養系では精原幹細胞が機能的精子へと分化していく（右パネル）。

Propagation and differentiation of spermatogonial stem cells (SSCs) in culture. SSCs that express green fluorescent protein grow in propagation culture (left and middle panels), while they differentiate into sperm in differentiation culture (the right panel).

精子形成は精原幹細胞の自己再生と分化によって維持され、分化した精原細胞は細胞架橋でつながったシスト分裂により増幅した後、減数分裂を経て機能的な精子へと分化します。こうした複雑な過程を制御する因子の解析に細胞培養系は有用な方法となります。私たちは、ゼブラフィッシュを用いて精原幹細胞の自己再生から機能的精子までの精子形成全過程を再現する細胞培養系を確立しました。Forward geneticsによる精子形成異常変異体を組み合わせて、脊椎動物に普遍的な精子形成の制御因子の解明を進めています。

Spermatogenesis is characterized by sequential transitions of multiple processes: self-renewal of spermatogonial stem cells, mitotic growth of differentiating spermatogonia, and meiosis leading to the production of sperm. Molecular dissection of these complex processes and transitions could be facilitated by cell culture approaches. We have developed techniques to recapitulate the entire spermatogenesis process, from stem cell propagation to differentiation of functional sperm, solely in culture. In addition, 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 both *in vivo* and *in vitro*.

Selected Publications

Kawasaki, T., Siegfried, K.R., and Sakai, N. (2016). Differentiation of zebrafish spermatogonial stem cells to functional sperm in culture. *Development* 143, 566-574.

Saito, K., Sakai, C., Kawasaki, T., and Sakai, N. (2014). Telomere distribution pattern and synapsis initiation during spermatogenesis in zebrafish. *Dev Dyn* 243, 1448-1456.

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.

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

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/sakai>

Sakai Group 酒井研究室



SAKAI, Noriyoshi
Associate Professor
酒井則良 准教授

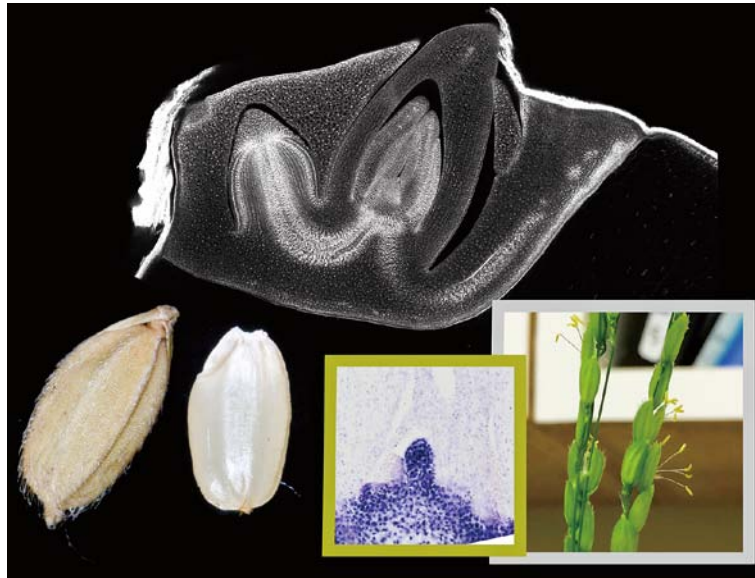


KAWASAKI, Toshihiro
Assistant Professor
河崎敏広 助教



Molecular genetics of plant embryogenesis

イネ分子遺伝学による植物初期発生機構の解明



写真上段：共焦点レーザー蛍光顕微鏡観察によるイネ胚（完熟胚）の中央断面。
写真下段：左から、イネ籾、コメ（左上に胚がある）、茎頂分裂組織のマーカーとなるOSH1タンパクを検出した免疫染色、実験室内で開花したイネの花。

Upper panel: mature rice embryo observed by confocal laser scanning microscope.
Lower panels from left: rice grain, brown rice, immunohistochemical staining of a marker of undifferentiated stem cells in the shoot apical meristem in rice (OSH1), rice flowers.

穀類モデル植物であるイネを主な実験材料にして、植物初期発生の分子基盤についての研究を進めています。突然変異系統など多様なイネ遺伝資源を活用して、受精後の植物胚における、頂部－基部また背－腹といった軸形成や器官分化の遺伝的制御機構の解明に取り組んでいます。また、イネだけでなくイネ属、イネ科植物を用いた比較ゲノム解析から、発生過程やその制御機構の可塑性の分子基盤とゲノム進化機構の解明を目指しています。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。

The goal of our research is to elucidate the mechanism of plant embryogenesis. We are focusing on processes of the patterning of apical-basal or dorsal-ventral axis formation, and the organogenesis during early stages of rice embryogenesis. We are taking a molecular genetic approach using a series of rice embryogenesis defective mutants as well as comparative embryology and genomics approaches in grass species. 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.

Selected Publications

Suzuki, M., Sato, Y., Wu, S., Kang, B.H., and McCarty, D.R. (2015). Conserved functions of the MATE transporter BIG EMBRYO 1 in regulation of lateral organ size and initiation rate. *Plant Cell* 27, 2288-2300.

Ishiwata, A., Ozawa, M., Nagasaki, H., Kato, M., Noda, Y., Yamaguchi, T., Nosaka, M., Shimizu-Sato, S., Nagasaki, A., Maekawa, M., Hirano, H.Y., and Sato, Y. (2013). Two WUSCHEL-related homeobox Genes, narrow leaf2 and narrow leaf3, control leaf width in rice. *Plant Cell Physiol* 54, 779-792.

Nosaka, M., Itoh, J., Nagato, Y., Ono, A., Ishiwata, A., and Sato, Y. (2012). Role of transposon-derived small RNAs in the interplay between genomes and parasitic DNA in rice. *PLoS Genet* 8, e1002953.

Plant Genetics Laboratory 植物遺伝研究室

Sato Group 佐藤研究室



SATO, Yutaka
Professor
佐藤 豊 教授



SUZUKI, Toshiya
Assistant Professor
鈴木俊哉 助教



TAKAHASHI (NOSAKA), Misuzu
Assistant Professor
高橋(野坂)実鈴 助教

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/sato>



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

モデル単細胞を使った細胞分裂の遺伝制御メカニズム



ジャポニカス分裂酵母の菌糸型細胞。核を緑色蛍光タンパク質で、細胞質を赤色蛍光タンパク質で識別した。

Hyphal cells of *Schizosaccharomyces japonicus*. Green fluorescent protein indicates nuclei and red fluorescent protein indicates cytosolic region.

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、染色体の折れたたみ、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おり、酵母から菌糸に転換する遺伝的制御が次々と明らかになってきています。

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

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

Bacteria and yeasts are suitable model organisms to understand the fundamental mechanisms on cell proliferation. Our laboratory studies the mechanisms behind chromosome and 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. Novel genetic system has been elucidated by recent our works.

Selected Publications

Niki, H., and Yano, K. (2016). In vitro topological loading of bacterial condensin MukB on DNA, preferentially single-stranded DNA rather than double-stranded DNA. *Sci Rep* 6, 29469.

Aoki, K., Furuya, K., and Niki, H. (2016). *Schizosaccharomyces japonicus*: a distinct dimorphic yeast among the fission yeast. *CSHL Protocol* doi:10.1101/pdb.top082651.

Monteiro, D.C., Patel, V., Bartlett, C.P., Nozaki, S., Grant, T.D., Gowdy, J.A., Thompson, G.S., Kalverda, A.P., Snell, E.H., Niki, H., Pearson, A.R., and Webb, M.E. (2015). The structure of the PanD/PanZ protein complex reveals negative feedback regulation of pantothenate biosynthesis by coenzyme A. *Chem Biol* 22, 492-503.

Microbial Genetics Laboratory 原核生物遺伝研究室

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/niki>

Niki Group 仁木研究室



NIKI, Hironori
Professor
仁木宏典 教授

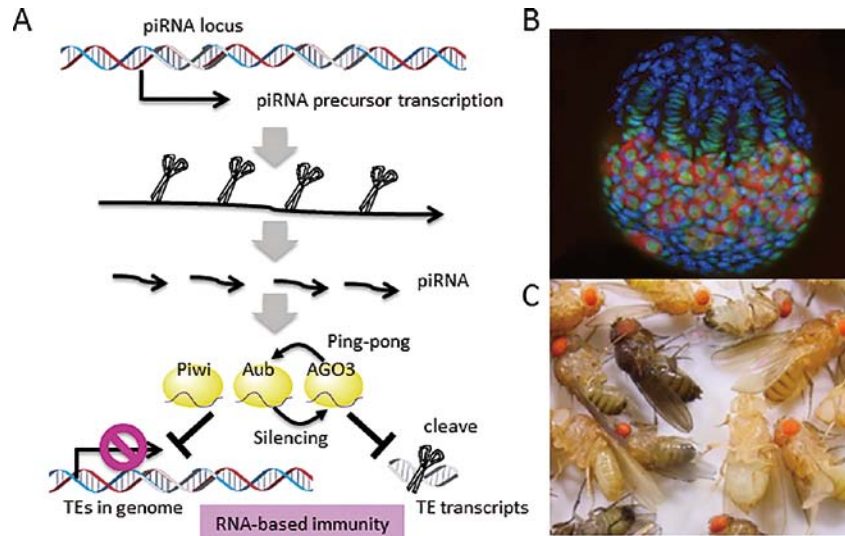


AOKI, Keita
Assistant Professor
青木敬太 助教



The mechanisms of transposon regulation in *Drosophila*

ショウジョウバエにおけるトランスポゾン制御のメカニズム



(A) piRNAによるショウジョウバエ転移因子制御機構の概要 (B) 卵巣性体細胞とVasa遺伝子を発現する生殖細胞(赤)におけるPiwi(緑)の発現 (C) ナショナルバイオリソースプロジェクトの一員として管理、供給しているハ工系統群
 (A) Schematic representation of piRNA-mediated TE silencing system in *Drosophila*. (B) Piwi (Green) is expressed in ovarian somatic cells and Vasa-positive (Red) germ cells. (C) Fly strains we are maintaining and providing under the National Bioresource Project.

真核生物ゲノムの膨大な領域を占める転移因子(トランスポゾン)は、ゲノム進化に重要な役割を果たしてきました。しかし、どのようにして転移因子が転移因子として識別され、制御されているかは不明です。私たちの研究室ではモデル動物ショウジョウバエを用いてこの問題を分子レベルで解き明かします。特に、piRNA経路、クロマチン制御、生殖細胞の発生過程を主な研究対象とし、分子生物学、情報科学、更に私たちが管理する強力な遺伝子資源(NIG-Fly)を活用した遺伝学を駆使することで転移因子の制御機構に迫る予定です。

Transposable elements (TEs) occupy a large proportion of many eukaryotic genomes and play beneficial effects for the evolution of organisms. However, we do not have a clear understanding of how individual TEs are recognized and regulated in cells. Our laboratory is interested in molecular mechanisms on epigenetic regulations of TEs in *Drosophila*. To understand them, we are engaged in studying the piRNA pathways, chromatin regulation and germ line development using biochemical and high-throughput technologies, and genetic tools which are managed and distributed by genetic resources project (NIG-Fly).

Selected Publications

Iwasaki, Y.W., Murano, K., Ishizu, H., Shibuya, A., Iyoda, Y., Siomi, M.C., Siomi, H., and Saito, K. (2016). Piwi modulates chromatin accessibility by regulating multiple factors including histone H1 to repress transposons. *Mol Cell* 63, 408-419.

Shibata, N., Kashima, M., Ishiko, T., Nishimura, O., Rouhana, L., Misaki, K., Yonemura, S., Saito, K., Siomi, H., Siomi, M.C., and Agata, K. (2016). Inheritance of a nuclear PIWI from pluripotent stem cells by somatic descendants ensures differentiation by silencing transposons in planarian. *Dev Cell* 37, 226-237.

Ohtani, H., Iwasaki, Y.W., Shibuya, A., Siomi, H., Siomi, M.C., and Saito K. (2013). DmGTSF1 is necessary for Piwi-piRISC-mediated transcriptional transposon silencing in *Drosophila*. *Genes Dev* 27, 1656-1661.

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

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/saito>

Saito Group 齋藤研究室



SAITO, Kuniaki
Professor
齋藤都暁 教授



KONDO, Shu
Assistant Professor
近藤 周 助教



Research on utilization of biological resource and database

遺伝資源情報の利用とデータベースに関する研究



ナショナルバイオリソースプロジェクトの情報公開サイト。国内で提供されている様々な生物資源の情報を集約している。各リソースへのリンクの他、統合検索の機能を備える。
National BioResource Project web portal. Information of biological resources provided in Japan can be obtained.

生命科学分野では、ゲノム解読やゲノム編集をはじめとする革新的な技術をベースに、日々新たな成果が生まれています。それらの基盤となるのがバイオリソースでありデータベースです。本研究室では、日本で進められているバイオリソースやデータベースの整備プロジェクトに貢献するとともに、遺伝医療を中心にリソースやデータベースを社会に役立てるための研究を行います。

ナショナルバイオリソースプロジェクト <http://www.nbrp.jp/>
 ライフサイエンス統合データベースセンター <http://dbcls.rois.ac.jp/>

In the field of life science, innovative technologies such as genome sequencing and genome editing give rise to new findings day after day. In order to advance research and facilitate new findings, the effective utilization of bio-resources and databases play a critical role. Our laboratory has been working in research and development of databases and information retrieval system for the National Bio-Resource Project (NBRP) and integrated database project for life science. We are continuing to improve the quality of databases and study to make use of biological resources.

Selected Publications

Katayama, T., Wilkinson, M.D., Aoki-Kinoshita, K.F., Kawashima, S., Yamamoto, Y., Yamaguchi, A., Okamoto, S., Kawano, S., Kim, J.D., Wang, Y., Wu, H., Kano, Y., Ono, H., Bono, H., Kocbek, S., Aerts, J., Akune, Y., Antezana, E., Arakawa, K., Aranda, B., Baran, J., Bolleman, J., Bonnal, R.J., Buttigieg, P.L., Campbell, M.P., Chen, Y.A., Chiba, H., Cock, P.J., Cohen, K.B., Constantin, A., Duck, G., Dumontier, M., Fujisawa, T., Fujiwara, T., Goto, N., Hoehndorf, R., Igarashi, Y., Itaya, H., Ito, M., Iwasaki, W., Kalaš, M., Katoda, T., Kim, T., Kokubu, A., Komiyama, Y., Kotera, M., Laibe, C., Lapp, H., Lütteke, T., Marshall, M.S., Mori, T., Mori, H., Morita, M., Murakami, K., Nakao, M., Narimatsu, H., Nishide, H., Nishimura, Y., Nystrom-Persson, J., Ogishima, S., Okamura, Y.,

Okuda, S., Oshita, K., Packer, N.H., Prins, P., Ranzinger, R., Rocca-Serra, P., Sansone, S., Sawaki, H., Shin, S.H., Splendiani, A., Strozzi, F., Tadaka, S., Toukach, P., Uchiyama, I., Urnezaki, M., Vos, R., Whetzel, P.L., Yamada, I., Yamasaki, C., Yamashita, R., York, W.S., Zmasek, C.M., Kawamoto, S., and Takagi, T. (2014). BioHackathon series in 2011 and 2012: penetration of ontology and linked data in life science domains. *J biomed semantics* 5, 5.
 Kawamoto, S., and Bono, H. (2008). Portal services of life science database project in Japan. *Tanpakushitsu kakusan koso* 53, 281-287.

Kawamoto Group 川本研究室

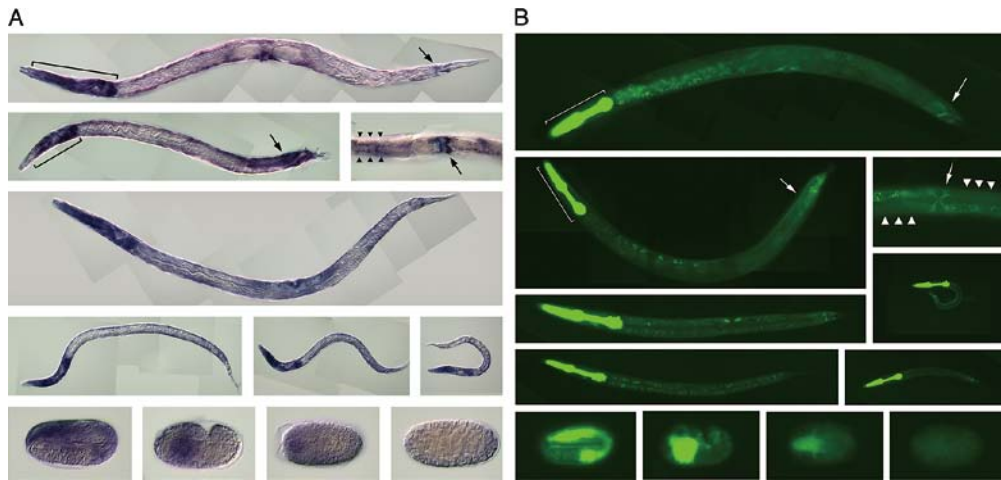


KAWAMOTO, Shoko
Associate Professor
川本祥子 准教授



Reverse genetic analysis of gene regulatory system in *C. elegans*

逆遺伝学による線虫遺伝子制御システムの解析



(A) 開発した whole-mount *in situ* hybridization 法による全発生時期を通じた *mir-1* miRNA 発現パターン。(B) *mir-1* 遺伝子プロモーターによる GFP 発現パターン。これら的一致は、*mir-1* miRNA が転写後生成過程での発現調節を受けないことを示す。

(A) The expression patterns of *mir-1* miRNA detected by a whole-mount *in situ* hybridization method that we developed. (B) The expression patterns of a *mir-1* promoter::GFP reporter transgene. The coincidence between the expression patterns indicates the absence of post-transcriptional regulation of the miRNA during biogenesis.

線虫 *Caenorhabditis elegans* は、多細胞動物で最初にゲノム配列が決定され、発現遺伝子が網羅された生物です。遺伝子配列より遺伝子機能を探る逆遺伝学には必須である遺伝子発現細胞の検出や、遺伝子変体の作製も容易に行えます。こうした特徴を生かして、遺伝子制御システムの解明を目指しています。遺伝子発現の転写後調節因子である microRNA を研究対象に、機能解析に役立つ新規方法を開発し、発現調節を受ける標的遺伝子の特定と、その調節がもたらす生理機能の解析を進めています。

Caenorhabditis elegans is the first multicellular organism whose entire genome sequence has been determined, and its transcriptome has been extensively investigated. In addition, easy ways are available to determine gene expression patterns and to generate gene-modified strains, which are necessary for reverse genetic analysis. Based on these features, we aim at elucidating gene regulatory system. We study microRNAs (miRNAs), which serve as post-transcriptional regulators of gene expression. Our approaches are to develop novel methods for functional analysis, to identify target genes, and to unravel the physiological roles of miRNAs.

Selected Publications

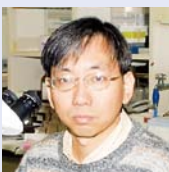
Andachi, Y., and Kohara, Y. (2016). A whole-mount *in situ* hybridization method for microRNA detection in *Caenorhabditis elegans*. *RNA* 22, 1099-1106.

Hamashima, K., Mori, M., Andachi, Y., Tomita, M., Kohara, Y., and Kanai, A. (2015). Analysis of genetic code ambiguity arising from nematode-specific misacylated tRNAs. *PLoS One* 10, e0116981.

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.

Genome Biology Laboratory 生物遺伝資源情報研究室

Andachi Group 安達研究室



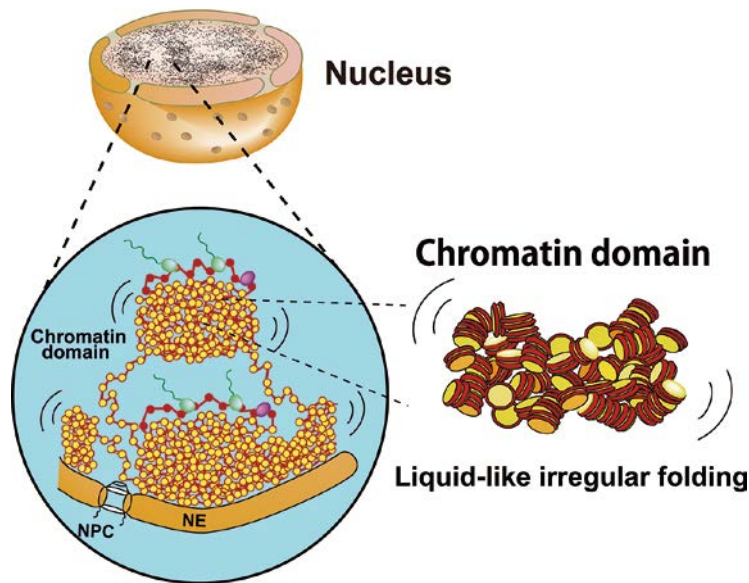
ANDACHI, Yoshiki
Assistant Professor
安達佳樹 助教

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/andachi>



3D-organization and dynamics of human genome chromatin

ゲノムクロマチンの折り畳み構造とダイナミクス



ヌクレオソーム線維（10-nm線維）は細胞の核内でとても不規則な形で折り畳まれ、ドメインを形成している。クロマチンは「液体」のようにふるまう、規則性を持つ大きな構造に比べて、物理的な束縛が少なく、より動きやすい。NPC, 核膜孔; NE, 核膜

Chromatin consists of irregularly folded 10-nm fibers and forms numerous chromatin domains in the cell nuclei. Chromatin dynamically behaves like "liquid". NPC, nuclear pore complex; NE, nuclear envelope.

本研究室では、「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読み出されるのか？」を研究しています。最近、細胞内のクロマチンがとても不規則な形で柔軟に折り畳まれていることを発見しました。今後、この知見を、遺伝子発現、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きます。1分子イメージング、超解像顕微鏡イメージング、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ます。

Our research interest is to know how a long string of genomic DNA is three-dimensionally organized in the cell, and how the genome is read out for cellular proliferation, differentiation and development. For this purpose, we are using a unique combination of molecular cell biology and biophysics, such as single molecule imaging, superresolution imaging, X-ray scattering and computational simulation.

Selected Publications

Maeshima, K., Ide, S., Hibino, K., and Sasai, M. (2016). Liquid-like behavior of chromatin. *Curr Opin Genet* 37, 36-45.

Maeshima, K., Rogge, R., Tamura, S., Joti, Y., Hikima, T., Szerlong, H., Krause, C., Herman, J., Seidel, E., DeLuca, J., Ishikawa, T., and Hansen, J.C. (2016).

Nucleosomal arrays self-assemble into supramolecular globular structures lacking 30-nm fibers. *EMBO J* 35, 1115-1132.

Sasaki, A., Ide, S., Kawamoto, Y., Bando, T., Murata, Y., Shimura, M., Yamada, K., Hirata, A., Nokihara, K., Hirata, T., Sugiyama, H., and Maeshima, K. (2016). Telomere Visualization in Tissue Sections using Pyrrole-Imidazole Polyamide Probes. *Sci Rep* 6, 29261.

Biological Macromolecules Laboratory 生体高分子研究室

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/maeshima>

Maeshima Group 前島研究室



MAESHIMA, Kazuhiro
Professor
前島一博 教授



IDE, Satoru
Assistant Professor
井手 聖 助教

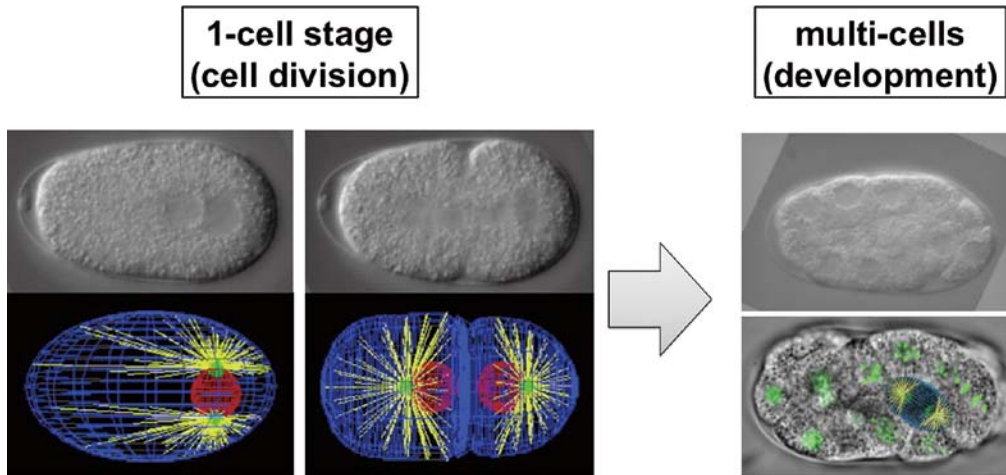


HIBINO, Kayo
Assistant Professor
日比野佳代 助教



Understanding cell architecture through quantification and modeling

細胞建築学：定量計測とモデル構築をととして細胞構造を理解する



我々が製作した定量的模型。(左) 線虫1細胞期の細胞分裂。(右) 異なる発生ステージにおける紡錘体構造の伸長モデル。上側が実際の細胞の顕微鏡像で、下側が我々の模型を表しています。

Our quantitative models on cell division at 1-cell stage (left) and on spindle elongation at different developmental stages (right) in *C. elegans*. The upper panels show actual *C. elegans* embryos and the lower panels show our models.

細胞は生命の最小単位であると同時に、自然が作り上げたみごとなた建築物です。「どのようにして多くの小さな分子があつまって、細胞という調和のとれた構造体ができあがるのか？」この問いに答えるために、我々は細胞の3次元の構造とその時間軸に伴う動きを再現し予測する「4次元模型」の製作を行っています。細胞建築研究室では現在、細胞核と染色体が細胞内の適切な位置に配置するしくみに注目しています。細胞骨格がもたらす力が、核や染色体、細胞質にどのように作用して細胞が建築されるかを理解することを目指しています。

Cells are the minimal unit of life, and are beautiful architecture in nature. One big mystery in cell biology is ‘how a huge number of tiny macromolecules assemble into a cell with organized and dynamic structure?’ To tackle this question, we are constructing quantitative 4-dimensional models of Cell Architecture. Our primary focus is on the intracellular positioning of the nucleus and chromosomes. Through our study, we aim to understand the mechanics of the nucleus, chromosomes, and the cytoplasm, as well as the force generated by the cytoskeletons.

Selected Publications

Kimura, K., Mamane, A., Sasaki, T., Sato, K., Takagi, J., Niwayama, R., Hufnagel, L., Shimamoto, Y., Joanny, J.-F., Uchida, S., and Kimura, A. (2017). Endoplasmic reticulum-mediated microtubule alignment governs cytoplasmic streaming. *Nat Cell Biol*, doi: 10.1038/ncb3490.

Niwayama, R., Nagao, H., Kitajima, T.S., Hufnagel, L., Shinohara, K., Higuchi, T., Ishikawa, T., and Kimura, A. (2016). Bayesian inference of forces causing cytoplasmic streaming in *Caenorhabditis elegans* embryos and mouse oocytes. *PLoS One* 11, e0159917.

Tanimoto, H., Kimura, A., and Minc, N. (2016). Shape-motion relationships of centering microtubule asters. *J Cell Biol* 212, 777-787.

Cell Architecture Laboratory 細胞建築研究室

Kimura Group 木村研究室

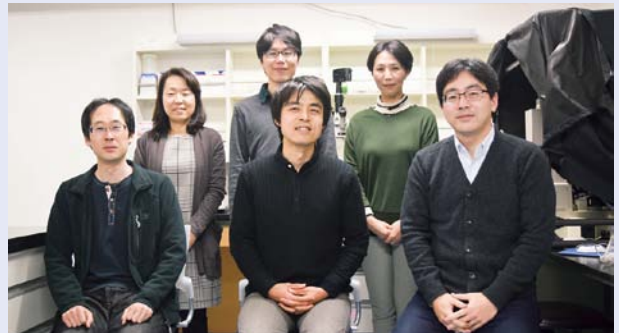


KIMURA, Akatsuki
Professor
木村 暁 教授



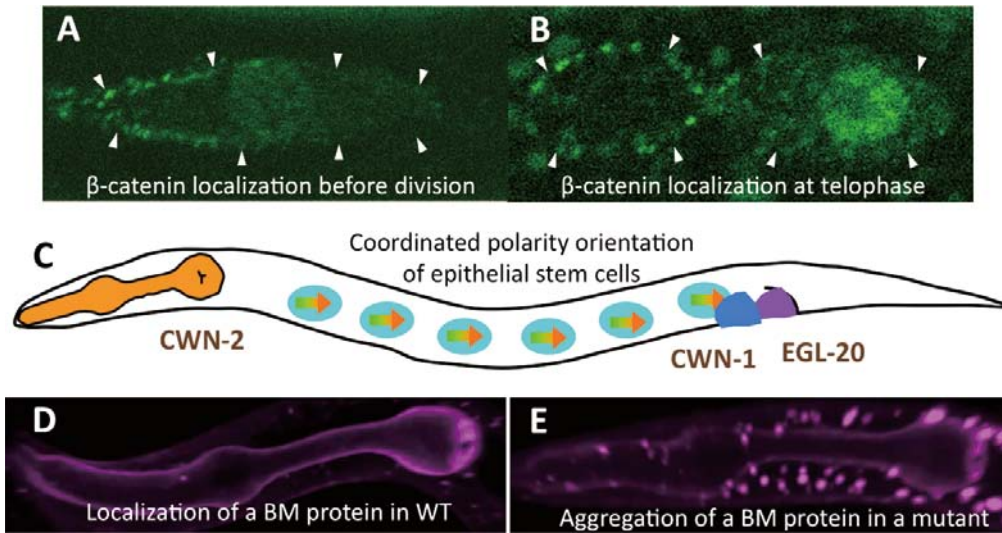
KIMURA, Kenji
Assistant Professor
木村健二 助教

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/kimura>



Developmental cell biology using *C. elegans*

線虫を用いた発生細胞生物学



非対称分裂前 (A)、分裂終期 (B) での β カテニンの非対称な局在。矢頭は細胞の輪郭。(C) 表皮幹細胞 (水色) の極性方向 (矢印) は三種類の Wnt 分子 (CWN-1, CWN-2, EGL-20) によって冗長的に制御されている。野生型 (D) と新規変異体 (E) の咽頭における基底膜蛋白の局在。変異体では蛋白が凝集し分泌されない。

Asymmetric localization of β -catenin before (A) and at telophase (B) of asymmetric division. Arrowheads indicate cell boundary. (C) Polarity orientation (arrows) of epithelial stem cells (light blue) is redundantly controlled by three Wnt molecules (CWN-1, CWN-2, EGL-20). Localization of a basement membrane protein in pharynx in wild type (D) and a mutant (E). In the mutant, the protein forms aggregation.

体が透明な線虫 *C. elegans* は細胞レベルでの研究に最適です。線虫を構成する多様な細胞は非対称分裂によって作られます。分裂時に β カテニンなどを非対称に局在させて異なる娘細胞を作ります。同様な局在はマウスの幹細胞でも観察されています。この局在は同じ方向性を持っているので、全ての細胞は前後の方向を知っています。どのように細胞が方向を知り、非対称に分裂し、娘細胞間で異なる遺伝子を発現して特異的な運命を獲得しているのか研究しています。また、基底膜成分の分泌や細胞浸潤の機構についても研究しています。

Asymmetric cell division that produces daughter cells with distinct cell fates is a fundamental mechanism by which cellular diversity is produced. Most cells in *C. elegans* have the same anterior-posterior polarity in terms of localizations of Wnt signaling components such as β -catenin, and divide asymmetrically to produce a variety of cell types. We are studying how each cell knows the correct orientation, how it divides asymmetrically and how the daughter cells acquire specific cell fates. We are also studying mechanisms of cell invasion and secretion of basement membrane proteins.

Selected Publications

Ihara, S., Nakayama, S., Murakami, Y., Suzuki, E., Asakawa, M., Kinoshita, T., and Sawa, H. (2017). PIGN prevents protein aggregation in the endoplasmic reticulum independently of its function in the GPI synthesis. *J Cell Sci* 130, 602-613.

Sugioka, K., Mizumoto, K., and Sawa, H. (2011). Wnt regulates spindle asymmetry to generate asymmetric nuclear β -catenin *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 Genet* 7, e1002308.

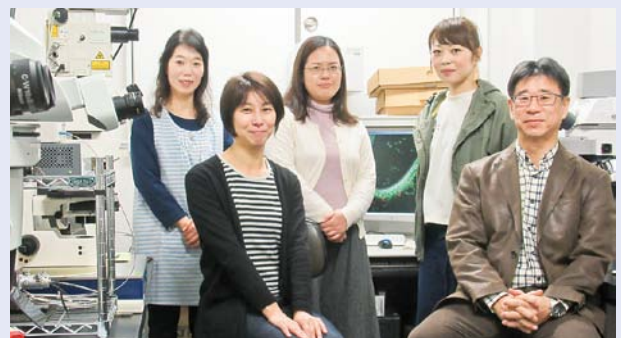
Multicellular Organization Laboratory 多細胞構築研究室

Sawa Group 澤 研究室



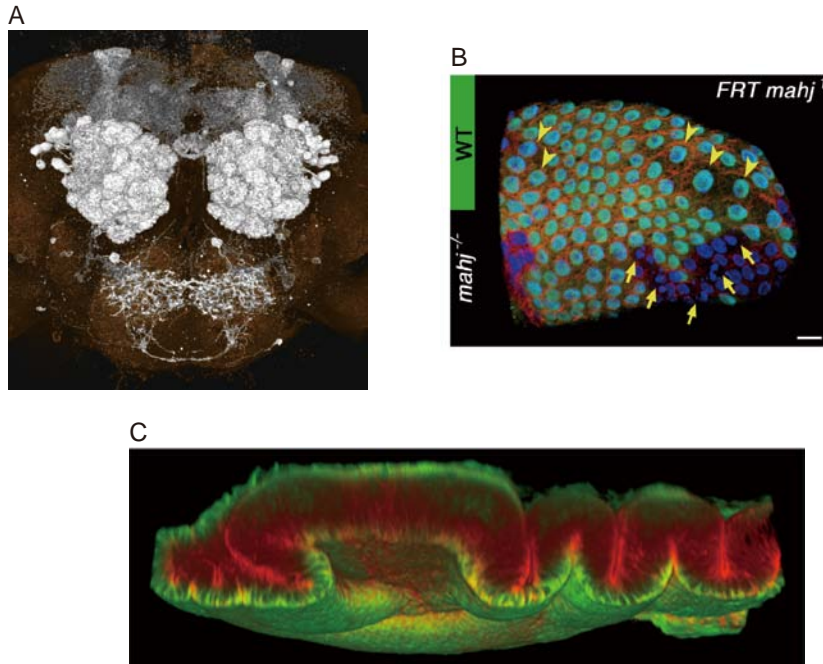
SAWA, Hitoshi
Professor
澤 齊 教授

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/sawa>



Studies on cell structure – function relation using *Drosophila* molecular genetics

ショウジョウバエ分子遺伝学を用いた細胞機能–構造連関の研究



(A) 特定のニューロンを遺伝学的に標識したショウジョウバエ脳。(B) 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)。(C) 腫瘍形成のモデルとなる成虫原基上皮組織。

(A) Genetically labeled neurons in a *Drosophila* brain. (B) 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. (C) Imaginal disc epithelium, a model for studies on tumorigenesis.

当研究室では組織内における細胞の機能発現と細胞構造との関係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、分子遺伝学の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。現在、「神経回路の形成と機能発現機構」および「組織の恒常性維持とその破綻による腫瘍形成機構」のテーマを中心に研究を進めています。

Our laboratory is interested in relation of cellular fine structures and their functions in tissue organization. We are studying the molecular networks on cellular fine structures involved in various cell activities by molecular genetics and various imaging techniques, using a model animal, *Drosophila melanogaster*. Currently we are addressing the following issues; 1. Development and function of neural networks, 2. homeostasis of tissue organization and its impairment causing tumor generation.

Selected Publications

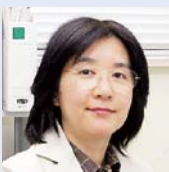
Tamori, Y., Suzuki, E., and Deng, W.M. (2016). Epithelial tumors originate in tumor hotspots, a tissue-intrinsic microenvironment. *PLoS Biol* 14, e1002537.

Tamori, Y., and Deng, W.M. (2014). Compensatory cellular hypertrophy: the other strategy for tissue homeostasis. *Trends Cell Biol* 24, 230-237.

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 cellintrinsic program during neuronal differentiation. *Dev Biol* 366, 204-217.

Gene Network Laboratory 遺伝子回路研究室

Suzuki Group 鈴木研究室



SUZUKI, Emiko
Associate Professor
鈴木えみ子 准教授



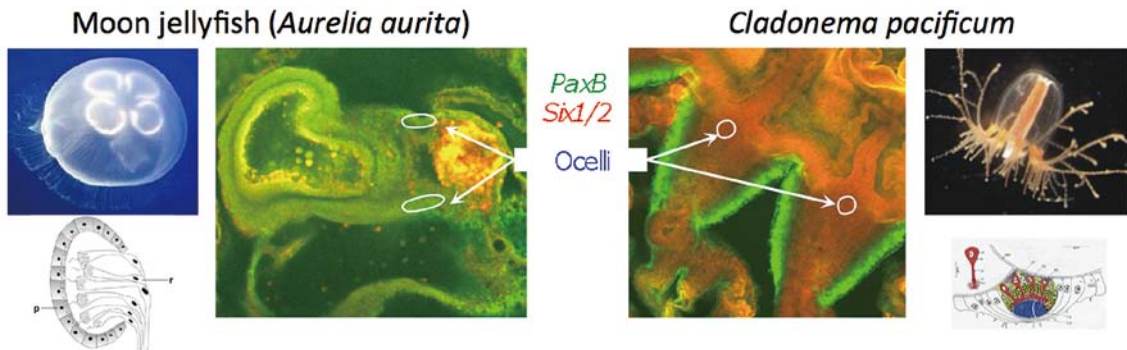
TAMORI, Yoichiro
Assistant Professor
田守洋一郎 助教

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/suzuki>



Study for molecular evolution using genome sequence and gene expression

ゲノム配列と遺伝子発現からみた分子進化学



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。

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.

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、動物や細菌など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用いた様々な研究を行っています。特に(1)メタゲノム解析を用いた微生物の多様性と環境ダイナミクスの解明、(2)中枢神経系や感覚器の起源と進化に伴う遺伝子ネットワーク変化の解明、(3)ヒドラ-緑藻間の細胞内共生の分子機構の解明とその進化的意義、(4)データ解析による疾患原因遺伝子の探索と疾患モデルの構築、(5)情報科学を用いた大規模データ解析システムの開発と知識発見に力を注いで研究を行っております。

We have studied the evolutionary process for acquisition of novel phenotypic characters by comparative genomics and molecular evolutionary approaches, using various materials such as an animals or bacteria. 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 mechanism of endosymbiosis between hydra and algae and its evolutionary significance, (4) Study of disease causal gene and gene model of disease, (5) Knowledge finding and system development for big data in life science.

Selected Publications

Shenton, M., Iwamoto, C., Kurata, N., and Ikeo, K. (2016). Effect of wild and cultivated rice genotypes on rhizosphere bacterial community composition. *Rice* (N Y) 9, 42.

Ishikawa, M., Yuyama, I., Shimizu, H., Nozawa, M., and Ikeo, K., and Gojobori, T. (2016). Different endosymbiotic interactions in two hydra species reflect the evolutionary history of endosymbiosis. *Genome Biol Evol* 8, 2155-2163.

Gojobori, T., Ikeo, K., Katayama, Y., Kawabata, T., Kinjo, A.R., Kinoshita, K., Kwon, Y., Migita, O., Mizutani, H., Muraoka, M., Nagata, K., Omori, S., Sugawara, H., Yamada, D., and Yura, K. (2016). VaProS: a database-integration approach for protein/genome information retrieval. *J Struct Funct Genomics* 17, 69-81.

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

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/ikeo>

Ikeo Group 池尾研究室

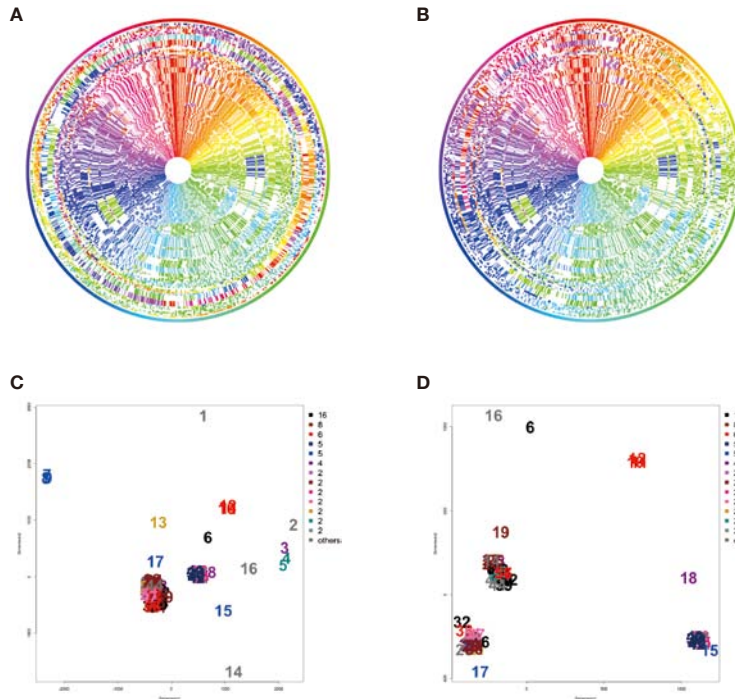


IKEO, Kazuho
Associate Professor
池尾一穂 准教授



Finding the link between metabolic variation and evolution

生物界における代謝の多様性と進化の関係を解き明かす



ピロリ菌73株の全ゲノム比較と多次元尺度法 (MDS) プロット。a. 21 株のゲノムを回転して揃える前。b. 揃えた後。c. 回転させる前の MDS プロット。色は研究グループを示す。d. 回転させた後の MDS プロット。大きく3グループに分かれる。
Circular view of 73 *Helicobacter pylori* strains and their MDS plot. a. Before rotation of the outmost 21 genomes. b. After rotation. c. MDS plot of before the rotation. Colors indicate research groups. d. MDS plot of after the rotation. Three large groups are found. (Figure from the article Tada *et al.* 20175 [open access])

主なテーマはゲノミクスとメタボロミクス (代謝 ‘metabolism’ からきた言葉です) による代謝ネットワークの解析です。計算機による解析の対象とする生物種は幅広く、乳酸菌や微細藻類から、後生動物まで扱います。様々な代謝物がどのように生成され利用されるのかを、生物界という広い視点で明らかにしたいと考えています。MassBank (<http://massbank.jp>) や LipidBank (<http://lipidbank.jp>) のようなデータベースのほか様々な解析ツールも作成しています。

Our activity is summarized as the network analysis using genomics and metabolomics (this word comes from ‘metabolism’). Our computational analysis targets many biological species from lactobacilli and microalgae to metazoa. The research goal is the understanding of metabolite evolution and distribution in the biosphere. Major research results include databases such as MassBank (<http://massbank.jp>) and LipidBank (<http://lipidbank.jp>), as well as analytical software tools for genomics and metabolomics.

Selected Publications

Wohlgenuth, G., Mehta, S.S., Mejia, R.F., Neumann, S., Pedrosa, D., Pluskal, T., Schymanski, E.L., Willighagen, E.L., Wilson, M., Wishart, D.S., Arita, M., Dorrestein, P.C., Bandeira, N., Wang, M., Schulze, T., Salek, R.M., Steinbeck, C., Nainala, V.C., Mistrík, R., Nishioka, T., and Fiehn, O. (2016). SPLASH, a hashed identifier for mass spectra. *Nat Biotechnol* 34, 1099-1101.

Simakov, O., and Kawashima, T. (2016). Independent evolution of genomic characters during major metazoan transitions. *Dev Biol*, in press.

Tanizawa, Y., Fujisawa, T., Kaminuma, E., Nakamura, Y., and Arita, M. (2016). DFAST and DAGA: web-based integrated genome annotation tools and resources. *Biosci Microbiota Food Health* 35, 173-184.

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

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/arita>

Arita Group 有田研究室



ARITA, Masanori
Professor
有田正規 教授

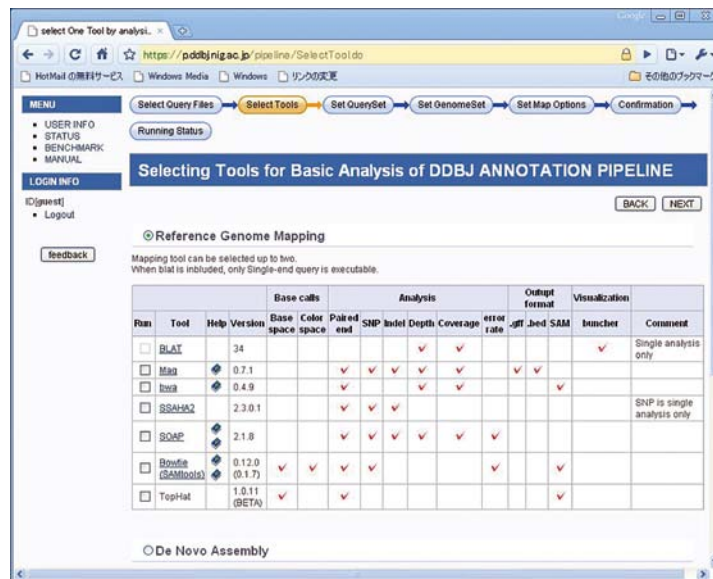


KAWASHIMA, Takeshi
Assistant Professor
川島武士 助教



Promotion of DDBJ as an infrastructure database for lifescience

生物研究の基盤データベースとしてのDDBJ事業の推進



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

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

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。このことに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 “To-goAnnotation” 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.

Selected Publications

Mashima, J., Kodama, Y., Fujisawa, T., Katayama, T., Okuda, Y., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Nakamura, Y., and Takagi, T. (2017). DNA Data Bank of Japan. *Nucleic Acids Res* 45, D25-D31.

Shimizu, T., Kitajima, A., Nonaka, K., Yoshioka, T., Ohta, S., Goto, S., Toyoda, A., Fujiyama, A., Kaminuma, E., and Nakamura, Y. (2016). Hybrid origins of citrus varieties inferred from DNA marker analysis of nuclear and organelle genomes. *PLoS One* 11, e0166969.

Fujisawa, T., Narikawa, R., Maeda, S.I., Watanabe, S., Kanesaki, Y., Kobayashi, K., Nomata, J., Hanaoka, M., Watanabe, M., Ehira, S., Suzuki, E., Awai, K., and Nakamura, Y. (2017). CyanoBase: a large-scale update on its 20th anniversary. *Nucleic Acids Res* 45, D551-D554.

Genome Informatics Laboratory 大量遺伝情報研究室

Nakamura Group 中村研究室



NAKAMURA, Yasukazu
Professor
中村保一 教授



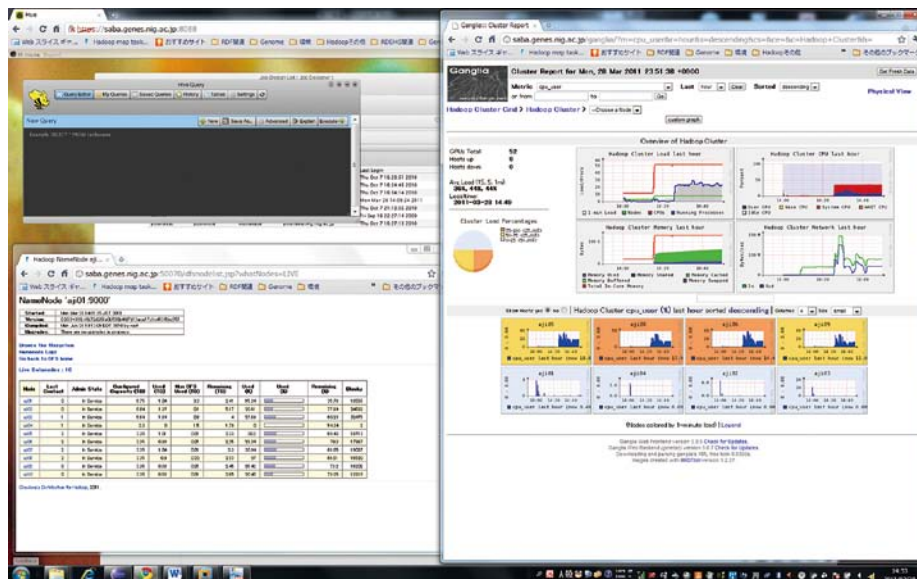
KAMINUMA, Eri
Assistant Professor
神沼英里 助教

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/nakamura>



Studies on a Large-Scale Data Processing of Biomedical Knowledge

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



Hadoopを利用した分散データ処理のテスト
Distributed data processing test using Hadoop

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

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ための技術として、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KeyValueStore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ための研究を行っています。

An application study is being conducted involving parallel-distributed computing technology and wide-area distributed processing technology to process genome information. This study involves various types of parallel distributed processing technologies such as Hadoop and distributed key-value stores, that are designed to handle big data for processing genetic information analysis data. Research aimed at high-speed processing of various types of data in large-scale databases is also being carrying out. This study is using a distributed memory cluster computer that can easily accommodate the increase in data volume and offers high cost performance.

Selected Publications

Mashima, J., Kodama, Y., Fujisawa, T., Katayama, T., Okuda, Y., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Nakamura, Y., and Takagi, T. (2017). DNA data bank of Japan. *Nucleic Acids Res* 45, D25-D31.

Cochrane, G., Karsch-Mizrachi, I., Takagi, T., and International Nucleotide Sequence Database Collaboration. (2016). The international nucleotide sequence database collaboration. *Nucleic Acids Res* 44, D48-D50.

Kodama, Y., Mashima, J., Kosuge, T., Katayama, T., Fujisawa, T., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Takagi, T., and Nakamura, Y. (2014). The DDBJ Japanese Genotype-phenotype Archive for genetic and phenotypic human data. *Nucleic Acids Res* 43, D18-D22.

Laboratory for Research and Development of Biological Databases データベース運用開発研究室 <https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/takagi>

Takagi Group 高木研究室

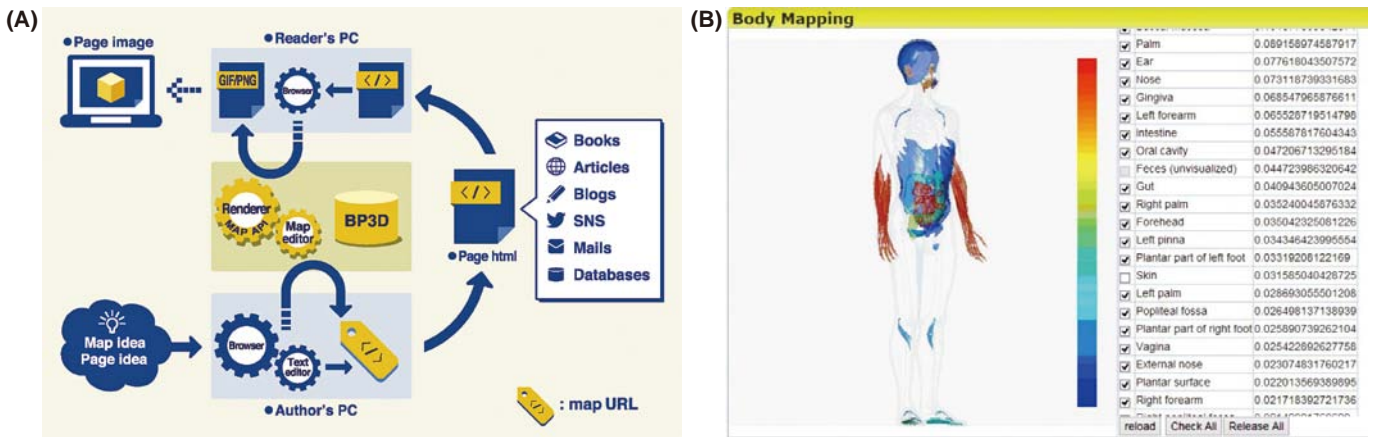


TAKAGI, Toshihisa
Professor
高木利久 教授



Developing technologies to make BioMedicine comprehensible and tractable

生命科学を機械に扱いやすく人に解りやすくする技術の開発



Anatomography サービス構成 (A) 利用例 (B). 医学現象は身体を場とします。情報整理5特徴 (場所、時間、文字、内容分類、値の大小) のうち医学に欠けていた場所による整理を可能にするために現在も技術開発中のAnatomography サービスは統合データベースセンターで実装開発され2007年から公開されています。

Architecture of anatomical mapping service in Anatomography (A) and a use case (B). Service, still under development, is constructed and maintained in DBCLS. Similarly to Google Maps, custom anatomical maps can be exchanged as map URL with or without superimposed data. In (B), shown is body distribution of a bacterial species in meta-genome.jp.

生命科学の知識は二つのステップで作られます。ステップA: 記述やデータに現象をキャプチャして保存交換する。ステップB: キャプチャされた現象の集合をドグマや関係性のセットの形で圧縮近似して利用可能にする。

現在ステップBはAに対し圧倒的に劣勢です。Aに比べBはより高度なインテリジェンスを要するので、機械的支援が行われていないのだと思われます。この不均衡は学問の効率的な進展の為に知識の広い利用の為にこそ正しなければなりません。当室ではBの為に技術を開発しています。

A body of biomedical knowledge is developed in 2 steps: StepA: accumulating and exchanging situations captured in descriptions and data; and StepB: abstract situations into a coherent set of dogmatic or mathematical statements so that people can use in decision-making. The overwhelming output of A, mainly due to the technological assistance by diagnostic, laboratory and communication machines, is making a stressful situation called "information over-load" or "data deluge". New technologies must be invented for B to make bigger return from investment in bio-medicine.

Selected Publications

Mitsuhashi, N., Fujieda, K., Tamura, T., Kawamoto, S., Takagi, T., and Okubo, K. (2009). BodyParts3D: 3D structure database for anatomical concepts. *Nucleic Acids Res* 37 (Database issue), D782-785.

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.

Okubo, K., and Tamura, T. (2011). System and computer software program for visibly processing an observed information's relationship with knowledge accumulations. US patent 20050203889.

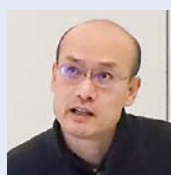
Laboratory for Gene-Expression Analysis 遺伝子発現解析研究室

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/okubo>

Okubo Group 大久保研究室



OKUBO, Kousaku
Professor
大久保公策 教授



HARA, Kazuo
Assistant Professor
原 一夫 助教



Comparative genomics through ultra-large scale sequencing

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



比較ゲノム解析研究室でゲノム解析を実施した生物たち。
 上左：解剖前のシーラカンス稚魚 上右：ニホンザル 下左：カンガルー 下右：オオコオモリ的一种
 Picture of the animals whose genomes have been analyzed

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最新のゲノム解読技術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。

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.

Selected Publications

Session, A.M., Uno, Y., Kwon, T., Chapman, J.A., Toyoda, A., Takahashi, S., Fukui, A., Hikosaka, A., Suzuki, A., Kondo, M., van Heeringen, S.J., Quigley, I., Heinz, S., Ogino, H., Ochi, H., Helsten, U., Lyons, J.B., Simakov, O., Putnam, N., Stites, J., Kuroki, Y., Tanaka, T., Michiue, T., Watanabe, M., Bogdanovic, O., Lister, R., Georgiou, G., Paranjpe, S.S., van Kruijsbergen, I., Shu, S., Carlson, J., Kinoshita, T., Ohta, Y., Mawaribuchi, S., Jenkins, J., Grimwood, J., Schmutz, J., Mitros, T., Mozaffari, S.V., Suzuki, Y., Haramoto, Y., Yamamoto, T.S., Takagi, C., Heald, R., Miller, K., Haudenschild, C., Kitzman, J., Nakayama, T., Izutsu, Y., Robert, J., Fortriede, J., Burns, K., Lotay, V., Karimi, K., Yasuoka, Y., Dichmann, D.S., Flajnik, M.F., Houston, D.W., Shendure, J., DuPasquier, L., Vize, P.D., Zorn, A.M., Ito, M., Marcotte, E.M., Wallingford, J.B., Ito, Y., Asashima, M., Ueno, N., Matsuda, Y., Veenstra, G.J., Fujiyama, A., Harland, R.M., Taira, M., and Rokhsar, D.S. (2016). Genome evolution in the allotetraploid frog *Xenopus laevis*. *Nature* 538, 336-343.

Hashimoto, T., Horikawa, D.D., Saito, Y., Kuwahara, H., Kozuka-Hata, H., Shin-I, T., Minakuchi, Y., Ohishi, K., Motoyama, A., Aizu, T., Enomoto, A., Kondo, K., Tanaka, S., Hara, Y., Koshikawa, S., Sagara, H., Miura, T., Yokobori, S., Miyagawa, K., Suzuki, Y., Kubo, T., Oyama, M., Kohara, Y., Fujiyama, A., Arakawa, K., Katayama, T., Toyoda, A., and Kunieda, T. (2016). Extremotolerant tardigrade genome and improved radiotolerance of human cultured cells by tardigrade-unique protein. *Nat Commun* 7, 12808.

Nikaido, M., Noguchi, H., Nishihara, H., Toyoda, A., Suzuki, Y., Rei Kajitani, R., Suzuki, H., Okuno, M., Aibara, M., Ngatunga, B.P., Imzighani, 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 Res* 23, 1740-1748.

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

Toyoda Group 豊田研究室



TOYODA, Atsushi
 Project Professor
 豊田 敦 特任教授

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/toyoda>



Unveiling microbial community dynamics

微生物ゲノム進化と群集ダイナミクスの解明



陸上蛇紋岩熱水系からの微生物サンプリング、メタゲノム解析。

Exploring microbial diversity in a continental serpentinite-hosted hydrothermal system.

生命の進化と地球の進化は密接に関係していますが、その共進化の痕跡は生物のゲノムに残されています。本研究室では、バイオインフォマティクスを駆使した微生物のゲノム・メタゲノム解析や統合データベース「MicrobeDB.jp」を武器として、生命科学や地球科学などからもたらされる多元情報を統合的に解析することで、微生物の進化、微生物群集ダイナミクスさらには生命と地球の共進化をゲノムレベルで解き明かす研究を進めています。また、化石の骨などからDNAを抽出し、古代生物のゲノムを復元することで、進化の謎に迫る研究も行っています。

In our laboratory, we are interested in understanding about microbial genome evolution and microbial community dynamics, and we are currently reaching out in the following two major research directions; I. Facilitate the development of an integrated database “MicrobeDB.jp”, II. Microbial community dynamics. Our research interests blend a background in microbial genomics and metagenomics with bioinformatics and integrated database developments that are just now allowing the prospect of illuminating microbial community dynamics. We are trying to gain a better understanding of how microbial diversity maintain as well as how it emerged. We are also trying to propose a new evolutionary scenario by recovering DNA information from paleontological remains.

Selected Publications

Yonezawa, T., Segawa, T., Mori, H., Campos, P.F., Hongoh, Y., Endo, H., Akiyoshi, A., Manabe, M., Kohno, N., Nishida, S., Wu, J., Jin, H., Kishino, H., Kurokawa, K., Yoshifumi, N., Tanabe, H., Mukoyama, H., Yoshida, K., Rasoamiamanana, A., Yamagishi, S., Hayashi, Y., Yoshida, A., Koike, H., Akishinonmiya, F., Willerslev, E., and Hasegawa, M. (2017). Phylogenomics and morphology of extinct paleognaths reveal the origin and evolution of the ratites. *Curr Biol* 27, 68-77.

Matsuki, T., Yahagi, K., Mori, H., Matsumoto, H., Hara, T., Tajima, S., Ogawa, E., Kodama, H., Yamamoto, K., Yamada, T., Matsumoto, S., and Kurokawa, K. (2016). A key genetic factor for fucosyllactose utilization affects infant gut microbiota development. *Nat Commun* 7, 11939.

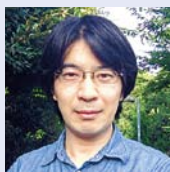
Okai, S., Usui, F., Yokota, S., Hori-I, Y., Hasegawa, M., Nakamura, T., Okada, S., Yamamoto, K., Nishiyama, E., Mori, H., Yamada, T., Kurokawa, K., Matsumoto, S., Nanno, M., Naito, T., Kato, T., Miyauchi, E., Ohno, H., and Shinkura, R. (2016). High-affinity monoclonal IgA regulates gut microbiota and prevents colitis in mice. *Nat Microbiol* 1, 16103.

Genome Evolution Laboratory ゲノム進化研究室

Kurokawa Group 黒川研究室



KUROKAWA, Ken
Professor
黒川 顕 教授



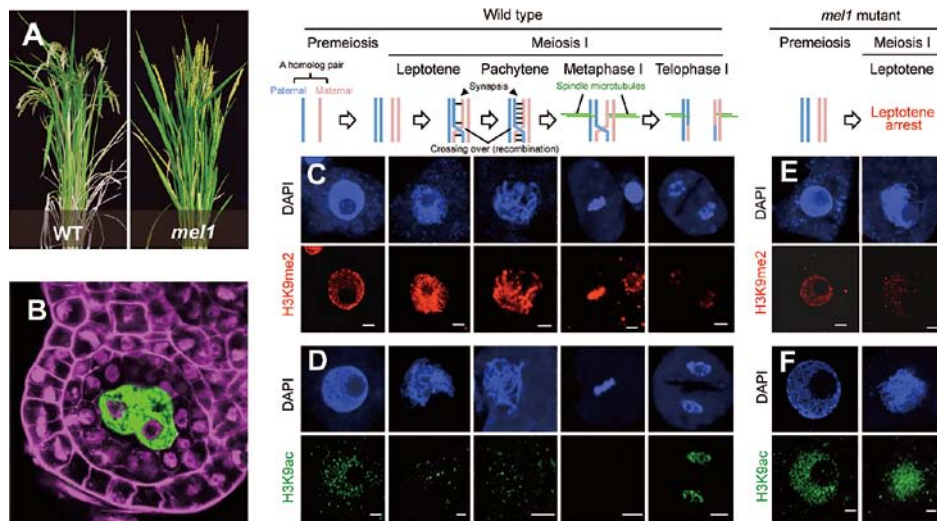
MORI, Hiroshi
Assistant Professor
森 宙史 助教

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/kurokawa>



Molecular cytogenetics of plant germ-cell development

植物の生殖細胞発生過程の分子細胞遺伝学



減数分裂染色体の大規模リモデリング (LMR) を促進する MEL1. (A) 減数分裂異常により *mel1* 変異体は不稔。 (B) MEL1 (緑) は生殖細胞のみで発現。減数分裂移行後の染色体では H3K9 のジメチル化が広範囲に上昇し、アセチル化は逆に低下。 (E, F) *mel1* 変異体では LMR が欠損。

MEL1 promotes large-scale meiotic chromosome remodeling (LMR). (A) The *mel1* mutant is sterile due to defective meiosis. (B) MEL1 expression (green) was restricted to germ cells in anthers. (C, D) LMR in wild-type meiocytes. The H3K9me2 level (red) was dramatically increased during meiosis transition, while H3K9ac (green) was diminished (D). (E, F) LMR was disrupted in the *mel1* mutant.

植物の生殖サイクル、特に減数分裂を制御する遺伝的メカニズムについて、主にイネを用いて研究しています。減数分裂は、遺伝情報の安定的伝達に加え、減数分裂組み換えを通じて遺伝的多様性を創出する複雑かつ巧妙な生命現象です。減数分裂を制御する分子機構の解明は、育種効率の向上や野生種の育種利用につながる重要な研究課題です。

また、植物遺伝研究室と共同で野生イネや在来栽培イネ品種などのイネ遺伝資源保存事業に従事し、国内外の研究者に配布しています。現地で失われつつある貴重な遺伝資源が数多く含まれています。

We study genetic systems promoting the reproductive cycle, including meiosis, in rice. Meiosis is a highly orchestrated biological event to transmit genetic information stably, and to simultaneously create a genetic diversity via meiotic recombination. Elucidation of the underlying mechanisms is important also for applications to improve breeding efficiency and extend breeding use to wild species.

In addition, we engage in the conservation program of genetic rice resources, such as wild species and local varieties. It contains many precious strains going to be lost at their original habitats.

Selected Publications

Liu, H., and Nonomura, K. (2016). A wide reprogramming of histone H3 modifications during male meiosis I in rice is dependent on the Argonaute protein MEL1. *J Cell Sci* 129, 3553-3561.

Miyazaki, S., Sato, Y., Asano, T., Nagamura, Y., and Nonomura, K. (2015). Rice MEL, the RNA recognition motif (RRM) protein, binds in vitro to meiosis-expressed genes containing U-rich RNA consensus sequences in the 3'-UTR. *Plant Mol Biol* 89, 293-307.

Komiya, R., Ohyanagi, H., Niihama, M., Watanabe, T., Nakano, M., Kurata, N., and Nonomura, K. (2014). Rice germline-specific Argonaute MEL1 protein binds to phasiRNAs generated from more than 700 lincRNAs. *Plant J* 78, 385-397.

Experimental Farm 実験圃場

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/nonomura>

Nonomura Group 野々村研究室



NONOMURA, Ken-ichi
Associate Professor
野々村賢一 准教授



TSUDA, Katsutoshi
Assistant Professor
津田勝利 助教



Spatial control of bacterial cell division processes by reaction-diffusion mechanisms

反応拡散メカニズムによるバクテリア細胞分裂過程の空間的制御

多くの生物システムの空間的制御にはチューリングの反応拡散に基づく原理が関与していると考えられています。私たちは、この種の制御メカニズムの例として、バクテリアの染色体分配と細胞の分裂位置について研究しています。

Spatial control of many biological systems is considered to involve mechanisms based on Turing-style reaction-diffusion principles. We study bacterial chromosome partition and cell division position control systems as examples of this type of bio-control mechanisms.

International Strategic Advisor 国際戦略アドバイザー



<https://irp.nih.gov/pi/kiyoshi-mizuuchi>

MIZUUCHI, Kiyoshi
International Strategic Advisor
(NIH Distinguished Investigator, National Institutes of Health)
水内 清
国際戦略アドバイザー
(米国立保健研究所卓越研究者)

Epigenetics and chromatin

エピジェネティクスとクロマチン

クロマチン構造とエピジェネティックな情報継承機構との関係の解明を目指します。ゲノム解析・計算解析ツールを開発することで、転写と複製におけるクロマチンダイナミクスや多様なセントロメアを作るクロマチン基盤を明らかにします。

To better understand the relationship between chromatin conformation and epigenetic inheritance, we have developed genomic and computational tools to elucidate chromatin dynamics during transcription and replication, and the chromatin basis for centromere diversity.

International Strategic Advisor 国際戦略アドバイザー



<http://research.fhcrc.org/henikoff/en.html>

HENIKOFF, Steven
International Strategic Advisor
(Member, Fred Hutchinson Cancer Research Center)
ヘニコフ, スティーブン
国際戦略アドバイザー
(フレッドハッチンソンがん研究センターメンバー)

Development of technologies for genome editing and optogenetics

ゲノム編集と光遺伝学のための新規技術開発

私たちは、健康・疾患状態の脳機能を研究するため、ゲノム編集、光遺伝学のテクノロジー開発・応用を行っています。これらの新規技術が、私たちの脳疾患とその治療に対する理解を深めてくれることを期待しています。

Our group is developing and applying molecular and optical technologies for probing brain function in health and disease. We hope that these new approaches will improve our understanding and treatment of brain diseases.

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



<http://zlab.mit.edu>

ZHANG, Feng
Visiting Associate Professor
(Assistant Professor, McGovern Institute for Brain Research at MIT)
チャン, フェン
客員准教授
(マサチューセッツ工科大学マクガヴァン脳研究所助教授)

DNA Replication: Mechanism, Regulation and Misregulation

DNA複製:メカニズム、制御、破綻

酵母と哺乳動物細胞の遺伝学的・細胞生物学的手法と精製タンパク質からの再構成系を用いて、細胞周期ごとにどのようにゲノムが効率よく完全に複製されるのかを理解することを目標としています。

We aim to understand how our genomes are replicated efficiently and completely in each cell cycle using biochemical reconstitution with purified proteins alongside genetics and cell biology in yeast and mammalian cells.

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



<http://www.crick.ac.uk/john-diffley>

DIFFLEY, John F.X.
Visiting Professor
(Associate Research Director, The Francis Crick Institute)
ディフリー, ジョン F.X.
客員教授
(フランシスクリック研究所アソシエイトリサーチディレクター)

Organogenesis in vertebrates

脊椎動物の器官形成

私たちは、中胚葉由来(心臓・血管系)および内胚葉由来(膵臓・肺・肝臓)の臓器の器官形成研究を行っています。私たちの目的のひとつは、脊椎動物の器官形成を単一細胞レベルで理解することです。

We investigate questions related to organogenesis of mesodermal (heart, vasculature) and endodermal (pancreas, lung, liver) organs using zebrafish and mouse. One goal of our studies is to gain understanding of vertebrate organ development at the single-cell level.

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



<http://www.mpi-hlr.de/index.php?id=18&L=1>

STAINIER, Didier
Visiting Professor
(Director, MAX Planck Institute)
スタニア, デイディエ
客員教授
(マックスプランク研究所ディレクター)

Brain circuit mapping and cell type characterization

脳回路のマッピングと神経細胞多様性の解析

マウス視覚系回路における神経細胞の多様性を分子生物学的、解剖学的、生理学的に明らかにし、それらの神経細胞の脳全体における結合様式を解明することを目指しています。

We aim to unravel the diversity of neuronal cell types in the mouse visual circuits at molecular, anatomical and physiological levels, and their connectivity throughout the brain.

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



<http://www.alleninstitute.org/what-we-do/brain-science/about/team/staff-profiles/hongkui-zeng/>

ZENG, Hongkui

Visiting Professor
(Senior Director, Allen Institute for Brain Science)

ゼン, ホンクイ

客員教授
(アレン脳科学研究所シニアディレクター)

Computational population genomics

計算集団遺伝学

ゲノムデータ解析による集団の人口変動と淘汰パターンの推定および、居住域拡大による中立進化と遺伝子の機能に関連したゲノム多様性への影響の解析を行っています。

Analysis of genomic data to infer population demographic history and patterns of selection. Describe the effects of range expansions on neutral and functional genomic diversity.

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



http://www.cmpg.iew.unibe.ch/about_us/team/researchers/prof_dr_excoffier_laurent/index_eng.html

EXCOFFIER, Laurent

Visiting Professor
(Professor, University of Bern)

エクスコフィア, ローレント

客員教授
(ベルン大学教授)

Developing methods for evolutionary analyses of DNA and protein sequences

DNA 及びタンパク質配列の進化を解析するための方法論の開発

種間系統樹を作成するための統計モデル・メソッドの開発、および特に適応進化に注目した分子進化メカニズムの研究を行っています。また集団遺伝学の理論的研究も行っています。

I am interested in developing statistical models/methods for reconstructing species phylogenies and in understanding the mechanisms of molecular evolution, especially adaptive evolution. I am also interested in theoretical population genetics.

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



<http://abacus.gene.ucl.ac.uk/ziheng/>

YANG, Ziheng

Visiting Professor
(Professor, University College London)

ヤン, ジーヘン

客員教授
(ユニヴァーシティ・カレッジ・ロンドン教授)

Human genetic variation and disease

ヒトゲノム変異と病気

私どもの研究室はさまざまな疾患遺伝子について研究してきました。それらはメンデル型遺伝病から複合疾患にいたります。同時に mobile element の病気への関与および集団遺伝学的観点からの研究を行っています。

We study human genetic variation to make inferences about human evolutionary history and to understand the ways in which genes contribute to disease.

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



<http://jorde-lab.genetics.utah.edu>

JORDE, Lynn

Visiting Professor
(Professor, University of Utah School of Medicine)

ジョーデ, リン

客員教授
(コタ医科大学教授)

Evolution and function of DNA methylation

DNA メチル化の機能と進化

真核生物における DNA メチル化および関連したクロマチン経路について、その進化、制御機構、生物学的役割を研究しています。

We study the evolution, mechanism, and biological function of eukaryotic DNA methylation and related chromatin pathways.

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



<http://plantandmicrobiology.berkeley.edu/profile/dzilberman>

ZILBERMAN, Daniel

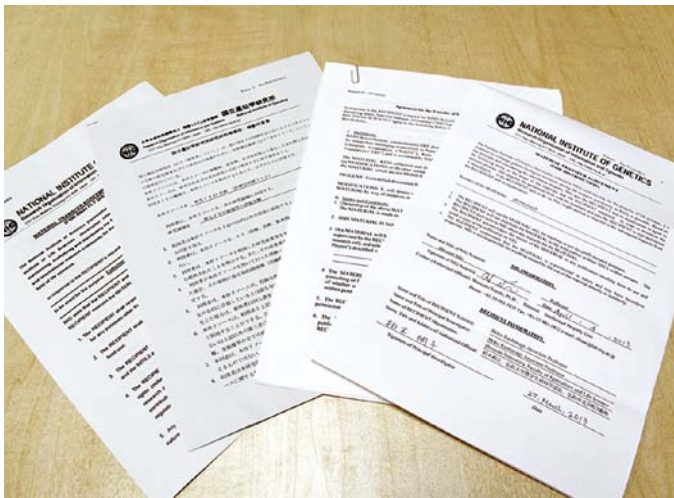
Visiting Associate Professor
(Associate Professor, University of California, Berkeley)

ジルバマン, ダニエル

客員准教授
(カリフォルニア大学バークレー校副教授)

Communicate research findings at NIG with the outer world

研究成果の知財マネジメント・技術移転・産学連携を進め、社会連携を行う。円滑な研究成果の流通のための大学支援の課題に対応する。



遺伝研の研究成果による技術移転・共同研究などにより、産学連携を積極的に進めています。知財・生物遺伝資源・研究データの円滑な流通を第一に、知財面・契約面での管理・運営・交渉を行っています。HP・展示会等により研究成果を積極的に社会に発信し、産学連携・社会連携・地域連携を進め、さらに、教育機関に対する科学啓蒙活動や教育支援として研究所見学や出前授業などを行っています。また、大学等への支援活動として、生物多様性条約及び名古屋議定書に基づいた海外遺伝資源に関するアクセスと利益配分（ABS）への大学等の対応について啓発・支援活動を行っています。

(2016年度実績)

知的財産 IP	件数 QUANTITY
特許出願 Patent application	7件
特許登録 Patent registraton	5件
ライセンス、有償MTA契約 License agreement	14件
MTA Material Transfer Agreement	1,311件

Our mission is to promote and support the research of NIG researchers from the perspective of intellectual property and to give back the benefits of research results to society by knowledge and technology transfers through the collaboration with societies, local communities, and industries.

We are mainly engaged in providing a full support to enable our researchers smoothly obtain materials and genetic resources from overseas and managing our intellectual property derived from research by patenting, maintaining, and licensing. We focus on facilitating favorable environment for our researchers to collaborate with industries and developing an appropriate way to handle copyrights of digital contents. We also play an active role as ABS Task Force Team for Academia to support and promote the research utilization of genetic resources.

Selected Publications

鈴木睦昭 (2014). 学術研究分野における名古屋議定書の国内措置検討の課題 植物科学最前線 5, 67-73.

鈴木睦昭 (2014). 「研究成果有体物と遺伝資源に関する円滑な流通に向けて—課題分析と今後の課題解決の展望—」 知的財産イノベーション研究の諸相 p114-125. コンテンツセンター出版

鈴木睦昭 (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— Microbiol Cult Coll 29, 113-120.

Intellectual Property Unit

知的財産室



SUZUKI, Mutsuaki
Director

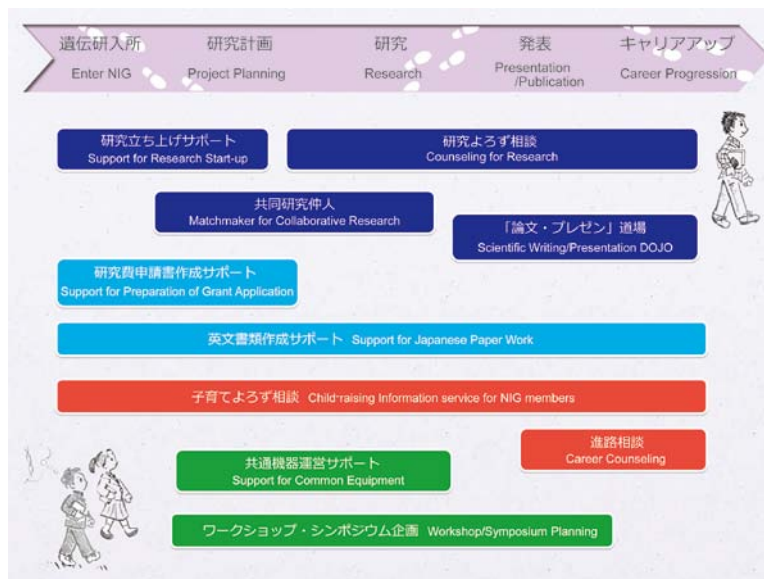
鈴木睦昭 室長

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/suzukim>



Strengthening and support of research

研究力の強化・支援



リサーチ・アドミニストレーター室 (ORD) は、研究に携わる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の活動を行っています。

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についての議論や助言、研究費申請のサポート、国際連携活動、共通機器の運用支援などを通じ、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て研究者コミュニティの研究力が向上することを目指しています。研究所の広報活動、IR (Institutional Research) 活動や遺伝研で開発された科学プレゼンテーションカリキュラム (遺伝研メソッド) の普及・啓発活動も担当しています。

Office for Research Development (ORD) offers various help to those involved in research. Our activities include organizing workshops, mediating collaborative research, discussion and advice on manuscripts and scientific presentations, grant-application support, arrangements of international cooperation, and research infrastructure support. Synergizing with the superb research environment and the interactive atmosphere of NIG, we aim to contribute to the strengthening of research activity of the scientific community. ORD also takes part in the public relationship, IR (Institutional Research) of the institute, as well as activities to disseminate the scientific presentation curriculum (NIG Method) developed at NIG.

Writings and Talks

平田たつみ, タジ・ゴルマン, 広海 健 (2016). 「遺伝研メソッドで学ぶ科学英語プレゼンテーション—感じる力、考える力、討論する力を育てる」 dZERO.

伊東真知子 (2017). 「遺伝子バンク30年」 静岡新聞朝刊 全16回.

広海 健 (2016). “遺伝研メソッドによる研究プレゼンテーション指導の試みとその効果” 京都大学大学院 総合生存学館 (2016.8.9).

Office for Research Development

リサーチ・アドミニストレーター室



HIROMI, Yasushi
Director
広海 健 室長



KURUSU, Mitsuhiko
Research Administrator
来栖光彦
リサーチ・アドミニストレーター



SEINO, Hiroaki
Assistant Professor
清野浩明 助教

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/ord>



Database Center for Life Science (DBCLS)

ライフサイエンス統合データベースセンター

ライフサイエンス分野では、世界中で数千をこえる多様なデータベース(DB)が公開されており、その活用が研究の進展に不可欠になっています。しかし、「必要なDBが見つからない」「使い方がわからない」「データを組み合わせた高度な解析ができない」など、DBの効率的な利用のための環境整備は充分ではありません。本センターはDB統合化の中核組織として平成19年に機構直轄のセンターとして設置され、以来、DBの統合化と保全に努め、利用者の利便性を高める情報技術の研究開発やサービスの開発、DBの国際標準化を行ってきました。本センターはまだ専用の施設がなく、平成26年度に柏の東京大学施設に移転しましたが、同時に一部を遺伝研内に移しました。ビッグデータの有効活用の点からDDBJセンター等とのシナジーを発揮したいと考えています。

In life science, thousands of database(DBs) are publicly available worldwide, and become indispensable. However, many comments from users complaining the hard-to-use DBs suggest that these DBs and the surrounding environment are not sufficiently refined. DBCLS was established in ROIS in 2007 as a core organization of DB integration, and has been aiming to solve these issues through R&D for DB reusability, international DB standardization and various training programs. In 2014, while the main lab of DBCLS moved to Kashiwa, some members moved to NIG as the Mishima lab. It is highly expected to maximize the synergy with DDBJ in effective use of Big Data.

遺伝研で研究しているメンバー

Members at NIG

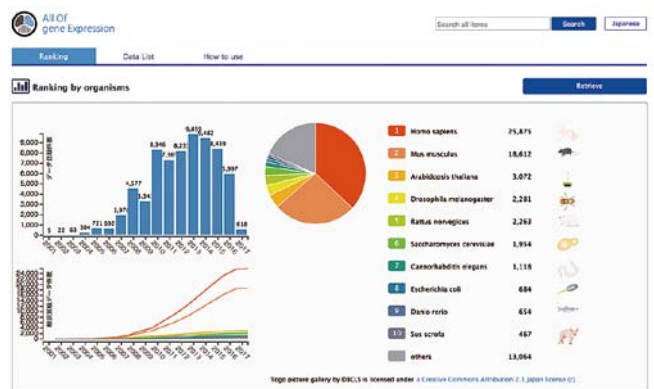


左から、小野、坊農、仲里、内藤、大田。

Ono, Bono, Nakazato, Naito, Ohta (from left)

BONO, Hidemasa Project Associate Professor
 坊農秀雅 特任准教授
 NAITO, Yuki Project Assistant Professor
 内藤雄樹 特任助教
 OHTA, Tazro Researcher
 大田達郎 研究員

ONO, Hiromasa Project Assistant Professor
 小野浩雅 特任助教
 NAKAZATO, Takeru Project Assistant Professor
 仲里猛留 特任助教



公共遺伝子発現データベースの中身をひと目で、登録データランキングでより探しやすく、動的にグラフを描画できる目次サイトAOE (All Of gene Expression ; <http://aoe.dbcls.jp/>)

AOE (All Of gene Expression; <http://aoe.dbcls.jp/en/>) is the index of public gene expression database.

Center for Genome Informatics (CGI)

ゲノムデータ解析支援センター

次世代シーケンシング (NGS) 技術の発展によってDNAシーケンサーのスループットは飛躍的に向上し、様々な研究分野で塩基配列レベルの研究解析が行われるようになってきました。いまやモデル生物だけではなく、あらゆる生物種を対象に、新規ゲノムシーケンスやリシーケンス (変異解析)、トランスクリプトーム解析、メタゲノム解析といった多様な配列解析が行われています。これらの配列データを効率的に解析し、目的に応じた結果を正しく得るためには、生物学の知識に加えてバイオインフォマティクスの知識と技術が不可欠です。本センターは、最先端の解析技術を用いたデータ解析支援事業を中心に、大量のゲノムデータを迅速かつ高精度に解析する新規技術の開発や、そのための人材育成といった活動を通して、ゲノム科学の推進に貢献します。

Next generation sequencing (NGS) technologies have dramatically increased the throughput of DNA sequencing, and is now widely applied to various areas of life science research. Not only model organisms but all sorts of species are studied based on their nucleotide sequences through de novo sequencing/resequencing of genome, transcriptome analysis, and metagenome analysis. In order to analyze NGS data and to obtain proper results, special knowledge and skills of bioinformatics are required in addition to knowledge of biology. CGI is engaged in the promotion of genome sciences by providing sophisticated technical support to researchers analyzing genomic data, and by developing novel bioinformatics tools and human resources.

遺伝研で研究しているメンバー

Members at NIG

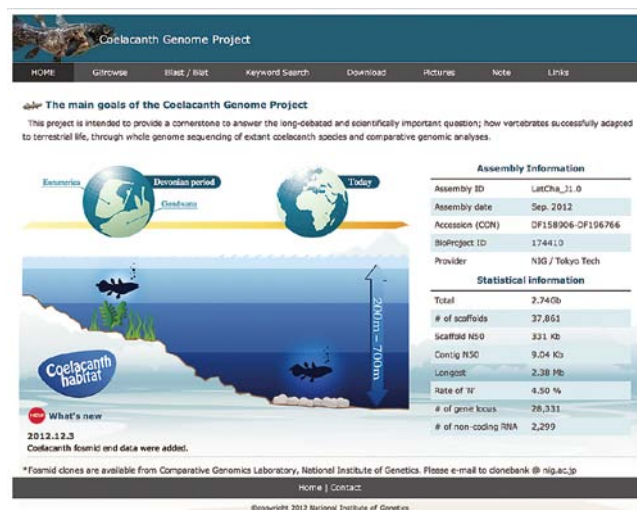


NOGUCHI, Hideki Head
野口英樹 センター長

KONDO, Shinji Project Associate Professor
近藤伸二 特任准教授

FUKUTA, Kentaro Postdoc
福多賢太郎 博士研究員

EJIMA, Fumiwo Researcher
江島史緒 研究員





Intellectual Infrastructure and Collaborative Research

共同利用・共同研究

Genetic Resource Center

生物遺伝資源センター

生物遺伝資源センターは、バイオリソース事業部とデータベース事業部の2部門で以下の内容の事業を進めています。バイオリソース事業部では、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するとともに、野生種系統の解析や情報整備も行い、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。またデータベース事業部では、これらのバイオリソースに関する情報を、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。特に、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、日本医療研究開発機構 (AMED) 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。さらにデータベース事業部は、NBRP の情報センターとしての役割も果たしており、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 is composed of two divisions of "Bioresource Division" and "Database Division". The Bioresource Division takes responsibility for development, preservation and distribution of forefront bioresources of various organisms including *E. coli*/*B. subtilis*, Rice, Mouse, *Drosophila*, Zebrafish, *C. elegans* and Hydra, and of collected wild species of those organisms. The Database division makes the above information available to the public through web sites shown below. The BRC/NIG participates actively in the "National Bioresource Project (NBRP)" under the organization of Japan Agency for Medical Research and Development (AMED), in the Cabinet Office of Government of Japan, and takes a role for management of *E. coli*/*B. subtilis*, Rice, *Drosophila* and Zebrafish as central or sub-central organization for each organism in the project. Furthermore, the Database Division also contributes to NBRP as the national center of bioresource information, by taking responsibility for development and management of the relevant databases.

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							
ホーム	遺伝研について	研究	大学院	研究支援事業	モデル生物リソース	人材・キャリア	社会に向けての活動
Mouse		Drosophila		C. Elegans		E. Coli	
<ul style="list-style-type: none"> Mouse Genetic Resources Mouse Genome Database Mouse Phenotype Database Japan Mouse/Rat Strains (JMSR) Microsatellite Data Base of Japan (MMDDB) 		<ul style="list-style-type: none"> Drosophila Strains (NIG-FLY) Segmentation Antibodies 		<ul style="list-style-type: none"> Gene Expression Database (NEXTDB) cDNA library 		<ul style="list-style-type: none"> Strain/Vector/Antibody Genome Database (PEC) TEC Database 	
Zebrafish		Rice (Oryzabase)		S. Japonicus (JapoNet)		Bacillus subtilis	
<ul style="list-style-type: none"> ZTRAP Knock Out Fish Project 							
Hydra		Coelacanth		Xenopus laevis		NBRP - National BioResource Project	
SHIGEN - Shared Information of Genetic Resources		RRC - Research Resource Circulation					

生物遺伝資源センターで提供しているサービスは、遺伝研ホームページのプルダウンメニュー「モデル生物リソース」からアクセスできます。

Services of the Genetic Resource Center are accessible from the pull-down menu (Model Organism Resources) at the NIG website.

Genetic Resource Center 生物遺伝資源センター



NIKI, Hironori
Head, Genetic Resource Center
Division Head, Division of Bioresources Management
仁木宏典
センター長 (兼) バイオリソース事業部長 (兼)



KAWAMOTO, Shoko
Division Head, Division of Bioresources Databases
川本祥子
データベース事業部長 (兼)

□バイオリソース事業部 Division of Bioresources Management

SHIROISHI, Toshihiko Professor 城石俊彦 教授 (兼)	TAKADA, Toyoyuki Assistant Professor 高田豊行 助教 (兼)
KAWAKAMI, Koichi Professor 川上浩一 教授 (兼)	ASAKAWA, Kazuhide Assistant Professor 浅川和秀 助教 (兼)
SAITO, Kuniaki Professor 齋藤都暁 教授 (兼)	MUTO, Akira Assistant Professor 武藤 彩 助教 (兼)
SATO, Yutaka Professor 佐藤 豊 教授 (兼)	KAWASAKI, Toshihiro Assistant Professor 河崎敏広 助教 (兼)
UEDA, Ryu Project Professor 上田 龍 特任教授	KONDO, Shu Assistant Professor 近藤 周 助教 (兼)
KOHARA, Yuji Project Professor 小原雄治 特任教授 (兼)	AOKI, Keita Assistant Professor 青木敬太 助教 (兼)
SAKAI, Noriyoshi Associate Professor 酒井則良 准教授 (兼)	SUZUKI, Toshiya Assistant Professor 鈴木俊哉 助教 (兼)
IKEO, Kazuho Associate Professor 池尾一穂 准教授 (兼)	TAKAHASHI, Misuzu Assistant Professor 高橋美鈴 助教 (兼)
NONOMURA, Ken-ichi Associate Professor 野々村賢一 准教授 (兼)	TSUDA, Katsutoshi Assistant Professor 津田勝利 助教 (兼)

Advanced Genomics Center

先端ゲノミクス推進センター

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、各種生物を対象としたcDNA解析など多くの成果を挙げています。

2011年10月に設立された先端ゲノミクス推進センターは、学術界および産業界からの高度なゲノム解析の要請に対し、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、ゲノム科学の普及に努めています。また、情報・システム研究機構データサイエンス共同利用基盤施設のゲノムデータ解析支援センターと密接に連携し、ゲノム解析から情報解析までをシームレスに接続した包括的な研究と共同利用事業を推進しています。

■ 先端ゲノミクス推進センターの活動

- 大規模DNAシーケンシング、1分子DNAシーケンシング、1細胞シーケンシング
- 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
- 受託研究の受け入れ
- 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。



■ 大学や他の研究機関、企業と連携して、多様な生物種のゲノム・メタゲノムや遺伝子の配列解析を行っています。

先端ゲノミクス推進センターでは、以下の生物種のゲノムやヒト・環境のメタゲノム解析を共同研究・共同利用・受託研究を通して実施しています。

- 動物：ヒト、ラット、マウス、チンパンジー、ニホンザル、クジラ、イヌ、コウモリ、スナグス、ワラビー、アフリカツメガエル、シーラカンス、メダカ、線虫、ショウジョウバエ、アゲハ、カイコ、クワコ、クマムシなど
- 植物：イネ、シロイヌナズナ、アサガオ、ナンヨウアブラギリ、トマト、ヒメツリガネゴケ、サンゴ共生褐虫藻、緑藻類、紅藻類、微細藻類など
- 微生物：ヒト常在菌、病原菌、光合成菌、極限領域生息細菌類、シロアリ共生細菌類、難培養細菌
- メタゲノム：ヒト（腸内、皮膚、口腔）、海洋、河川、湖沼、土壌、温泉、活性汚泥、工業廃水

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



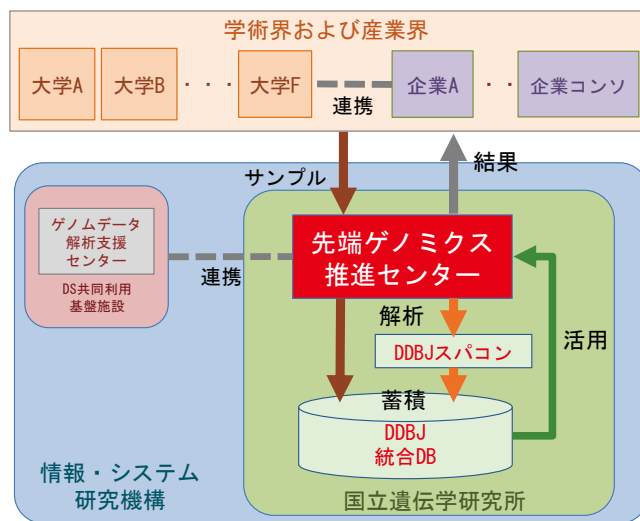
KUROKAWA, Ken
Head, Advanced Genomics Center
黒川 顕
センター長 (兼)

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

Since such resources should have links among biological (phenotypic) annotations, data from genetic as well as genomic researches, this center will work closely with other laboratories of Genetic Strains Research Center, and research communities around the country. This center is also expected to become core facility for research communities to provide latest technologies and tools of the present-day genomics.

To answer the expectations and heavy demand of genome analyses from the universities and research communities, the target projects that will be conducted in this center will be chosen through NIG's Collaborative Research Program that is open to researchers outside of NIG.

■ 共同研究・共同利用・受託研究の流れ



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

KOHARA, Yuji Project Professor

小原雄治 特任教授 (兼)

FUJIYAMA, Asao Project Professor

藤山秋佐夫 特任教授 (兼)

TOYODA, Atsushi Project Professor

豊田 敦 特任教授 (兼)

NOGUCHI, Hideki Project Professor

野口英樹 特任教授 (兼)

BABA, Tomoya Project Associate Professor

馬場知哉 特任准教授 (兼)

KONDO, Shinji Project Associate Professor

近藤伸二 特任准教授 (兼)

DDBJ Center

DDBJセンター

DDBJ: DNA Data Bank of Japanは1987年に設立され、生命科学の研究活動をサポートするために、米国のNCBIおよび欧州のENA/EBIとの協力体制の下で塩基配列データを収集し、世界の公共財『国際塩基配列データベース (INSD)』を維持管理しています。また、日・米・欧の特許庁の協力により特許由来DNA塩基配列及びアミノ酸配列がINSDからデータ公開されています。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) の協力のもとDDBJからデータが公開されています。2009年からは、次世代シーケンサ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3者の協力体制で運営されています。

DDBJ事業はDDBJセンターが運営し、所外委員会のDNAデータ研究利用委員会と、NCBI, EBI, 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 (A)。DDBJセンターには、教員、キュレータ、システムエンジニア、広報担当、秘書などが所属しており、受付査定・データの交換・更新・提供などデータベース構築業務の他、解析ツールの開発などを通じて、研究活動に貢献しています。

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。件数では全INSDの10%強を占めています (B)。

また、DDBJセンターでは科学技術振興機構 (JST) に拠点を置くバイオサイエンスデータベースセンターが推進するライフサイエンスデータベース統合推進事業にも参画しています。さらに、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ホームページ DDBJ web

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

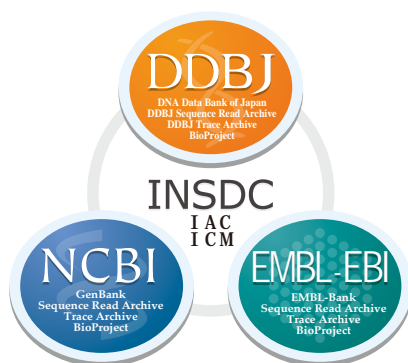
Sequence Read Archive など Sequence Read Archive, etc

<http://trace.ddbj.nig.ac.jp/>

問い合わせ Contact Us

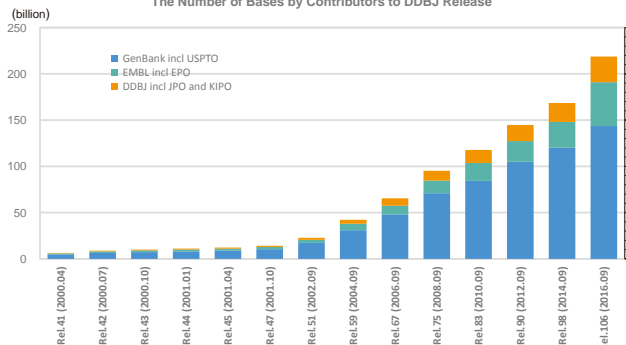
<http://www.ddbj.nig.ac.jp/addresses-e.html>

A



B

The Number of Bases by Contributors to DDBJ Release



DNA Data Bank of Japan (DDBJ), established in 1987, collects nucleotide sequence data, under collaboration with NCBI in U.S. and ENA/EBI in Europe, and maintains International Nucleotide Sequence Database (INSD) as a worldwide public asset for the life sciences. Through cooperation patent offices of Japan, U.S., and Europe, data on patent-derived DNA and amino acid sequences are also made publicly available from INSD. Moreover, DDBJ cooperates with the Korean Bioinformation Center (KOBIC) to publish data from Korean Patent Office. Since 2009, The three parties (DDBJ, NCBI, ENA) also cooperates to Sequence Read Archive, a repository of raw sequence data from "next-generation" sequencing technologies, and the Trace Archive, a repository of sequence data from gel/capillary platforms.

DDBJ activities are operated by DDBJ Center, which is supervised by the (external) DNA Database Advisory Committee and the (external) International Advisory Committee (IAC), whose members are appointed by NCBI, EBI, and DDBJ(A). DDBJ Center, staffed by professors, curators, systems engineers, public relations officers, and secretaries, engages in database development tasks, such as data acceptance and appraisal, data exchange, updating, and data sharing, as well as the development of data analysis tools to support research.

Data submissions to DDBJ by the researchers are mainly from Japan, but also from Asian countries and the Middle East. It accounts for over 10% of all INSDs in the number of submission.

DDBJ Center also takes part in the Life Science Integrated Database Project, an initiative of the National Bioscience Database Center (NBDC) of the Japan Science and Technology Agency (JST). Furthermore, in 2013 DDBJ joined with JST to begin running a controlled access database for sharing human-related research data, the Japanese Genotype-phenotype Archive (JGA).

DDBJ Center DDBJセンター



TAKAGI, Toshihisa
Head, DDBJ Center
高木利久
センター長 (兼)



OGASAWARA, Osamu
Division Head, High Performance Computing Division
Project Associate Professor
小笠原 理
システム管理部門長・特任准教授



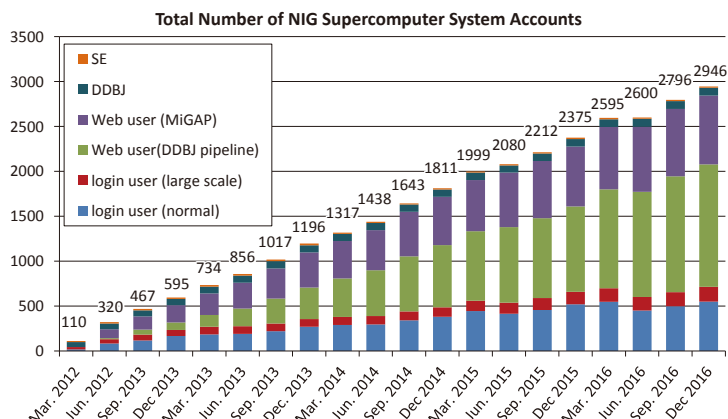
NAKAMURA, Yasukazu
Division Head, Database Division
中村保一
データベース部門長 (兼)

□DDBJセンター DDBJ Center

- ARITA, Masanori Professor
- 有田正規 教授 (兼)
- OKUBO, Kousaku Professor
- 大久保公策 教授 (兼)
- KAMINUMA, Eli Assistant Professor
- 神沼英里 助教 (兼)
- KAWASHIMA, Takeshi Assistant Professor
- 川島武士 助教 (兼)
- HARA, Kazuo Assistant Professor
- 原 一夫 助教 (兼)

NIG Supercomputer System

国立遺伝学研究所スーパーコンピュータシステム



遺伝研は、国際塩基配列データベース (INSD) 構築および大学共同利用機関としての計算機資源の研究者への提供を目的として、スーパーコンピュータシステムの運用を行っています。

2013年から、個人に由来する遺伝学的データと匿名化された表現型情報の制限公開データベース (JGA) 構築のための計算インフラの提供を開始しています。

遺伝研スパコンは、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。大規模なデータ解析を可能とするために大型の高速ストレージシステム (Lustre ファイルシステム) 7PB を持ち、これが最新鋭の分散メモリ型計算機システム (thin 計算ノード) と共有メモリ型計算機システム (Medium 計算ノード, Fat 計算ノード) と共有メモリ型計算機システムから利用可能となっています。さらに INSD および JGA のデータを保存するための省電力ディスク 5.5PB を備えています。(下表参照)

ユーザー登録は随時受け付けており、ログインサービスの他、次世代シーケンサーの解析パイプライン (DDBJ read pipeline) および微生物のゲノムアノテーションパイプライン (MiGAP) が利用可能となっています。詳細は遺伝研スパコンホームページ (<http://sc.ddbj.nig.ac.jp>) をご参照ください。

National Institute of Genetics (NIG) operates a supercomputer system with the aim of contributing to the development of the International Nucleotide Sequence Database (INSD) and providing computational resources to researchers, as an Inter-University Research Institute. In 2013 NIG began providing computational infrastructure for the development of a restricted-access database (JGA) of genetic data derived from individuals and anonymized phenotypic information.

The key features of the NIG Supercomputer System are that it serves as an analysis environment specializing in the life sciences and that it provides complete public data. To enable analysis of massive quantities of data, it is equipped with a massive 7-PB high-speed storage system (Lustre file system), which can be used as a state-of-the-art distributed memory computer system (thin compute nodes), a shared memory computer system (medium compute nodes, fat compute nodes), or a shared memory computer system. Furthermore, it is also equipped with an energy-saving 5.5 PB disk for storing INSD and JGA data. (Refer to the table below.)

Users can register at any time, and in addition to login services, they can make use of a next-generation sequence analysis pipeline (DDBJ read pipeline), as well as the Microbial Genome Annotation Pipeline (MiGAP). For details, please visit the NIG Supercomputer System web site (<http://sc.ddbj.nig.ac.jp>) [This URL belongs to the Japanese version of the NIG Supercomputer System web site. Please confirm.].

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 E5-2670x2 16 Core Memory 64GByte CPU Xeon E5-2680v2x2 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 x10 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.	5.5 PByte
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	7 PByte

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

Platform for Advanced Genome Science (PAGS)

先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム（略称：先進ゲノム支援）

生命の理解のためには大量かつ高精度のDNA配列解析が以前にも増して重要になっていますが、これを推進するには実験・情報解析の両面での大規模かつ最先端の解析システムの整備と共有が必須です。「先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム（先進ゲノム支援）」は文部科学省科学研究費助成事業の新学術領域研究『学術研究支援基盤形成』に2014年から6年間の予定で採択されたもので、最先端のゲノム解析及び情報解析のシステムを整備し、科研費課題から公募により選定された課題の支援等を通じて我が国のゲノム科学ひいては生命科学のピーク作りとすそ野拡大を進めます。

「先進ゲノム支援」には、以下のように大規模配列解析において6項目及び高度情報解析における5項目の支援と高度化の支援技術項目を設定し、それらを縦糸横糸として組み合わせた多様かつ高度な実験・情報解析支援をおこないます（図A）。

■ 大規模配列解析拠点ネットワーク支援活動

- 新規ゲノム決定
- RNA解析
- 変異解析
- メタ・環境・ホログenom解析
- 修飾解析
- 超高感度解析

■ 高度情報解析支援ネットワーク活動

- 基盤的解析パイプライン
- AI化知識ベースの構築
- 総合的ゲノムアノテーション
- 超高度情報処理技術
- 多層統合ゲノム情報解析技術

これらの支援活動を推進するために、国立遺伝学研究所を中核機関とし、参加する班員が所属する主な機関を連携機関とするネットワークを形成し、分担して支援及びその高度化にあたります（図B）。研究支援代表者の下、現在研究支援分担者21名、連携研究支援者25名、総勢47名の班員が全国15の大学・研究機関（部局数は24）から参加しています。

In order to understand life, massive and highly accurate DNA sequence analysis has become more important than before. To meet this situation, it is essential to develop a large-scale and state-of-the-art genome analysis system and to share it with the research community. Platform for Advanced Genome Science (PAGS) was adopted for this purpose for six years from 2014 as a platform in Grant-in-Aid for Scientific Research (KAKENHI) on Innovative Areas — Platforms for Advanced Technologies and Research Resources funded by MEXT. We provide such a genome analysis system for researchers who are granted KAKENHI and selected by the selection committee.

In PAGS we will provide a variety of technologies, combining the following 6 items in large-scale DNA sequence analysis and 5 items in advanced bioinformatics analysis as warp and weft as shown in Figure.

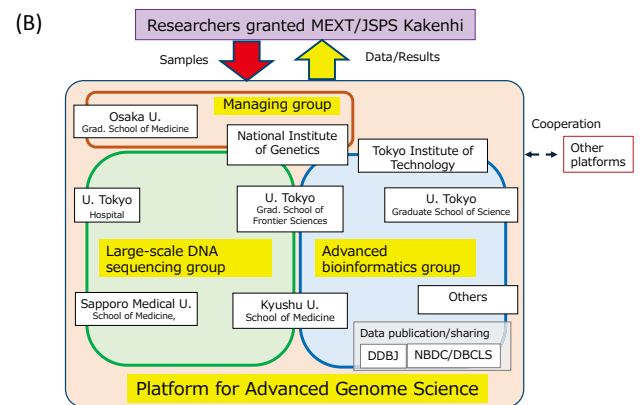
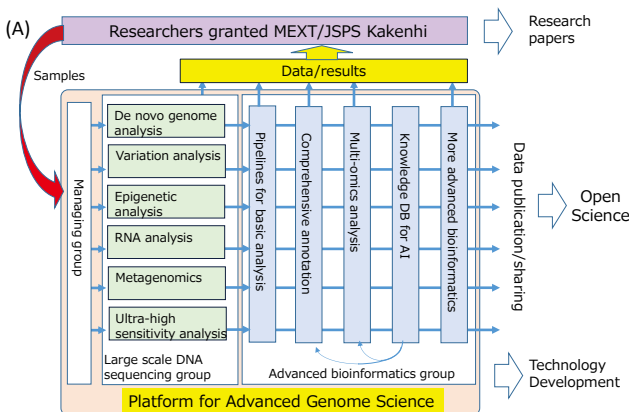
■ Large-scale DNA sequence analysis

- de novo genome analysis
- RNA analysis
- Variation analysis
- Metagenome analysis
- Epigenetic analysis
- Ultra-high sensitivity analysis

■ Advanced bioinformatics analysis

- Pipelines for basic analysis
- Knowledge database for AI
- Comprehensive annotation
- More advanced bioinformatics
- Multi-omics analysis

To promote the PAGS activity, the National Institute of Genetics as the core institution of PAGS has established a network for cooperation with the institutions to which the participating members belong to promote the PAGS activity. Currently 47 members in total are participating in PAGS from 15 universities and research institutes (24 departments).



Members at NIG 遺伝研で活動する参加班員

<http://www.genome-sci.jp/>



KOHARA, Yuji
Principal Investigator, Project Professor
小原雄治
研究支援代表者・特任教授（兼）

□ 大規模ゲノム解析

Large-scale DNA sequencing group

- TOYODA, Atsushi Project Professor
- 豊田 敦 特任教授
- FUJUYAMA, Asao Project Professor
- 一 藤山秋佐夫 特任教授（兼）
- INOUE, Ituro Professor
- 一 井ノ上逸朗 教授

□ 高度情報解析

Advanced bioinformatics group

- KUROKAWA, Ken Professor
- 黒川 顕 教授
- MORI, Hiroshi Assistant Professor
- 一 森 宙史 助教
- NAKAMURA, Yasukazu Professor
- 中村保一 教授

- OGASAWARA, Osamu Project Associate Professor
- 一 小笠原 理 特任准教授
- NOGUCHI, Hideki Project Professor
- 野口英樹 特任教授※
- KONDO, Shinji Project Associate Professor
- 一 近藤伸二 特任准教授※

※情報・システム研究機構データサイエンス共同利用基盤施設所属（○：研究支援分担者、一：連携研究支援者）

参加研究機関

東京大学、東京工業大学、大阪大学、九州大学、札幌医科大学、千葉大学、情報・システム研究機構データサイエンス共同利用基盤施設、産業技術総合研究所、慶応義塾大学、滋賀大学、山梨大学、京都大学、京都府立医科大学、早稲田大学、かずさDNA研究所

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、所内の教員と所外の研究者による「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、2016年度も計79件の共同研究と計13件の研究会を行い、着実な成果をあげています。

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 2016, 79 Collaborative Researches and 13 Research Meetings have been held and achieved excellent results.

▶ Collaborative Research

共同研究

「共同研究」とは、国立遺伝学研究所外の研究者からの申込みに基づき、国立遺伝学研究所内外の研究者数名により、特定の研究課題について共同して行う研究です。次の3種類に分けて募集を行っています。

「共同研究 (A1)」「共同研究 (A2)」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。

Based on the application from researchers outside NIG, NIG researchers collaborate with them for conducting the research on the subject of application. The following three categories are solicited for Collaborative Research [A1], [A2] and [B]. In Collaborative Research [A1] and [A2], 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.

Evolution of dynamin-like gene family in the initial stage of multicellularity

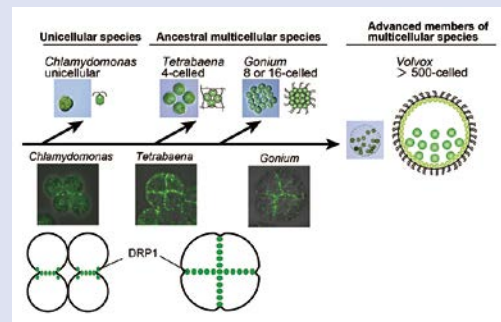
多細胞化初期段階におけるダイナミン遺伝子ファミリーの進化

東京大学大学院
理学系研究科
新垣陽子 大学院生
野崎久義 准教授

Graduate School of Science,
University of Tokyo
ARAKAKI, Yoko, Graduate Student
NOZAKI, Hisayoshi, Associate Professor

多細胞化モデル生物群の緑藻ボルボックス系列は、単細胞のクラミドモナスから500細胞以上のボルボックスまでの中間的進化段階の種を含む。本研究では細胞質分裂に関するダイナミン様タンパク質DRP1の特異的抗体を作成して局在解析を行った。DRP1はクラミドモナスの第二分裂直後の細胞では主に第二分裂面に局在し、4~16細胞性の2種の4細胞胚では第一・第二分裂面の両方に同程度に局在することが明らかになった。

Volvocine lineage is a powerful model for studies of multicellularity. Here our immunofluorescence microscopy with an antibody raised against the volvocine *Tetrabaena* DRP1 demonstrated difference in DRP1 localization in the four-celled stages/embryos between the unicellular and ancestral multicellular volvocine species.



緑藻ボルボックス系列の系統と4細胞期
Phylogeny and four-celled stages in volvocine algae.

▶ Research Meetings

研究会



「研究会」とは、国立遺伝学研究所内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 researchers inside or outside of NIG, Research Meetings in small groups are held for information exchange and active discussion.

NIG Collaboration Grant

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（A1）」、「共同研究（A2）」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（A1）

研究課題

- 1 DNA複製開始因子-DNA修復酵素複合体のX線結晶構造解析
- 2 解糖系の活性化を引き起こす代謝制御機構の解明
- 3 微細藻類の形質転換体系を用いた光合成遺伝子の機能解析
- 4 ミトコンドリアとリソソームの相互作用における分子メカニズムの解明
- 5 Screening of zebrafish transgenic lines in search for fluorescent reporters in pronephros, muscle and nervous system
- 6 Screening of Gal4 Zebrafish lines
- 7 シナプス可塑性操作による動物行動操作
- 8 Screening for thyroid hormones responsive zTRAP lines
- 9 Genetic Profiling of Iron Age Human Remains from the Altay Mountains, Kazakstan
- 10 国立遺伝学研究所所蔵資料のアーカイブズ研究一特に木村資生関係資料および同研究所創設に関する資料について
- 11 古代ゲノムデータに対する解析パイプラインの構築
- 12 縄文人リファレンスゲノムの構築および日本列島人・東アジア人の成立史解明
- 13 Computer simulation of modern human colonisation of Japanese Archipelago using genetic data
- 14 海型・淡水型イトヨにおける浸透圧調節因子の同定
- 15 タンガニカ湖産鱈魚の利きに関わる遺伝子の同定
- 16 メダカ属の日長応答性進化の遺伝機構
- 17 Transcriptome Profiling of Oral Squamous Cell Carcinoma of South India using Next Generation Sequencing
- 18 ゲノム難読領域解読を目指した解析法の検討と実践
- 19 HLA-omicsに基づく薬剤副作用予防診断システムの構築
- 20 熱活性型トランスポソンの転移とその制御機構の解明
- 21 植物におけるエピゲノム動態の解析
- 22 AID法とCRISPR/Cas技術の融合によるヒトRan-GTP濃度勾配の分裂期特異的破壊操作と分裂期機能の解明
- 23 AIDシステムを利用したヒト細胞でのシェルテリン複合体によるテロメア機能の解析
- 24 AID法によるコンディショナル変異ヒト細胞を用いたElg1-RFCの機能解析
- 25 ゲノム編集技術を用いた誘導性ノックダウン法による染色体分配制御機構の解明
- 26 真核生物染色体分配複合体の構造と機能解析
- 27 X線CT装置を用いた祖先型新口動物およびその寄生動物の発生学的・自然史学的研究
- 28 ストレスによる消化管機能異常に対する腸炎モデルマウスを用いた検討
- 29 マウス実験腎炎における腎系球体半月体形成の遺伝的影響
- 30 マウス胎仔高速表現型解析技術の開発
- 31 日本産野生マウス由来のMSM系統およびコンソミック系統を用いた、マウス肺腫瘍発生関連遺伝子のマッピング
- 32 心筋分化機構の解析
- 33 マウス生殖細胞発生におけるRNA結合タンパク質DND1の機能解析
- 34 野生由来コンソミックマウス系統群を用いたアルコール嗜好性の遺伝子メカニズム解析
- 35 野生種マウスにおける情動伝染様式の解析
- 36 琵琶湖固有魚ホンモロコシ生殖細胞の未分化維持、*in vitro*分化培養の開発
- 37 ゼブラフィッシュにおける性転換の起源となる未分化生殖細胞の同定と分離培養
- 38 外生乳酸菌による植物成長促進機構の解明と局所微生物相変化についての遺伝学的検証
- 39 大腸菌染色体の複製ヘリカーゼと新奇分配因子CrfCの細胞内分子動態の解析
- 40 パクテリアアクチンによる細胞極性制御機構の解析
- 41 染色体制御複合体の質量分析解析
- 42 DNA二本鎖切断修復に関与するRecN SMC様タンパク質の機能解析
- 43 チェックポイントタンパク質Rad9の分裂期キナーゼによるリン酸化の普遍的意義

研究代表者

- | | |
|---|---------------------------|
| 山梨大学 大学院総合研究部 | 大山拓次 |
| 長崎大学 医学部共同利用研究センター | 増本博司 |
| 東北大学 大学院生命科学研究所 | 丸山真一郎 |
| 琉球大学 機器分析支援センター | 八木沢美美 |
| Department of Physiological Sciences II. Faculty of Medicine. University of Barcelona | Alejandro Barrallo-Gimeno |
| Institute of Neuropathology, University Medical Center Bonn | Anna Sophia Japp |
| 青山学院大学 理工学部 | 平田普三 |
| Center from Marine Sciences of the Algarve | Marco António Campinho |
| National Laboratory Astana Nazarbayev University, Astana, Kazakstan | Ayken Askapuli |
| 総合研究大学院大学 先導科学研究科 | 飯田香穂里 |
| 東京大学 大学院理学系研究科 | 植田信太郎 |
| 国立科学博物館 人類研究部 | 神澤秀明 |
| Department of Genetics and Evolution, University of Geneva | Da Di |
| 静岡大学 理学部 | 日下部 誠 |
| 富山大学 大学院医学薬学研究部 | 竹内勇一 |
| 琉球大学 熱帯生物圏研究センター | 山平寿智 |
| University of Madras | A.K.Munirajan |
| 国立成育医療研究センター研究所 ゲノム医療研究部 | 要 匡 |
| 金沢大学 医薬保健研究域医学系 | 細道一善 |
| 北海道大学 大学院理学研究院 | 伊藤秀臣 |
| 筑波大学 生命環境系 | 柴 博史 |
| 名古屋大学 大学院理学研究科 | 清光智美 |
| 群馬大学 大学院医学系研究科 | 小西昭充 |
| 兵庫県立大学 大学院生命理学研究科 | 塩見泰史 |
| 東北大学 加齢医学研究所 | 田中耕三 |
| 東京理科大学 基礎工学部 | 西野達哉 |
| 東京大学 大学院理学系研究科附属臨海実験所 | 大森紹仁 |
| 順天堂大学 医学部附属静岡病院 外科 | 折田 創 |
| 順天堂大学 医学部附属静岡病院 腎臓内科 | 清水芳男 |
| 理化学研究所 バイオリソースセンター | 田村 勝 |
| 香川大学 総合生命科学研究センター | 宮下信泉 |
| 広島大学 大学院医歯薬保健学研究院 | 小久保博樹 |
| 横浜国立大学 工学研究院 | 鈴木 敦 |
| 東京都医学総合研究所 依存性薬物プロジェクト | 笠井慎也 |
| 麻布大学 獣医学部 | 菊水健史 |
| 立命館大学 薬学部 | 高田達之 |
| 静岡大学 理学部 | 徳元俊伸 |
| 愛媛大学 理工学研究科 | 井上雅裕 |
| 九州大学 大学院薬学研究院 | 片山 勉 |
| 立教大学 理学部 | 塩見大輔 |
| 名古屋市立大学 大学院システム自然科学研究科 | 田上英明 |
| 学習院大学 理学部 | 菱田 卓 |
| 京都大学 放射線生物研究センター | 古谷寛治 |

研究課題

- 44 ショウジョウバエ成虫脳のグリアサブタイプ特異的に発現する遺伝子の機能解析
- 45 Engineering and analysis of ABC transporter genes in *Drosophila*
- 46 コンパクトな染色体 3D 構造および動態のシミュレーション研究および実験との融合研究
- 47 クロマチン構造ダイナミクスの動力学計算シミュレーション
- 48 変異ラミンAの発現により誘起されるクロマチン動態変化の分子機構
- 49 線虫 *C. elegans* 染色体の無細胞再構築系の確立
- 50 シナプス前終末でのミトコンドリア減少によって引き起こされる神経軸索変性のメカニズム
- 51 細胞内オルガネラの局域の解析
- 52 セントロメア変動の分子機構
- 53 フルクトフィリック乳酸菌の比較ゲノム解析
- 54 低温耐性乳酸菌の低温環境・バイオマス糖質利用下における増殖機構の解明
- 55 シニア専門家との協働作業による遺伝学関係データベースのアンノテーションの高品質化
- 56 ゼニゴケゲノム情報ポータルサイト marchantia.info の構築
- 57 ゲノム進化の動態解析
- 58 1細胞解析を利用したマウス生殖細胞における de novo 突然変異の解明
- 59 ショウジョウバエの生殖様式を決定づける遺伝的機構の解明
- 60 イネの栽培化関連遺伝子の機能解析
- 61 イネにおける葉の表皮構造の遺伝的制御機構の解析
- 62 イネ花粉突然変異体 *waf1* の解析
- 63 イネの胚乳発生にみられる生殖的隔離機構の解明
- 64 イネの形態形成とメリステム機能に関する発生遺伝学的研究
- 65 植物の生殖細胞系列におけるレトロトランスポゾン *LORE1a* の転写機構の解析
- 66 日本産ゲンジおよびヘイケボタルのゲノム解析と遺伝子の地域間比較による多様性解析
- 67 大型類人猿におけるサブテロメア近傍領域の比較ゲノム解析
- 68 木材侵食に関わる昆虫共生微生物群の解明

研究代表者

- | | |
|-------------------------------------|-------------------|
| 杏林大学 医学部 | 栗崎 健 |
| University of Massachusetts Amherst | Michele Markstein |
| 秋田県立大学 システム科学技術学部 | 石本志高 |
| 名古屋大学 大学院工学研究科 | 笹井理生 |
| 千葉大学 大学院融合科学研究科 | 松浦 彰 |
| 山口大学 大学院創成科学研究科 | 原 裕貴 |
| 首都大学東京 理工学研究科 | 安藤香奈絵 |
| 立教大学 理学部 | 後藤 聡 |
| 大阪大学 大学院生命機能研究科 | 深川竜郎 |
| 東京農業大学 生物産業学部 | 遠藤明仁 |
| 農業・食品産業技術総合研究機構 畜産研究部門 | 遠野雅徳 |
| 新潟大学 自然科学系 | 阿部貴志 |
| かずさDNA研究所 | 長崎英樹 |
| 学習院大学 大学院自然科学研究科 | 阿形清和 |
| 大阪大学 大学院生命機能研究科 | 内村有邦 |
| 杏林大学 医学部 | 平井和之 |
| 神戸大学 大学院農学研究科 | 石井尊生 |
| 東京大学 大学院農学生命科学研究科 | 伊藤純一 |
| 秋田県立大学 生物資源科学部 | 上田健治 |
| 横浜市立大学 木原生物学研究所 | 木下 哲 |
| 東京大学 大学院理学系研究科 | 平野博之 |
| 新潟大学 自然科学系 | 深井英吾 |
| 鹿児島大学 学術研究院理工学域理学系 | 加藤太一郎 |
| 国立成育医療研究センター ゲノム医療研究部 | 黒木陽子 |
| 北海道大学 大学院農学研究院連携部門 | 高須賀太一 |

共同研究 (A2)

研究課題

- 1 NMDA receptor silencing in developing cortical subplate neurons
- 2 Genetic and Translational Modeling of Pediatric Fusion Gene-Positive Sarcomas in Zebrafish
- 3 Identification of zebrafish gene/enhancer TRAP lines for the differential analysis of autonomic innervation in the endocrine pancreas
- 4 Somatic mutation detection in primary central nervous systems lymphoma
- 5 Control of DNA dynamics : Interplay between DNA compaction and gene expression
- 6 1 分子蛍光偏光顕微鏡法による細胞内染色体 DNA の分子配向マッピング

研究代表者

- | | |
|---|---------------------|
| National Taiwan University | Li-Jen Lee |
| University of Texas Southwestern Medical Center | James F. Amatruda |
| Max Planck Institute for Heart and Lung Research | Yu Hsuan Carol Yang |
| Cancer Center, Affiliated Hospital of The Academy of Military Medical Sciences (AMMS), Beijing, China | Hua You |
| INSERM / University of Lyon, FRANCE | Lesterlin Christian |
| ウツホール海洋生物学研究所 | 谷 知己 |

共同研究 (B)

研究課題

- 1 多細胞化初期段階におけるダイナミン遺伝子ファミリーの進化
- 2 環境 DNA を用いた回遊性魚類における季節性検出技術の開発
- 3 ヒト細胞における DNA ポリメラーゼ機能のゲノムワイド解析
- 4 毛周期の繰り返し回数をカウントするマウス長周期生物時計遺伝子の同定
- 5 デメキン原因遺伝子の同定

研究代表者

- | | |
|--------------------|------|
| 東京大学 大学院理学系研究科 | 野崎久義 |
| 北海道大学 大学院農学研究院 | 荒木仁志 |
| 東北大学 学際科学フロンティア研究所 | 大学保一 |
| 長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部 | 山本博章 |
| 大阪大学 蛋白質研究所 | 大森義裕 |

研究会

研究課題

- 1 水圏微生物のエネルギー利用戦略とその相互作用に関する研究会
- 2 ゲノム医学とバイオインフォマティクスの接点と集学研究
- 3 転移因子と宿主の相互作用による生命機能と進化

研究代表者

- | | |
|-------------------|-------|
| 福井工業大学 環境情報学部 | 柏山祐一郎 |
| 国立遺伝学研究所 人類遺伝研究部門 | 井ノ上逸朗 |
| 名古屋大学 大学院生命農学研究科 | 一柳健司 |

研究課題

- 4 Fine tuning of Notch signaling activity : its importance and mechanisms
- 5 行動遺伝学研究会：個体の繋がり分子進化研究
- 6 単細胞システム細胞装置のダイナミズム
- 7 生物ゲノム安定維持の分子機構
- 8 ショウジョウバエの生殖生物学
- 9 クロマチン・細胞核の動的構造変換とエピジェネティック制御
- 10 分子進化学の現状と今後の展望
- 11 次世代モデル生物におけるゲノム情報利用ワークショップ
- 12 イネ属近縁野生種研究会—遺伝的多様性の分子育種への活用—
- 13 イネ分子遺伝学の彷徨

研究代表者

- | | |
|----------------------|------|
| 大阪大学 大学院理学研究科 | 松野健治 |
| 麻布大学 獣医学部 | 菊水健史 |
| 京都大学 ウイルス研究所 | 秋山芳展 |
| 名古屋大学 環境医学研究所 | 萩 朋男 |
| 杏林大学 医学部 | 栗崎 健 |
| 基礎生物学研究所 クロマチン制御研究部門 | 中山潤一 |
| 首都大学東京 都市教養学部 | 野澤昌文 |
| ライフサイエンス統合データベースセンター | 坊農秀雅 |
| 神戸大学 大学院農学研究科 | 石川 亮 |
| 東京大学 大学院農学生命科学研究科 | 伊藤純一 |

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
協和発酵キリン株式会社 キリン株式会社 株式会社プリヂストーン 旭化成ファーマ株式会社	トランスポソンの哺乳動物細胞への応用に関する研究 酵母の醸造形質原因遺伝子の解明 パラゴムノキの遺伝子データベース構築 次世代シーケンサーを用いた自己免疫疾患関連遺伝子の発現解析に関する研究	初期発生研究部門 教授 川上浩一 大量遺伝情報研究室 教授 中村保一 大量遺伝情報研究室 教授 中村保一 人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗	'10.01.01~'17.03.31 '15.10.15~'16.10.14 '16.04.01~'17.03.31 '16.04.01~'17.03.31
協同乳業株式会社	ポリミアン合成関連遺伝子改変マウスの作製及び系統樹立	マウス開発研究室 准教授 小出 剛 助教 吉見一人	'16.04.01~'17.03.31
株式会社モノクローナル抗体研究所 三菱レイヨン株式会社 株式会社三菱化学科学技術研究センター 田辺三菱製薬株式会社 Genome Research Limited	モノクローナル抗体によるクロマチン修飾解析法の評価 メタゲノム情報による微生物叢の機能解析技術に関する研究 創薬ツールとしての遺伝子改変魚の作製 Synthetic growth and lethal screenings with the loss of MCM8/9 using CRISPR/Cas9	先端ゲノミクス推進センター 特任教授 藤山秋佐夫 ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕 初期発生研究部門 教授 川上浩一 分子細胞工学研究部門 教授 鐘巻将人	'16.04.01~'17.03.31 '16.04.01~'17.03.31 '16.07.01~'17.06.30 '16.09.20~'19.09.20
エパル・リサーチ・アド・テクノロジー合同会社 理化学研究所 理化学研究所 理化学研究所	集団型全自動マウス行動試験装置を用いた基礎データの収集 形態異常を示す各種突然変異マウスの解析 非対称細胞分裂に関与する遺伝子の研究 FANTOM5プロジェクトのための新データセットの作成	マウス開発研究室 准教授 小出 剛 哺乳動物遺伝研究室 教授 城石俊彦 多細胞構築研究室 教授 澤 斉 生命情報研究センター 特任教授 五條堀 孝 准教授 池尾一穂	'16.10.20~'17.03.31 '08.04.01~'17.03.31 '11.10.01~'17.03.31 '11.02.18~'17.03.31
理化学研究所	次世代シーケンサー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	'11.09.01~'17.03.31
理化学研究所 海洋研究開発機構 東北大学 東北メディカル・バンク機構 東北大学 東北メディカル・バンク機構 東海大学 大阪医科薬科大学 大阪大学蛋白質研究所 千葉大学	微小官形成中心を阻害する低分子化合物の探索 環境影響評価・修復法の開発へ向けた環境メタゲノム解析 ゲノム情報などの機微性が高い情報の震災に備えたバックアップの研究 日本列島人のゲノム多様性に関する研究 臍帯血を利用した再生医学、免疫学、腫瘍医学研究 小型魚類を用いた新規心臓関連遺伝子の同定と解析 キンギョゲノム解読を目指した研究 Tm2d3 ノックアウトマウスの作成と表現型解析	中心体生物学研究部門 教授 北川大樹 比較ゲノム解析研究室 特任教授 豊田 敦 データベース運用開発研究室 教授 高木利久 集団遺伝研究部門 教授 斎藤成也 人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗 初期発生研究部門 教授 川上浩一 先端ゲノミクス推進センター 特任教授 藤山秋佐夫 発生工学研究室 教授 相賀裕美子	'16.07.01~'18.03.31 '14.04.01~'19.03.31 '14.08.01~'19.03.31 '16.07.08~'17.3.31 '15.02.19~'18.03.31 '15.04.01~'17.03.31 '15.07.01~'17.06.30 '16.12.01~'17.11.30

Commissioned Research

委託者	研究課題（研究題目）	研究代表者	契約期間
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	共生細胞進化研究部門 教授 宮城島進也	'12.04.01~'17.03.31
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	生命情報研究センター 特任教授 五條堀 孝	'12.04.01~'17.03.31
科学技術振興機構	ゲノム折り畳み・転写動態のイメージングと転写モデルの検証	生体高分子研究室 教授 前島一博	'15.10.01~'18.03.31

委託者	研究課題（研究題目）	研究代表者	契約期間
科学技術振興機構	包括的1細胞トランスクリプトーム解析と組織多様性のパイオインフォマティクス	遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂	'16.10.01～'17.03.31
科学技術振興機構	ゲノム解析アプリケーション技術に関する研究	DDBJセンター 特任准教授 小笠原 理	'15.10.01～'17.03.31
科学技術振興機構	DNAメチル化変動のゲノムワイド解析を中心としたエピゲノム頑健性の理解と設計基盤の構築	育種遺伝研究部門 教授 角谷徹仁	'15.12.01～'18.03.31
科学技術振興機構	デグロン変異細胞創出のための基盤技術開発	分子細胞工学研究部門 教授 鐘巻将人	'13.10.01～'17.03.31
科学技術振興機構	病害応答時におけるクロマチン動態に関するQTL解析集団の作成	育種遺伝研究部門 助教 稲垣宗一	'16.10.01～'17.03.31
科学技術振興機構	遺伝統計学的計算手法の開発とデータ登録	人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗	'14.04.01～'17.03.31
科学技術振興機構	微生物DBの高度化と配列解析支援の開発と提供	大量遺伝情報研究室 教授 中村保一	'14.04.01～'17.03.31
科学技術振興機構	メタゲノム及び微生物DBシステムの高度化と統合解析システムの開発	ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕	'16.04.01～'17.03.31
科学技術振興機構	系統関係検証	生命ネットワーク研究室 教授 有田正規	'16.10.01～'17.03.31
科学技術振興機構	スペクトル解析プラットフォームの構築	生命ネットワーク研究室 教授 有田正規	'13.11.01～'17.03.31
日本医療研究開発機構	細胞核のマイクロメカニクスと機械受容メカニズムの解明	定量メカバイオロジー研究室 准教授 島本勇太	'16.04.01～'17.03.31
名古屋大学(日本医療研究開発機構)	次世代シーケンサー(NGS)による宿主因子探索のためのシステム開発とデータ解析	遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂	'16.04.01～'17.03.31
名古屋大学(日本医療研究開発機構)	ゲノム不安定性疾患遺伝子変異データベースの構築	大量遺伝情報研究室 教授 中村保一	'16.04.01～'17.03.31
農林・食品産業技術総合研究機構	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	'16.04.01～'17.03.31
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	'16.04.01～'17.03.31

2016年度 科学技術人材育成費補助金

事業名	事業実施センター責任者	事業実施期間
文部科学省 テニュアトラック普及・定着事業	新分野創造センター センター長 相賀裕美子	'15.08.06～'17.03.31

2016年度 医療研究開発推進事業費補助金

ナショナルバイオリソースプロジェクト(NBRP)

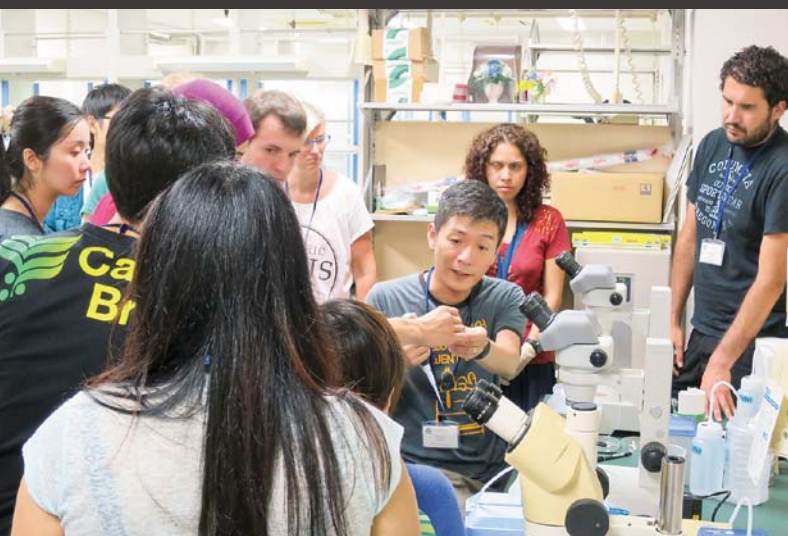
研究課題（研究題目）	課題管理者	研究期間
日本医療研究開発機構 イネ属の多様性を生かすリソース基盤の構築	植物遺伝研究室 教授 佐藤 豊	'16.04.01～'17.03.31
日本医療研究開発機構 モデル原核生物(大腸菌・枯草菌) 遺伝資源の整備と活用	原核生物遺伝研究室 教授 仁木宏典	'16.04.01～'17.03.31
日本医療研究開発機構 ショウジョウバエ遺伝資源の総合的維持管理および提供	生物遺伝資源センター 特任教授 上田 龍	'16.04.01～'17.03.31
日本医療研究開発機構 ゼブラフィッシュの収集・保存および提供(トランスジェニックゼブラフィッシュ系統及び近交系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	'16.04.01～'17.03.31
日本医療研究開発機構 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	'16.04.01～'17.03.31
日本医療研究開発機構 起源を異にするカイコ近交系のゲノムリシーケンシング(2)	比較ゲノム解析研究室 特任教授 豊田 敦	'16.10.01～'17.03.31
日本医療研究開発機構 1分子リアルタイムDNAシーケンサーによるMSM/Ms系統のリシーケンシングと公開	哺乳動物遺伝研究室 助教 高田豊行	'16.10.01～'17.03.31
日本医療研究開発機構 NIESコレクションのシアロバクテリアのゲノム情報整備	大量遺伝情報研究室 教授 中村保一	'16.10.01～'17.03.31

創薬等ライフサイエンス研究支援基盤事業

日本医療研究開発機構 構造生命科学データクラウドの構築運用と高度化	生命情報研究センター 特任教授 由良 敬	'15.04.01～'17.03.31
日本医療研究開発機構 創薬等支援のための大規模シーケンスデータのためのゲノム解析支援と高度化	遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂	'15.04.01～'17.03.31

International Activities

国際交流



■ 国際共同研究や国際トレーニングコースの開催

国立遺伝学研究所では、国外の研究者との共同研究を推進しています。一例として「初期発生研究部門 川上研究室」では、世界最大規模のトランスジェニックゼブラフィッシュリソースを活用した発生生物学・神経科学研究の分野での国際共同研究を展開しています。2016年度は、アルガルヴェ大学（ポルトガル）、ボン大学（ドイツ）、バルセロナ大学（スペイン）、マックスプランク研究所（ドイツ）、テキサス大学（アメリカ）、センターヘルムホルツ（ドイツ）等からの研究者を短期間受け入れ、研究に有用な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してもらう「shelf-screening」を実施しました。また、日本の研究者コミュニティ全体のグローバル化を支援するために、独自に開発した科学英語教育プログラム「遺伝研メソッド」の普及をめざした啓発活動や支援活動を行っています。2016年度は遺伝研でScientific Presentationのトレーニングコースを実施したほか、大学等で研修や講習会を開催しました。

■ International Collaboration and International Training Course

NIG actively supports international collaboration among researchers worldwide. For instance, the Division of Molecular and Developmental Biology under the direction of Prof. Kawakami is conducting joint research in the field of developmental biology and neuroscience using the world's largest transgenic zebrafish resource. In 2016, researchers from the University of Algarve (Portugal), University Medical Center Bonn (Germany), University of Barcelona (Spain), Max Planck Institute (Germany), University of Texas (USA), and Helmholtz Centre (Germany) visited Kawakami lab and performed genetic screens to find fish that will be useful for their research ("shelf-screen"). NIG also aims to promote international collaboration through enhancing scientific communication skills. NIG has developed an educational curriculum for effective scientific presentation – called the "NIG Method" – and disseminates this methodology to aid globalization of the scientific community. In 2016 we organized a training course on scientific presentation at NIG, and also gave lectures and courses at various universities.



■ 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。2016年度は“Genome Evolution at Mishima” (GEM) と銘打って、集団遺伝研究部門の齋藤成也教授を委員長とする国際シンポジウム実行委員会メンバーがこのシンポジウムを遺伝研の講堂で開催しました。太田朋子名誉教授を含めて、のべ70名を越える参加者（うち海外から11名、外国人17名、学生12名）が参加し、3日間にわたり熱心な議論を繰り広げました。またこのシンポジウムを第1回目として、今後もゲノム進化に関する国際シンポジウムを開催してゆくことを決議しました。

■ NIG International Symposium

NIG has been organizing and sponsoring international symposia and promoting academic interactions among researchers from diverse backgrounds and disciplines for contributing to advance the frontiers of genetics. This year we supported the international symposium “Genome Evolution at Mishima: GEM”. Members of GEM Symposium organizing committee, chaired by Prof. Saitou Naruya at Division of Population Genetics, ran the symposium. More than 70 investigators, including Professor emeritus Ohta Tomoko, attended this three-day symposium. Attendees included 11 invited speakers from abroad, 17 foreigners, and 12 students. We decided to continue symposia on genome evolution as GEM at Mishima as the first one.

GEMウェブサイト =

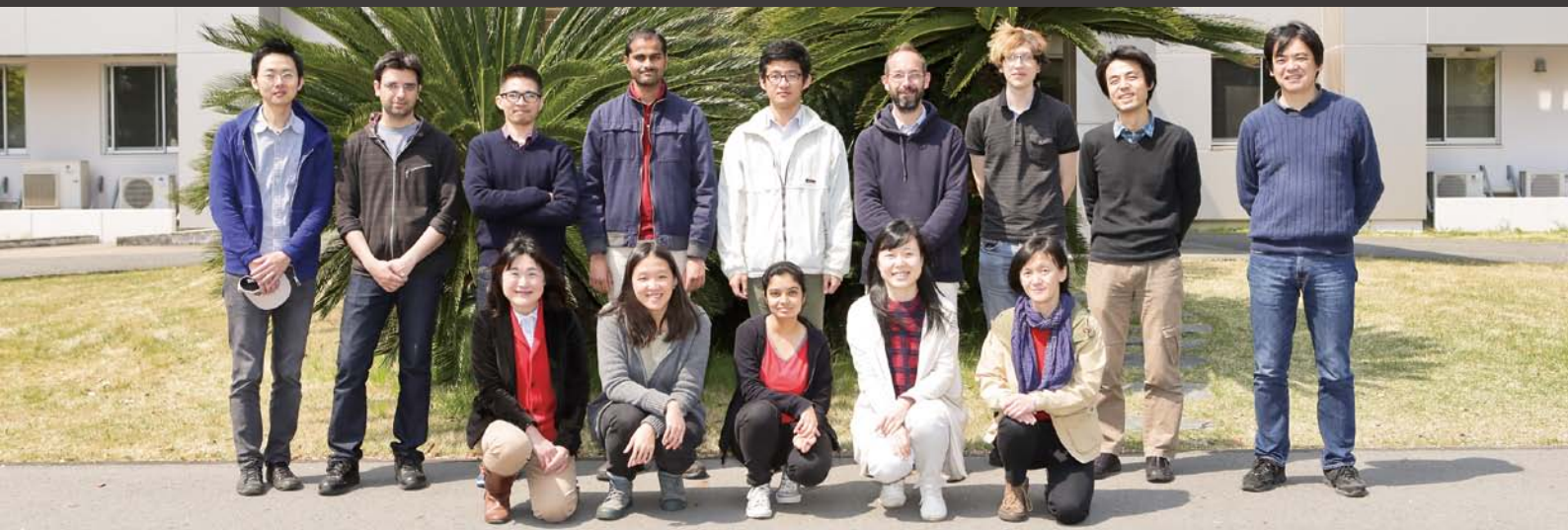
http://www.saitou-naruya-laboratory.org/meetings/GEM_March0017.html

- 会期：2017年3月27-29日
- 場所：国立遺伝学研究所（三島）

GEM website =

http://www.saitou-naruya-laboratory.org/meetings/GEM_March0017.html

- Date: March. 27-29, 2017
- Venue: Conference Hall, National Institute of Genetics (Mishima)



■ 外国人研究者に対するサポート

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。また、日本語の無料レッスンも行っています。



■ Support for International Researchers

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: <https://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

Hosting Foreign Scientists 外国人研究者の受け入れ

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

Postdoc 博士研究員 LEE, KyungBum 李 慶範	Reception and quality control of the massive submissions at DDBJ 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 Center DDBJセンター
Postdoc 博士研究員 LIU, Hua 劉 華	Analysis of RNA-binding proteins promoting germ-cell development in rice イネの生殖細胞発生に関わるRNA結合蛋白質の解析	Experimental Farm 実験農場
Postdoc 博士研究員 JIN, Yinhua 金 銀華	Study on asymmetric cell division in <i>C. elegans</i> 線虫の非対称分裂機構の研究	Multicellular Organization Laboratory 多細胞構築研究室
Postdoc 博士研究員 AILANI, Deepak アイラニ, ディーパック	Genetic studies on behaviors and brain functions in zebrafish ゼブラフィッシュにおける行動と脳機能の遺伝学的解析	Division of Molecular and Developmental Biology 初期発生研究部門
Postdoc 博士研究員 MISHRA, Neha ミシュラ, ネハ	Large-scale NGS data based population genetics research and analysis tool development NGS大量配列を用いた集団遺伝学研究と解析ツール開発	Genome Informatics Laboratory 大量遺伝情報研究室
Researcher 研究員 LI, Donghan 李 東晗	Analysis of lipid spectra and international coordination 脂質マススペクトルの解析と国際連携	Laboratory of Biological Networks 生命ネットワーク研究室
Researcher 研究員 HETTIARACHCHI, Nadeeka Nilmini ナディカ, ニルミニ, ヒッチアラチ	Development of the database of bioactive lipids 生理活性脂質データベースの構築	Laboratory of Biological Networks 生命ネットワーク研究室

Activities and Events for Research Promotion

研究を促進するための活動と行事

▶ Activities for Research Promotion

研究を促進するための活動



NIG Colloquium
内部交流セミナー



Biological Symposium presented by Dr. Job Dekker
バイオロジカルシンポジウム Dr. Job Dekker 講演

■ 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70回行われています。

■ NIG Colloquia

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

■ Biological Symposia

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

▶ Events

行事



Open House on April 8, 2017
一般公開 2017年4月8日



Public Lecture Presented by Dr. Oda Yoshihisa
公開講演会 小田祥久 准教授講演

■ 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の方々に公開しています。

■ 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、一般の方々に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 2016年度の公開講演会

● 講演タイトル

細胞を見ればわかる! 植物の不思議/小田祥久 准教授

バイオインフォマティクスと未来社会/黒川 顕 教授

■ 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.

■ Public Lecture

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



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メンデル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

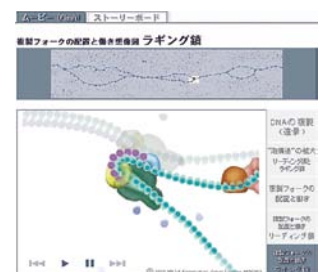
ゲノムプロジェクトにより、生命現象の基本プログラムの詳細な姿を明らかにするための基礎となる「情報」が日々蓄積されています。それらは、ゲノムの構造と密接に関連した生物情報知識ベースとしてコンピュータ化され、バイオサイエンス研究の基盤情報として広く使われているのです。

■ 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・翻訳される様子を3Dのムービーにしました。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?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。



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

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元で、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。

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/phd-program/main-page-top/main-page>

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.

<https://www.nig.ac.jp/nig/phd-program/main-page-top/main-page>



Department of Genetics, School of Life Science, SOKENDAI

総合研究大学院大学 生命科学研究科 遺伝学専攻



遺伝研で学びませんか？

▶ SOKENDAI

遺伝学専攻の特色

■ 質の高い研究

遺伝研は国内外の研究者の共同利用を目的とした研究機関です。整備されたDNAデータベース、数多くの実験生物系統などの遺伝資源、最先端の共通機器等、生命科学の基礎研究を遂行するための環境が全て揃っています。ここでは、約40の研究グループがそれぞれのテーマに向かって自由に研究活動を展開し、得られた研究成果を世界へと発信しています。論文引用度や科学研究費の採択率がここ数年間常にトップクラスであることも、当研究所で行われている研究が国際的にみても高水準であることを裏付けています。質の高い研究に支えられた研究主導型の教育は、SOKENDAI・遺伝学専攻で学ぶ大きな利点です。

■ 少人数教育

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。

■ 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 variants and mutant strains of various model organisms, and state of the art research equipments.

■ Small Lab Size

Unlike most other Japanese universities that retain the “pyramid” lab structure, professors and associate professors organize independent research groups at NIG. Each group is small; a typical lab consists of fewer than ten people. Thus, the ratio of faculty to students is extremely high, an average of 2.08 faculty / student. This enables the graduate students to have frequent and in-depth discussions with faculty – something not possible at institutions with an undergraduate program, which must accept several students per faculty every year, not counting undergraduate students!





■ 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。基礎的知識の教授と議論が中心の授業を併設し、原著論文を批判的に読み、ディスカッションすることを通して「考える力」や「討論する力」を育てることを重視しています。遺伝研で行われる授業だけでなく、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。また、英語による口頭発表や論文作成など、成果発表のための実践的技術を身につけるための授業も行っています。遺伝研では、多岐分野にわたるセミナーが頻繁に開催されています。週1度の所内演者による内部交流セミナーに加えて、国内外の著名研究者を招いたバイオリジカルシンポジウムが毎週のように開かれ、活発な論議が行われています。セミナー演者と大学院生との昼食会に参加すれば、あこがれの研究者と実際に会って個人的に話をすることができます。

■ 複数教員による教育制度

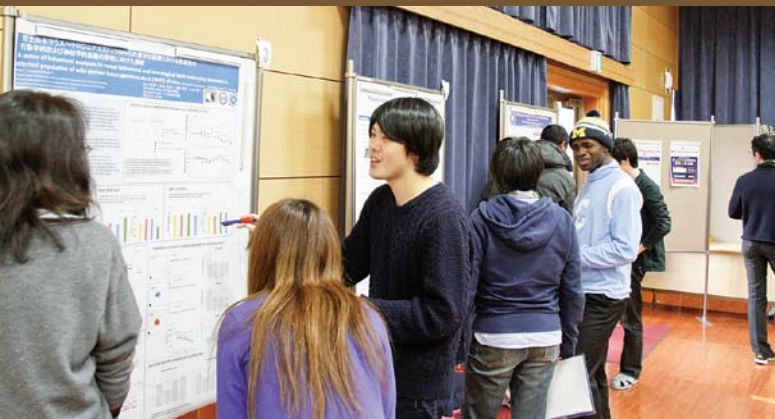
遺伝学専攻は、「一人一人の大学院生を全教員で指導する」という理念のもとに大学院教育を行っています。もちろん各大学院生はそれぞれ一人の指導教員のもとでその研究グループに所属して研究を行います。それを補う形で、複数教員の指導によるユニークな「生命科学プログレス制度」を実施しています。この制度は、「各々の学生が選んだ教員が小委員会を組織し、学生の相談にのり助言をおこなう」というものです。5年一貫制博士課程の1、3年次では、指導教員以外の教員1名との個人面談で研究計画の討論を行い、研究テーマの設定について助言を得ることができます（生命科学プログレスⅠ、Ⅲ）。2、4年次には、それまでの研究内容のレポートを提出し、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）。それ以外にも学生は年一回プログレスポスター発表会で研究発表を行います。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。

■ 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. The courses are designed to foster critical thinking and logical discussion skills. Courses on scientific presentation and scientific writing are also offered. Using a remote lecture system students can take courses in various disciplines provided by other departments of SOKENDAI. A large number of seminars covering various fields of life sciences are held at NIG, including “Biological Symposia” featuring eminent scientists from all over the world. In addition, members of NIG present their progress during the past year at weekly “NIG Colloquia”. Graduate students are invited to lunch with seminar speakers, where students have a chance to personally talk with internationally renowned scientists. Almost all the seminars are given in English, and the graduate course lectures are also given in English. Knowledge of Japanese is not required for completing the graduate program and obtaining PhD degree.

■ Team Teaching

NIG has a policy that “all” faculty members should be involved in the education of each student. In addition to the thesis advisor (PI of the lab in which the student belongs to) students receive guidance and support from the “Progress Committee”, whose members are selected by each student from outside their own research group. 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. In addition, students have opportunities to present their work every year in poster progress sessions, and have discussions with the committee as well as other faculty and postdoctoral fellows. By providing a friendly and stimulating environment to have in-depth discussions with researchers in other fields, this program helps students to broaden their views and to find breakthroughs when research is not going smoothly. It also gives opportunity to prepare for presenting seminars at conferences.



■ 研究者間の活発な交流

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

■ 生命科学リトリート

総研大の生命科学研究科は、遺伝研を基盤機関とする遺伝学専攻、岡崎の生理研、基生研を基盤機関とする生理科学専攻、基礎生物学専攻から成り立っています。これら3専攻に葉山の生命共生体進化専攻を加えた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。

■ 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 advantage 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.

■ 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.





▶ Various Aids to Students

学生に対する様々な支援活動

大学院生としての生活は人生の中で決して「楽な」時期ではありません。一人前の研究者と同様に高いレベルの研究成果をあげること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」と言う目標を達成するために出来る限りの支援をしようとしています。

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

■ 経済的支援

遺伝学専攻では、大学院生をリサーチアシスタントに採用し、給与を支給しています。額は5年一貫制1、2年次が年額55万円、3年次以上が年額60万円です。また、日本学生支援機構の奨学金の貸与を希望する者は、入学後選考のうえ、日本学生支援機構に推薦します。最近の実績では、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。

■ 就職支援活動

在学生や修了生を対象に、「求人情報のメーリングリスト」を作成しています。個々の教員に寄せられるポス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。遺伝学専攻は、静岡大学博士人材キャリア創造プログラムと、岡山大学若手研究者キャリア支援センターと協定を結んでおり、企業への就職を希望する学生の相談にも対応します。

■ 海外での学会参加の助成

研究成果をあげたら、次は国際学会での発表です。遺伝学専攻では、学生の国際学会への参加旅費を援助し、発表を奨励しています。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。

■ 遺伝研宿舎

遺伝学専攻には学生が入居できる宿舎があります。一人部屋と3人部屋があり、それぞれに、バス・キッチン・トイレを完備しています(3人用は共用になります)。

■ 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・議論・表現する力」を獲得できるよう、遺伝学専攻は独自に開発した「遺伝研メソッド」による研究者育成を行っています。詳細は以下 URL をご覧ください。

https://www.nig.ac.jp/jimu/soken/courses/OSC/OSC_1.html

■ 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.

■ Aid in Finding a Job

To help our graduates find jobs after obtaining their degrees, NIG collects recruitment information for positions such as post-docs and assistant professors and informs the graduate students and alumni using a web page and a mailing list. The Department of Genetics has agreements with two external programs that support career development of students in PhD courses.

■ Travel Funds

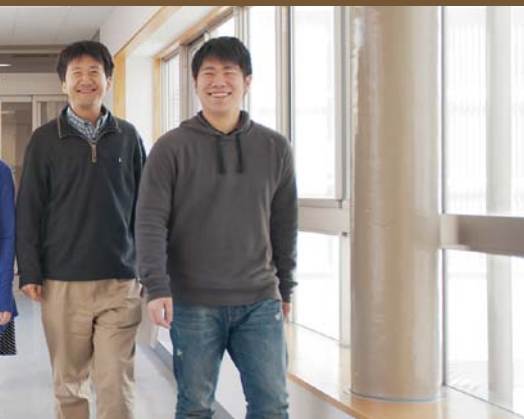
Once you have obtained interesting results and polished your presentation skills, it's time to show them off at international meetings. Indeed, many NIG graduate students have been selected to present their work as oral presentations at prestigious international conferences. NIG students are eligible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

■ NIG Dormitory

The NIG dormitories are available for students. There are two options: Private Unit and Shared Unit (residents will be provided their own rooms).

■ Courses on Scientific Writing and Presentation

Scientists must not only make new discoveries, but also communicate new findings effectively to others. The ability to present and discuss science in English is thus an essential skill that must be learned within your graduate career. The Department of Genetics offers many courses and workshops on scientific writing and presentation, including a special scientist training program called "NIG Method". For details please take a look at the following URL: https://www.nig.ac.jp/jimu/soken/courses/OSC/OSC_1.html



▶ Research Internship

体験入学プログラム

■ 学部学生のための遺伝研体験プログラム

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

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/phd-program/taiken>

■ Undergraduate Research Internships at NIG

NIG offers a 6-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.

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

▶ Graduate Education at NIG

大学院進学を考えている人へ

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

Educating future generations of scientists is central to the mission of NIG. Our graduate program provides many opportunities for students to gain scientific knowledge and professional skills. We look forward to your active participation in the program. Below is an example of a first-authored recent publication by a NIG graduate student.



Telomere visualization in tissue sections using pyrrole-imidazole polyamide probes.

Sasaki, A., Ide, S., Kawamoto, Y., Bando, T., Murata, Y., Shimura, M., Yamada, K., Hirata, A., Nokihara, K., Hirata, T., Sugiyama, H., and Maeshima, K. (2016). *Sci Rep* 6, 29261.

佐々木飛鳥 (D4)

遺伝研は研究に集中できる素晴らしい環境です。進学を悩んでいる人は、まず体験入学や説明会などで遺伝研に来て空気を感じてみてください。

SASAKI, Asuka (D4)

NIG is the good place for students to research. I recommend students to come and feel the atmosphere of NIG.

▶ Programs to Host Researchers

遺伝研で研究しよう

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。詳細は以下 URL をご覧ください。

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/about-nig/how-to>

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-funded postdoc positions (NIG postdoctoral fellow), 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.

NIG Data

遺伝研データ



(2017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.

漆原秀子 URUSHIHARA, Hideko	筑波大学名誉教授 Professor Emeritus, University of Tsukuba	舘田英典 TACHIDA, Hidenori	九州大学大学院理学研究院教授 Professor, Faculty of Sciences, Kyusyu University
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	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	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	花岡文雄 HANAOKA, Fumio	筑波大学生命領域学際研究センター長 Research Director, Life Science Center of Tsukuba Advanced Research Alliance
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	理化学研究所多細胞システム形成研究センターチームリーダー Team Leader, Center for Developmental Biology, RIKEN
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	森川耿右 MORIKAWA, Kousuke	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	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji	総合遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Integrated 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	相賀裕美子 SAGA, Yumiko	新分野創造センター長 Head, Center for Frontier Research	岩里琢治 IWASATO, Takuji	個体遺伝研究系教授 Professor, Department of Developmental Genetics
川上浩一 KAWAKAMI, Koichi	個体遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Developmental Genetics	仁木宏典 NIKI, Hironori	系統生物研究センター長 Head, Genetic Strains Research Center	前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro	構造遺伝学研究センター教授 Professor, Structural Biology Center
斎藤成也 SAITOU, Naruya	集団遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Population Genetics	澤 斉 SAWA, Hitoshi	構造遺伝学研究センター長 Head, Structural Biology Center		

(所内委員)

アドバイザーズボード 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.

大隅良典 OHSUMI, Yoshinori	東京工業大学名誉教授 Honorary Professor, Tokyo Institute of Technology	WIESCHAUS, Eric	Professor, Princeton University
榊 佳之 SAKAKI, Yoshiyuki	東京大学名誉教授 Professor Emeritus, The University of Tokyo	SULSTON, John	Honorary Faculty, Sanger Institute
竹市雅俊 TAKEICHI, Masatoshi	理化学研究所多細胞システム形成研究センター特別顧問 Senior Advisor, Center for Developmental Biology, RIKEN	HUNT, Tim	Emeritus Group Leader, The Francis Crick Institute

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 ROIS head-quarters.

研究企画担当 Research Planning	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	情報・システム研究機構 戦略企画会議担当 ROIS Strategic Planning Committee	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	男女共同参画推進室担当 Gender Equality	平田たつみ HIRATA, Tatsumi
	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	評価担当 Evaluation	中村保一 NAKAMURA, Yasukazu		
	仁木宏典 NIKI, Hironori	知財担当 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		(所内委員) NIG members	
北川大樹 KITAGAWA, Daiju	分子遺伝研究系教授 Professor, Department of Molecular Genetics	北川大樹 KITAGAWA, Daiju	分子遺伝研究系教授 Professor, Department of Molecular Genetics
(所外委員) Non-NIG members		角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji	総合遺伝研究系教授 Professor, Department of Integrated Genetics
舘田英典 TACHIDA, Hidenori	九州大学大学院理学研究院教授 Professor, Faculty of Sciences, Kyusyu University	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	系統生物研究センター教授 Professor, Genetic Strains Research Center
花岡文雄 HANAOKA, Fumio	筑波大学生命領域学際研究センター長 Research Director, Life Science Center of Tsukuba Advanced Research Alliance	相賀裕美子 SAGA, Yumiko	系統生物研究センター教授 Professor, Genetic Strains Research Center
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		

(2017年度委員)

各種／個別委員会 委員長 NIG Committees (Chair)

将来計画委員会 Future Planning	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	図書委員会 Library	北野 潤 KITANO, Jun	遺伝学博物館委員会 Museum of Genetics	齋藤成也 SAITOU, Naruya
予算委員会 Budget	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	セミナー委員会 Seminar	宮城島進也 MIYAGISHIMA, Shin-ya	国際化推進委員会 Internationalization	明石 裕 AKASHI, Hiroshi
施設整備委員会 Facility Management	仁木宏典 NIKI, Hironori	事業委員会 NIG Projects	前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro	博士研究員選考委員会 PD Selection	木村 暁 KIMURA, Akatsuki
共通機器委員会 Common Equipment	川上浩一 KAWAKAMI, Koichi	広報委員会 Publicity	木村 暁 KIMURA, Akatsuki		
電子計算機委員会 Computer	有田正規 ARITA, Masanori	知的財産委員会 Intellectual Property	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji		

放射線安全委員会 RI Safety	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	マウス小委員会 Mouse Bioresource	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	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
遺伝子組換え実験安全委員会 Recombinant Experiments	井ノ上逸朗 INOUE, Ituro	イネ小委員会 Rice Bioresource	佐藤 豊 SATO, Yutaka	安全衛生委員会 Safety & Health	井ノ上逸朗 INOUE, Ituro
動物実験委員会 Animal Experiment	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	大腸菌小委員会 E. Coli Bioresource	仁木宏典 NIKI, Hironori	利益相反委員会 Conflict of Interests	所長 Director-General
防火・防災管理委員会 Fire & Disaster Prevention	管理部長 General Manager	ハラスメント防止・対策委員会 Harassment Prevention	副所長 Vice-Director	DNA データ研究利用委員会 DNA Database Advisory	高木利久 TAKAGI, Toshihisa
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	人を対象とする研究倫理審査委員会 Ethics of Research Involving Human Subject	大久保公策 OKUBO, Kosaku	マウス研究支援ユニット運営委員会 Mouse Research Supporting Unit	相賀裕美子 SAGA, Yumiko

(2016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)

金城 玲 KINJO, Akira	大阪大学蛋白質研究所准教授 Associate Professor, Institute for Protein Research, Osaka University	星 潤一 HOSHI, Jun-ichi	科学技術振興機構バイオサイエンスデータベースセンター企画運営室長 Director, Department of Planning and management, NBDC Japan Science and Technology Agency
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	松岡 聡 MATSUOKA, Satoshi	東京工業大学学術国際情報センター教授 Professor, Tokyo Institute of Technology Global Scientific Information and Computing Center
長洲毅志 NAGASU, Takeshi	科学技術振興機構バイオサイエンスデータベースセンター統合化推進プログラム研究総括 Research Supervisor, Database Integration Coordination Program, NBDC Japan Science and Technology Agency	松本 隆 MATSUMOTO, Takashi	農業・食品産業技術総合研究機構次世代作物開発研究センター基盤研究領域長 Director, Division of Basic Research, Institute of Crop Science, National Agriculture and Food Research Organization
服部正平 HATTORI, Masahira	早稲田大学理工学術院先進理工学研究科教授 Professor, Graduate School of Advanced Science and Engineering, Faculty of Science and Engineering, Waseda University	宮野 悟 MIYANO, Satoru	東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター教授 Professor, Human Genome Center, Institute of Medical Science, The University of Tokyo
林 哲也 HAYASHI, Tetsuya	九州大学大学院医学研究院教授 Professor, Department of Bacteriology, Faculty of Medical Sciences, Kyushu University	水島 洋 MIZUSHIMA, Hiroshi	国立保健医療科学院研究情報支援研究センター上席主任研究官 Chief Senior Researcher, Center for Public Health Informatics, National Institute of Public Health
深海 薫 FUKAMI-KOBAYASHI, Kaoru	理化学研究所バイオリソースセンター情報解析技術室室長 Head, Bioresource Information Division, RIKEN BioResource Center	武藤香織 MUTO, Kaori	東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター教授 Professor, Human Genome Center, Institute of Medical Science, The University of Tokyo
藤田信之 FUJITA, Nobuyuki	製品評価技術基盤機構技監 Acting Director-General, National Institute of Technology and Evaluation		

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

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

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

塩尻信義 SHIOJIRI, Nobuyoshi	静岡大学理学部教授 Professor, Faculty of Science, Shizuoka University		
-----------------------------	---	--	--

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

明石 良 AKASHI, Ryo	宮崎大学農学部畜産草地科学科教授 Professor, Department of Animal and Grassland Science, Miyazaki University	小笠原直毅 OGASAWARA, Naotake	奈良先端科学技術大学院大学長 President, Nara Institute of Science and Technology
阿部 純 ABE, Jun	北海道大学大学院農学研究院教授 Professor, Research Faculty of Agriculture, Hokkaido University	岡田清孝 OKADA, Kiyotaka	龍谷大学農学部植物生命科学科教授 Professor, Department of Plant Life Science, Faculty of Agriculture, Ryukoku University
稲葉一男 INABA, Kazuo	筑波大学下田臨海実験センター長 Director, Shimoda Marine Research Center, University of Tsukuba	岡本 仁 OKAMOTO, Hitoshi	理化学研究所脳科学総合研究センター副センター長 Deputy Director, RIKEN Brain Science Institute
江面 浩 EZURA, Hiroshi	筑波大学生命環境系教授 Professor, Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba	小幡裕一 OBATA, Yuichi	理化学研究所バイオリソースセンター長 Director, RIKEN BioResource Center
大熊盛也 OHKUMA, Moriya	理化学研究所バイオリソースセンター微生物材料開発室長 Head, Microbe Division, RIKEN BioResource Center	折原 裕 ORIHARA, Yutaka	東京大学大学院薬学系研究科・薬学部准教授 Associate Professor, Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Faculty of Pharmaceutical Sciences, The University of Tokyo

柏木昭彦 KASHIWAGI, Akihiko	広島大学大学院理学研究科附属両生類研究施設特任教授 Specially Appointed Professor, Institute for Amphibian Biology, Graduate School of Science, Hiroshima University	成瀬 清 NARUSE, Kiyoshi	自然科学研究機構基礎生物学研究所進化多様性生物学領域准教授 Associate Professor, Evolutionary Biology and Biodiversity, National Institute for Basic Biology
河地正伸 KAWACHI, Masanobu	国立環境研究所生物・生態系環境研究センター生物資源保存研究推進室長 Head, Biodiversity Resource Conservation Section, Center for Environmental Biology and Ecosystem Studies, National Institute for Environmental Studies	南部 篤 NAMBU, Atsushi	自然科学研究機構生理学研究所統合生理研究系教授 Professor, Department of Integrative Physiology, National Institute for Physiological Sciences
草場 信 KUSABA, Makoto	広島大学大学院理学研究科附属植物遺伝子保管実験施設長 Director, Laboratory of Plant Chromosome and Gene Stock, Graduate School of Science, Hiroshima University	西尾 剛 NISHIO, Takeshi	東北大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University
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	仁田坂英二 NITASAKA, Eiji	九州大学大学院理学研究院講師 Lecturer, Graduate School of Science, Kyushu University
桑山秀一 KUWAYAMA, Hidekazu	筑波大学生命環境系准教授 Associate Professor, Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba	仁藤伸昌 NITO, Nobumasa	近畿大学生理工学部地域交流センター長 Director, Regional Exchange Center, Faculty of Biology-Oriented Science and Technology, Kinki University
小林正智 KOBAYASHI, Masatomo	理化学研究所バイオリソースセンター実験植物開発室長 Head, Experimental Plant Division, RIKEN BioResource Center	根本 博 NEMOTO, Hiroshi	農業・食品産業技術総合研究機構遺伝資源センター長 Director, National Agriculture and Food Research Organization
小原有弘 KOHARA, Arihiro	医薬基盤・健康・栄養研究所培養資源研究室研究リーダー Research Leader, Department of Disease Bioresources Research, National Institute of Biomedical Innovation, Health and Nutrition	伴野 豊 BANNO, Yutaka	九州大学大学院農学研究科附属遺伝子資源開発研究センター准教授 Associate Professor, Institute of Genetic Resources, Faculty of Agriculture, Graduate School of Bio Resources and Bioenvironmental Science, Kyushu University
酒泉 満 SAKAIZUMI, Mitsuru	新潟大学自然科学系教授 Professor, Faculty of Science, Niigata University	深海 薫 FUKAMI-KOBAYASHI, Kaoru	理化学研究所バイオリソースセンター情報解析技術室長 Head, Bioresource Information Division, RIKEN BioResource Center
佐藤和広 SATO, Kazuhiro	岡山大学資源植物科学研究所附属大麦・野生植物資源研究センター教授 Professor, Barley and Wild Plant Resource Center, Research Institute for Bioresources, Okayama University	福田裕穂 FUKUDA, Hiroo	東京大学大学院理学系研究科教授 Professor, Graduate School of Science, The University of Tokyo
末盛博文 SUEMORI, Hirofumi	京都大学再生医科学研究所准教授 Associate Professor, Institute for Frontier Medical Sciences, Kyoto University	藤島政博 FUJISHIMA, Masahiro	山口大学大学院創成科学研究科教授 Professor, Graduate School of Science and Technology for Innovation, Yamaguchi University
杉山峰崇 SUGIYAMA, Minetaka	大阪大学大学院工学研究科准教授 Associate Professor, Graduate School of Engineering, Osaka University	細矢 剛 HOSOYA, Tsuyoshi	国立科学博物館植物研究部菌類・藻類研究グループ長 Director, Division of Fungi and Algae, Department of Botany, the National Museum of Nature and Science
高野敏行 TAKANO, Toshiyuki	京都工芸繊維大学昆虫先端研究推進センターショウジョウバエ遺伝資源研究部門教授 Professor, Department of Drosophila Genomics and Genetic Resources, Kyoto Institute of Technology	松居靖久 MATSUI, Yasuhisa	東北大学加齢医学研究所附属医細胞資源センター教授 Professor, Institute of Development, Aging and Cancer, Tohoku University
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, Center for Animal Resources and Development, Institute of Resource Development and Analysis, Kumamoto 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
中川恭好 NAKAGAWA, Yasuyoshi	製品評価技術基盤機構バイオテクノロジーセンター生物資源利用促進課課長 Director, Biological Resource Center, National Institute of Technology and Evaluation	三谷昌平 MITANI, Shohei	東京女子医科大学医学部第二生理学教室教授 Professor, Department of Physiology, School of Medicine, Tokyo Women's Medical University
中桐 昭 NAKAGIRI, Akira	鳥取大学農学部附属菌類きのこ遺伝資源研究センター長 Director, Fungus/Mushroom Resource and Research Center, Faculty of Agriculture, Tottori University	村田武英 MURATA, Takehide	理化学研究所バイオリソースセンター遺伝子材料開発室専任研究員 Permanent Researcher, Bioresource Information Division, RIKEN BioResource Center
中村太郎 NAKAMURA, Taro	大阪市立大学大学院理学研究科教授 Professor, Graduate School of Science, Osaka City University	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
中村幸夫 NAKAMURA, Yukio	理化学研究所バイオリソースセンター細胞材料開発室長 Head, Cell Engineering Division, RIKEN BioResource Center	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 Head, Management Unit, Medical Mycology Research Center, Chiba University
長村登紀子 NAGAMURA, Tokiko	東京大学医科学研究所准教授 Associate Professor, Institute of Medical Science, The University of Tokyo	湯本貴和 YUMOTO, Takakazu	京都大学霊長類研究所長 Director, Primate Research Institute, Kyoto University
那須田周平 NASUDA, Shuhei	京都大学大学院農学研究科准教授 Associate Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University	吉木 淳 YOSHIMI, Atsushi	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 Head, Experimental Animal Division, RIKEN BioResource Center

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

荒木喜美 ARAKI, Kimi	熊本大学生命資源研究・支援センター疾患モデル分野教授 Professor, Division of Developmental Genetics, Institute of Resource Development and Analysis, Kumamoto University	林元展人 HAYASHIMOTO, Nobuhito	実験動物中央研究所 ICLAS モニタリングセンター長 Director, ICLAS Monitoring Center Central Institute for Experimental Animals
小幡裕一 OBATA, Yuichi	理化学研究所バイオリソースセンター長 Director, RIKEN BioResource Center	松田潤一郎 MATSUDA, Junichiro	医薬基盤・健康・栄養研究所難病・疾患資源研究部疾患モデル小動物研究室研究リーダー Research Leader, Laboratory of Experimental Animal Models and Experimental Animals Resource Bank, National Institute of Biomedical Innovation, Health and Nutrition
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	八神健一 YAGAMI, Ken-ichi	筑波大学医学医療系教授 Professor, Faculty of Medicine, University of Tsukuba
木南 凌 KOMINAMI, Ryo	新潟大学医学部名誉教授 Professor Emeritus, School of Medical Science, Niigata University	吉木 淳 YOSHIMI, Atsushi	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 Head, Experimental Animal Division, RIKEN BioResource Center
鈴木 治 SUZUKI, Osamu	医薬基盤・健康・栄養研究所難病・疾患資源研究部疾患モデル小動物研究室研究リーダー Research Leader, Laboratory of Experimental Animal Models and Experimental Animals Resource Bank, National Institute of Biomedical Innovation, Health and Nutrition	米川博通 YONEKAWA, Hiromichi	東京都医学総合研究所シニア研究員 Senior Researcher, Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science
中瀧直己 NAKAGATA, Naomi	熊本大学生命資源研究・支援センター資源開発分野教授 Professor, Institute of Resource Development and Analysis, Division of Reproductive Engineering, Kumamoto University	若林雄一 WAKABAYASHI, Yuichi	千葉県がんセンター研究開発がん研究グループ実験動物研究室室長 Head, Division of Experimental Animal Research, Chiba Cancer Center

(2016年度委員)

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	熊丸敏博 KUMAMARU, Toshihiro	九州大学大学院農学研究院教授 Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University
井澤 毅 IZAWA, Takeshi	東京大学大学院農学生命科学研究科教授 Professor, Graduate School of Agricultural Life Sciences, University of Tokyo	寺内良平 TERAUUCHI, Ryohei	京都大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University
石川隆二 ISHIKAWA, Ryouji	弘前大学農学生命科学部教授 Professor, Faculty of Agriculture and Life Science, Hirosaki University	土井一行 DOI, Kazuyuki	名古屋大学大学院生命農学研究科准教授 Associate Professor, Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University
江花薫子 EBANA, Kaworu	農業・食品産業技術総合研究機構遺伝資源センターチーム長 Team Leader, Genetic Resources Center, National Agriculture and Food Research Organization	土門英司 DOMON, Eiji	農業・食品産業技術総合研究機構遺伝資源センター調整室上席研究員 Senior Researcher, Genetic Resources Center, National Agriculture and Food Research Organization
奥本 裕 OKUMOTO, Yutaka	京都大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University	那須田周平 NASUDA, Shuhei	京都大学大学院農学研究科教授 Associate Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University
河瀬眞琴 KAWASE, Makoto	筑波大学生命環境系教授 Professor, Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba	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
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	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
久保彦彰 KUBO, Takahiko	九州大学大学院農学研究院准教授 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University	吉村 淳 YOSHIMURA, Atsushi	九州大学大学院農学研究院教授 Professor, 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, Faculty of Pharmaceutical Sciences, Suzuka University of Medical Science	佐藤 勉 SATO, Tsutomu	法政大学生命科学部教授 Professor, Department of Frontier Bioscience, 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	東京工業大学化学生命科学研究科教授 Professor, Laboratory for Chemistry and Life Science, Tokyo Institute of Technology
伊藤維昭 ITO, Koreaki	京都産業大学研究機構シニアリサーチフェロー Senior Research Fellow, Research Organization, 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
小笠原直毅 OGASAWARA, Naotake	奈良先端科学技術大学院大学長 President, Nara Institute of Science and Technology	林 哲也 HAYASHI, Tetsuya	九州大学大学院医学研究院教授 Professor, Faculty of Medical Sciences, Kyushu University
小倉光雄 OGURA, Mitsuo	東海大学海洋研究所教授 Professor, Institute of Oceanic Research and Development, Tokai University	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
片山 勉 KATAYAMA, Tsutomu	九州大学大学院薬学研究院教授 Professor, Faculty of Pharmaceutical Sciences, Kyushu University	吉川博文 YOSHIIKAWA, 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
川岸郁朗 KAWAGISHI, Ikuro	法政大学生命科学部教授 Professor, Department of Frontier Bioscience, Hosei University	吉田健一 YOSHIDA, Ken-ichi	神戸大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Science, Technology and Innovation, Kobe University

人を対象とする研究倫理審査委員会 所外委員 Ethics of Research Involving Human Subject 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	元・静岡大学教授 Former Professor, Shizuoka University
黒澤健司 KUROSAWA, Kenji	神奈川県立こども医療センター部長 Director, Kanagawa Children's Medical Center	渡邊妙子 WATANABE, Taeko	佐野美術館館長 Curator, Sano Art Museum

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	元・静岡大学教授 Former Professor, Shizuoka University
黒澤健司 KUROSAWA, Kenji	神奈川県立こども医療センター部長 Director, Kanagawa Children's Medical Center	渡邊妙子 WATANABE, Taeko	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	小樽商科大学大学院商学研究科教授 Professor, Graduate School of Commerce, Otaru University of Commerce
-----------------------	--

(2017年4月1日現在)

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)	荒木弘之	Head	ARAKI, Hiroyuki
---------	------	------	-----------------

◦ 中心体生物学研究部門 Division of Centrosome Biology

教授	北川大樹	Prof.	KITAGAWA, Daiju
助教	高尾大輔	Assist. Prof.	TAKAO, Daisuke
助教	吉場聡子	Assist. Prof.	YOSHIBA, Satoko
博士研究員	白土 玄	Postdoc	SHIRATSUCHI, Gen
日本学術振興会 特別研究員	知念拓実	JSPS Research Fellow	CHINEN, Takumi
総研大 D5	グプタ, アクシャリ	D5 Student SOKENDAI	GUPTA, Akshari
総研大 D4 (学振特別研究員)	渡辺絢己	D4 Student SOKENDAI JSPS Research Fellow DC	WATANABE, Koki
総研大 D1	藤井 謙	D1 Student SOKENDAI	FUJII, Ken
特別共同利用研究員 (東京大学大学院)	山本昌平	Special Collaborative Research Student	YAMAMOTO, Shohei

◦ 分子細胞工学研究部門 Division of Molecular Cell Engineering

教授	鐘巻将人	Prof.	KANEMAKI, Masato
助教	夏目豊彰	Assist. Prof.	NATSUME, Toyoaki
研究員	水口明美	Researcher	MIZUGUCHI, Akemi
研究員	岩井かほる	Researcher	IWAI, Kaoru

細胞遺伝研究系 Department of Cell Genetics

研究主幹(兼)	荒木弘之	Head	ARAKI, Hiroyuki
---------	------	------	-----------------

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

教授	荒木弘之	Prof.	ARAKI, Hiroyuki
助教	日詰光治	Assist. Prof.	HIZUME, Kohji
博士研究員	矢倉 勝	Postdoc	YAGURA, Masaru

◦ 共生細胞進化研究部門 Division of Symbiosis and Cell Evolution

教授	宮城島進也	Prof.	MIYAGISHIMA, Shin-ya
助教	藤原崇之	Assist. Prof.	FUJIWARA, Takayuki
博士研究員	廣岡俊亮	Postdoc	HIROOKA, Shunsuke
博士研究員	大沼 亮	Postdoc	ONUMA, Ryo
博士研究員	大林龍胆	Postdoc	OHBAYASHI, Ryudo
博士研究員	小林優介	Postdoc	KOBAYASHI, Yusuke
博士研究員	永井千晴	Postdoc	NAGAI, Chiharu
総研大 D5 (学振特別研究員)	宇塚明洋	D5 Student SOKENDAI JSPS Research Fellow DC	UZUKA, Akihiro
総研大 D2	ジョン, リン ウエイ	D2 Student SOKENDAI	JONG, Lin Wei

個体遺伝研究系 Department of Developmental Genetics

研究主幹(兼)	川上浩一	Head	KAWAKAMI, Koichi
---------	------	------	------------------

◦ 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
博士研究員	香取将太	Postdoc	KATORI, Shota
総研大 D5 (学振特別研究員)	中沢信吾	D5 Student SOKENDAI JSPS Research Fellow DC	NAKAZAWA, Shingo
総研大 D3	カンダサミー, ラマサミー	D3 Student SOKENDAI	KANDASAMY, Ramasamy
総研大 D1	王 魯偉	D1 Student SOKENDAI	WANG, Luwei

◦ 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	白木知也	Postdoc	SHIRAKI, Tomoya
博士研究員	小谷友理	Postdoc	KOTANI, Yuri
博士研究員	アイラニ, デェパック	Postdoc	AILANI, Deepak
総研大 D5	ミラー アンドリュー, スティーブ	D5 Student SOKENDAI	MILLER Andrew, Steven

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.

◦ 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	松本知高	Assist. Prof.	MATSUMOTO, Tomotaka
総研大 D4	カワシマ ケント, ティエル	D4 Student SOKENDAI	KAWASHIMA Kent, Diel
総研大 D1	山下永香	D1 Student SOKENDAI	YAMASHITA, Haruka

◦ 生態遺伝学研究部門 Division of Ecological Genetics

教授	北野 潤	Prof.	KITANO, Jun
助教	石川麻乃	Assist. Prof.	ISHIKAWA, Asano
博士研究員	柿岡 諒	Postdoc	KAKIOKA, Ryo
日本学術振興会 特別研究員	安齋 賢	JSPS Research Fellow	ANSAI, Satoshi
総研大 D1	細木拓也	D1 Student SOKENDAI	HOSOKI, Takuya

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	中岡博史	Assist. Prof.	NAKAOKA, Hirofumi
博士研究員	木村哲晃	Postdoc	KIMURA, Tetsuaki
博士研究員	早野崇英	Postdoc	HAYANO, Takahide
総研大 D5	ロメロ, バネッサ	D5 Student SOKENDAI	ROMERO, Vanessa
総研大 D5 (学振特別研究員)	伊東潤平	D5 Student SOKENDAI JSPS Research Fellow DC	ITO, Jumpei
総研大 D5	秦 千比呂	D5 Student SOKENDAI	HATA, Chihiro
総研大 D1	中倉沙弥	D1 Student SOKENDAI	NAKAKURA, Saya

◦ 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
博士研究員	保坂 碧	Postdoc	HOSAKA, Aoi
総研大 D3	齋藤 絡	D3 Student SOKENDAI	SAITO, Raku

◦ 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
助教	トウー, ヤン	Assist. Prof.	ZHU, Yan
博士研究員	山内健太	Postdoc	YAMAUCHI, Kenta

博士研究員 岩井(竹越)玲奈 Postdoc IWAI(TAKEKOSHI), Lena

助 教 高橋(野坂)実鈴 Assist. Prof. TAKAHASHI(NOSAKA), Misuzu

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

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
博士研究員 佐々木武馬 Postdoc SASAKI, Takema
特別共同利用研究員(東京大学大学院) 長島慶宜 Special Collaborative Research Student NAGASHIMA, Yoshinobu
特別共同利用研究員(東京大学大学院) 杉山友希 Special Collaborative Research Student SUGIYAMA, Yuki

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
研究員 青野真由美 Researcher AONO, Mayumi
研究員 島本美元 Researcher SHIMAMOTO, Miyuki
研究員 山岡恵美 Researcher YAMAOKA, Megumi
日本学術振興会特別研究員 高木 潤 JSPS Research Fellow TAKAGI, Jun

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

センター長(兼) 仁木宏典 Head NIKI, Hironori

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
博士研究員 岡(木曾)彩子 Postdoc OKA (KISO), Ayako
博士研究員 嵯峨井知子 Postdoc SAGAI, Tomoko
博士研究員 関 亮平 Postdoc SEKI, Ryohei
日本学術振興会特別研究員 毛利巨輔 JSPS Research Fellow MOURI, Kousuke
総研大 D5 伊藤史博 D5 Student SOKENDAI ITO, Fumihiro

発生工学研究室 Mammalian Development Laboratory

教 授 相賀裕美子 Prof. SAGA, Yumiko
助 教 加藤 譲 Assist. Prof. KATO, Yuzuru
助 教 安島理恵子 Assist. Prof. AJIMA, Rieko
博士研究員 平野孝昌 Postdoc HIRANO, Takamasa
総研大 D5 坂口あかね D5 Student SOKENDAI SAKAGUCHI, Akane
総研大 D4 (学振特別研究員) 福田胡桃 D4 Student SOKENDAI JSPS Research Fellow DC FUKUDA, Kurumi
総研大 D3 島田龍輝 D3 Student SOKENDAI SHIMADA, Ryuki
総研大 D2 ライト, ダネル D2 Student SOKENDAI WRIGHT, Danelle

マウス開発研究室 Mouse Genomics Resource Laboratory

准教授 小出 剛 Assoc. Prof. KOIDE, Tsuyoshi
博士研究員 田邊 彰 Postdoc TANAVE, Akira
総研大 D5 (学振特別研究員) 松本悠貴 D5 Student SOKENDAI JSPS Research Fellow DC MATSUMOTO, Yuki
総研大 D3 永山博通 D3 Student SOKENDAI NAGAYAMA, Hiromichi

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

准教授 酒井則良 Assoc. Prof. SAKAI, Noriyoshi
助 教 河崎敏広 Assist. Prof. KAWASAKI, Toshihiro
総研大 D5 竹本一政 D5 Student SOKENDAI TAKEMOTO, Kazumasa

植物遺伝研究室 Plant Genetics Laboratory

教 授 佐藤 豊 Prof. SATO, Yutaka
助 教 鈴木俊哉 Assist. Prof. SUZUKI, Toshiya

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
研究員 秋山光市郎 Researcher AKIYAMA, Koichiro
日本学術振興会特別研究員 清家泰介 JSPS Research Fellow SEIKE, Taisuke

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

教 授 齋藤都暁 Prof. SAITO, Kuniaki
助 教 近藤 周 Assist. Prof. KONDO, Shu

系統情報研究室 Genetic Informatics Laboratory

准教授 川本祥子 Assoc. Prof. KAWAMOTO, Shoko

生物遺伝資源情報研究室 Genome Biology Laboratory

助 教 安達佳樹 Assist. Prof. ANDACHI, Yoshiki

構造遺伝学研究センター Structural Biology Center

センター長(兼) 澤 斉 Head SAWA, Hitoshi

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
助 教 日比野佳代 Assist. Prof. HIBINO, Kayo
研究員 田村佐知子 Researcher TAMURA, Sachiko
日本学術振興会特別研究員 野崎 慎 JSPS Research Fellow NOZAKI, Tadasu
総研大 D5 (学振特別研究員) 今井亮輔 D5 Student SOKENDAI JSPS Research Fellow DC IMAI, Ryosuke
総研大 D4 (学振特別研究員) 佐々木飛鳥 D4 Student SOKENDAI JSPS Research Fellow DC SASAKI, Asuka
総研大 D4 永島峻甫 D4 Student SOKENDAI NAGASHIMA, Ryosuke
総研大 D1 山口智洋 D1 Student SOKENDAI YAMAGUCHI, Tomohiro

細胞建築研究室 Cell Architecture Laboratory

教 授 木村 暁 Prof. KIMURA, Akatsuki
助 教 木村健二 Assist. Prof. KIMURA, Kenji
博士研究員 菊池察平 Postdoc KIKUCHI, Yohei
日本学術振興会特別研究員 山本一徳 JSPS Research Fellow YAMAMOTO, Kazunori

多細胞構築研究室 Multicellular Organization Laboratory

教 授 澤 斉 Prof. SAWA, Hitoshi
博士研究員 金 銀華 Postdoc JIN, Yinhua

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
博士研究員 宮崎隆明 Postdoc MIYAZAKI, Takaaki
日本学術振興会特別研究員 ワン, シャンフォン JSPS Research Fellow WANG, Xian-Feng

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		
准教授 池尾一穂	Assoc. Prof.	IKEO, Kazuho
博士研究員 金城その子	Postdoc	KINJO, Sonoko
博士研究員 北村徳一	Postdoc	KITAMURA, Norikazu
博士研究員 松本 薫	Postdoc	MATSUMOTO, Kaoru
博士研究員 井元順一	Postdoc	IMOTO, Junichi
研究員 村岡正文	Researcher	MURAOKA, Masafumi
総研大 D3 飯塚朋代	D3 Student SOKENDAI	IIZUKA, Tomoyo

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

教授 有田正規	Prof.	ARITA, Masanori
助教 川島武士	Assist. Prof.	KAWASHIMA, Takeshi
研究員 李 東暎	Researcher	LI, Donghan
研究員 ヒツアチ, ナガハ コルニ	Researcher	HETTIARACHCHI, Nadeeka Nilmini
総研大 D5 田中 弥	D5 Student SOKENDAI	TANAKA, Wataru
総研大 D2 多田一風太	D2 Student SOKENDAI	TADA, Ipputa
総研大 D1 サッティ, マリア アルタフ	D1 Student SOKENDAI	SATTI, Maria Altaf
総研大 D1 ノウリーン, メウイッシュ	D1 Student SOKENDAI	NOUREEN, Mehwish

◦ 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 谷澤靖洋	Postdoc	TANIZAWA, Yasuhiro
博士研究員 ミシュラ, ネハ	Postdoc	MISHRA, Neha
研究員 藤澤貴智	Researcher	FUJISAWA, Takatomo
研究員 望月孝子	Researcher	MOCHIZUKI, Takako

◦ 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 原 一夫	Assist. Prof.	HARA, Kazuo

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

特任教授 豊田 敦	Project Prof.	TOYODA, Atsushi
研究員 会津智幸	Researcher	AIZU, Tomoyuki
研究員 清岡美穂	Researcher	KIYOOKA, Miho
研究員 吉田 悟	Researcher	YOSHIDA, Satoru
研究員 石崎比奈子	Researcher	ISHIZAKI, Hinako
研究員 陳 薇	Researcher	CHEN, Wei
研究員 塚本ゆみ	Researcher	TSUKAMOTO, Yumi
研究員 許山肖子	Researcher	MOTOYAMA, Ayuko

◦ ゲノム進化研究室 Genome Evolution Laboratory

教授 黒川 顕	Prof.	KUROKAWA, Ken
助教 森 宙史	Assist. Prof.	MORI, Hiroshi
博士研究員 東 光一	Postdoc	HIGASHI, Koichi
博士研究員 岩崎裕貴	Postdoc	IWASAKI, Yuki

実験農場 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 津田勝利	Assist. Prof.	TSUDA, Katsutoshi
博士研究員 劉 華	Postdoc	LIU, Hua
博士研究員 小野聖二郎	Postdoc	ONO, Seijiro
博士研究員 三村真生	Postdoc	MIMURA, Manaki

国際戦略アドバイザー International Strategic Advisor

◦ 米国立保健研究所 National Institutes of Health			
卓越研究者 水内 清	NH Distinguished Investigator	MIZUUCHI, Kiyoshi	
◦ フレッドハッチンソンがん研究センター Fred Hutchinson Cancer Research Center			
メンバー ヘニコフ, スティーブン	Member	HENIKOFF, Steven	

客員研究部門 Visiting Faculty

◦ 細胞質遺伝客員研究部門 Division of Cytoplasmic Genetics			
客員准教授 チャン, フェン	Visiting Assoc. Prof.	ZHANG, Feng	
客員教授 ディフレイ, ジョン F.X.	Visiting Prof.	DIFFLEY, John F.X.	

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

客員教授 スタニア, ディディエ	Visiting Prof.	STAINIER, Didier
客員教授 ゼン, ホンクイ	Visiting Prof.	ZENG, Hongkui

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

客員教授 エクソフィア, ローレント	Visiting Prof.	EXCOFFIER, Laurent
客員教授 ヤン, ジーヘン	Visiting Prof.	YANG, Ziheng

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

客員教授 ジョーデ, リン	Visiting Prof.	JORDE, Lynn
客員准教授 ジルバマン, ダニエル	Visiting Assoc. Prof.	ZILBERMAN, Daniel

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) 仁木宏典	Head	NIKI, Hironori
---------------	------	----------------

◦ バイオリソース事業部 Division of Bioresources Management

事業部長(兼) 仁木宏典	Division Head	NIKI, Hironori
教授(兼) 城石俊彦	Prof.	SHIROISHI, Toshihiko
教授(兼) 川上浩一	Prof.	KAWAKAMI, Koichi
教授(兼) 齋藤都暁	Prof.	SAITO, Kuniaki
教授(兼) 佐藤 豊	Prof.	SATO, Yutaka
特任教授 上田 龍	Project Prof.	UEDA, Ryu
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) 池尾一穂	Assoc. Prof.	IKEO, Kazuho
准教授(兼) 野々村賢一	Assoc. Prof.	NONOMURA, Ken-ichi
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) 河崎敏広	Assist. Prof.	KAWASAKI, Toshihiro

助教(兼)	近藤 周	Assist. Prof.	KONDO, Shu
助教(兼)	青木敬太	Assist. Prof.	AOKI, Keita
助教(兼)	鈴木俊哉	Assist. Prof.	SUZUKI, Toshiya
助教(兼)	高橋実鈴	Assist. Prof.	TAKAHASHI, Misuzu
助教(兼)	津田勝利	Assist. Prof.	TSUDA, Katsutoshi

□ データベース事業部 Division of Bioresources Databases

事業部長(兼)	川本祥子	Division Head	KAWAMOTO, Shoko
---------	------	---------------	-----------------

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

センター長(兼)	黒川 顕	Head	KUROKAWA, Ken
----------	------	------	---------------

教授(兼)	黒川 顕	Prof.	KUROKAWA, Ken
特任教授(兼)	小原雄治	Project Prof.	KOHARA, Yuji
特任教授(兼)	藤山秋佐夫	Project Prof.	FUJIYAMA, Asao
特任教授(兼)	豊田 敦	Project Prof.	TOYODA, Atsushi
特任教授(兼)	野口英樹	Project Prof.	NOGUCHI, Hideki
特任准教授(兼)	馬場 知哉	Project Assoc. Prof.	BABA, Tomoya
特任准教授(兼)	近藤伸二	Project Assoc. Prof.	KONDO, Shinji
博士研究員(兼)	福多賢太郎	Postdoc	FUKUTA, Kentaro
博士研究員(兼)	東 光一	Postdoc	HIGASHI, Koichi
博士研究員	金野宏之	Postdoc	KONNO, Hiroyuki
研究員(兼)	江島史緒	Researcher	EJIMA, Fumiwo
研究員	平木秀明	Researcher	HIRAKI, Hideaki
研究員	植田ゆみ子	Researcher	UETA, Yumiko

DDBJセンター DDBJ Center

センター長(兼)	高木利久	Head	TAKAGI, Toshihisa
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, Eii
助教(兼)	川島武士	Assist. Prof.	KAWASHIMA, Takeshi
助教(兼)	原 一夫	Assist. Prof.	HARA, Kazuo

□ システム管理部門 High Performance Computing Division

部門長・特任准教授	小笠原 理	Division Head	OGASAWARA, Osamu
博士研究員	奥田喜弘	Postdoc	OKUDA, Yoshihiro

□ データベース部門 Database Division

部門長(兼)	中村保一	Division Head	NAKAMURA, Yasukazu
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	時松敏明	Postdoc	TOKIMATSU, Toshiaki
博士研究員	真島 淳	Postdoc	MASHIMA, Jun
博士研究員	向田志保	Postdoc	MUKAIDA, Shiho
研究員	青野英雄	Researcher	AONO, Hideo
研究員	筒井波留	Researcher	TSUTSUI, Haru
研究員	福田亜沙美	Researcher	FUKUDA, Asami

情報基盤ユニット IT Unit

ユニット長(兼)	有田正規	Head	ARITA, Masanori
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)	相賀裕美子	Head	SAGA, Yumiko
助教(兼)	安島理恵子	Assist. Prof.	AJIMA, Rieko

動物飼育実験施設 Unit for Experimental Animal Care

施設長(兼)	小出 剛	Head	KOIDE, Tsuyoshi
--------	------	------	-----------------

知的財産室 Intellectual Property Unit

室長	鈴木睦昭	Director	SUZUKI, Mutsuaki
博士研究員	鹿児島 浩	Postdoc	KAGOSHIMA, Hiroshi

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
助教	清野浩明	Assist. Prof.	SEINO, Hiroaki
博士研究員	小林百合	Postdoc	KOBAYASHI, Yuri
博士研究員	伊東真知子	Postdoc	ITOH, Machiko

男女共同参画推進室 Office for Gender Equality

室長(兼)	平田たつみ	Director	HIRATA, Tatsumi
室員(兼)	安池友紀	Staff	YASUIKE, Yuki
室員(兼)	小林百合	Staff	KOBAYASHI, Yuri

ゲノムデータ解析支援センター Center for Genome Informatics

センター長	野口英樹	Head	NOGUCHI, Hideki
特任准教授	近藤伸二	Project Assoc. Prof.	KONDO, Shinji
博士研究員	福多賢太郎	Postdoc	FUKUTA, Kentaro
研究員	江島史緒	Researcher	EJIMA, Fumiwo

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
研究員	大田達郎	Researcher	OHTA, Tazro

Staff of Administration Department and Technical Section

管理部と技術課職員

管理部 Department of Administration

管理部長	General Manager	中島健次	NAKASHIMA, Kenji
総務企画課 General Affairs and Project Section			
課長	Manager	伊藤信浩	ITO, Nobuhiro
副課長	Deputy Manager	杉山 興	SUGIYAMA, Oki
◦ 総務・教育チーム General Affairs / Education Team			
係長(兼)	Subsection Chief	杉山 興	SUGIYAMA, Oki
◦ 人事・労務チーム Personnel Team			
係長	Subsection Chief	齊藤麻衣子	SAITO, Maiko
◦ 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	小山浩幸	KOYAMA, Hiroyuki
副課長(施設担当)	Deputy Manager	岡嶋知洋	OKAJIMA, Tomohiro
◦ 資産管理・検収室 Office for Property Management / Receiving Inspection			
室長	Head	新田清隆	NITTA, Kiyotaka
◦ 財務チーム Financial Affairs Team			
係長	Subsection Chief	鈴木政敏	SUZUKI, Masatoshi
◦ 調達チーム Supplies Team			
係長	Subsection Chief	渡邊 晃	WATANABE, Akira
◦ 施設チーム Facilities Team			
係長	Subsection Chief	光江一之	MITSUE, Kazuyuki

技術課 Technical Section

課長	Manager	永口 貢	EIGUCHI, Mitsugu
基盤支援技術班 Research Infrastructure Technical Unit			
◦ 情報基盤支援チーム Information Technology Team			
係長	Subsection Chief	奈倉雅彦	NAGURA, Masahiko
◦ リソース開発支援チーム Resource Development Team			
係長	Subsection Chief	木曾 誠	KISO, Makoto
技術職員	Technical Staff	山谷宣子	YAMATANI, Noriko
プロジェクト技術班 Project Technical Unit			
班長	Unit Leader	古海弘康	FURUUMI, Hiroyasu
◦ プロジェクト支援チーム Project Support Team			
技術職員	Technical Staff	坂 季美子	SAKA, Kimiko
技術職員	Technical Staff	坂本佐知子	SAKAMOTO, Sachiko
◦ 遺伝資源事業支援チーム Genetic Resource Project Team			
係長	Subsection Chief	矢野弘之	YANO, Hiroyuki
技術職員	Technical Staff	宮林登志江	MIYABAYASHI, Toshie
施設機器技術班 Facility and Equipment Technical Unit			
◦ 共通機器チーム Common Equipment Team			
係長	Subsection Chief	大石あかね	OISHI, Akane
◦ 実験施設チーム Experimental Facility Team			
係長	Subsection Chief	前野哲輝	MAENO, Akiteru
技術職員	Technical Staff	今井悠二	IMAI, Yuji

所長	1	Director - General
教授	24	Professors
准教授	8	Associate Professors
助教	36	Assistant Professors
客員教授	8	Visiting Professors
小計 (所長、客員教授を除く)	68	(excluding Director - General and Visiting Professors) Subtotal
管理部	20	Administration Staffs
技術課	12	Technicians
合計 (所長、客員教授を除く)	100	(excluding Director - General and Visiting Professors) Total

(2017年4月1日現在)

History

- 1949年 6月1日 文部省所轄研究所として設置
庶務部及び3研究部で発足
- 8月10日 小熊 捍 初代所長就任
- 1953年 1月1日 研究部を形質遺伝部, 細胞遺伝部,
生理遺伝部に改組
- 8月1日 生化学遺伝部設置
- 1954年 7月1日 応用遺伝部設置
- 1955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



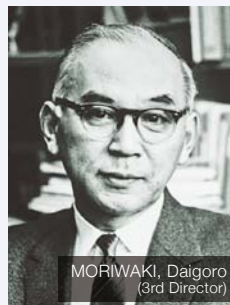
- 1960年 4月30日 人類遺伝部設置
- 1962年 4月1日 微生物遺伝部設置
- 1964年 4月1日 集団遺伝部設置
- 1969年 4月1日 森脇大五郎 第3代所長就任,
分子遺伝部設置
- 1974年 4月1日 植物保存研究室設置
- 1975年 3月1日 田島彌太郎 第4代所長就任
- 10月1日 遺伝実験生物保存研究施設動物保存
研究室設置
- 1976年 10月1日 遺伝実験生物保存研究施設微生物保存
研究室設置
- 1983年 10月1日 松永 英 第5代所長就任
- 1984年 4月12日 大学共同利用機関に改組 遺伝実験
生物保存研究センター(哺乳動物保存・
無脊椎動物保存・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
- 1985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
- 1987年 1月12日 日本DNAデータバンク稼働
- 1988年 4月8日 放射線・アイソトープセンター設置,
遺伝情報研究センターにライブラリー
研究室を設置
- 10月1日 総合研究大学院大学生命科学研究科
遺伝学専攻設置
- 1989年 10月1日 富澤純一 第6代所長就任
- 1993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
- 1994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
- 1995年 4月1日 生命情報研究センター設置
- 1996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)



OGUMA, Kan
(1st Director)



KIHARA, Hitoshi
(2nd Director)



MORIWAKI, Daigoro
(3rd Director)



TAJIMA, Yataro
(4th Director)



MATSUNAGA, Ei
(5th Director)

- 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.
- Aug. 10 Prof. Kan Oguma was elected the 1st Director.
- 1953 Jan. 1 Three research departments were reorganized
as the Departments of Morphological
Genetics, Cytological Genetics and
Physiological Genetics.
- Aug. 1 Department of Biochemical Genetics was
added.
- 1954 Jul. 1 Department of Applied Genetics was added.
- 1955 Sep. 15 Department of Induced Mutation was added.
- Oct. 1 Prof. Hitoshi Kihara was elected the 2nd
Director.
- 1960 Apr. 30 Department of Human Genetics was added.
- 1962 Apr. 1 Department of Microbial Genetics was added.
- 1964 Apr. 1 Department of Population Genetics was
added.
- 1969 Apr. 1 Prof. Daigoro Moriwaki was elected the 3rd
Director. Department of Molecular Biology
was added.
- 1974 Apr. 1 Plant Genetic Stock Laboratory was
established.
- 1975 Mar. 1 Dr. Yataro Tajima was elected the 4th Director.
- Oct. 1 Animal Section was added in the Genetic
Stock Center.
- 1976 Oct. 1 Microbial Section was added in the Genetic
Stock Center.
- 1983 Oct. 1 Dr. Ei Matsunaga was elected the 5th Director.
- 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.
- 1985 Apr. 1 The DNA Synthesis and DNA Data Analysis
Laboratories were added in the DNA
Research Center.
- 1987 Jan. 12 The DNA Data Bank of Japan began its
operations.
- 1988 Apr. 8 The Radio-isotope Center was established.
The Gene Library Laboratory was added in
the DNA Research Center.
- Oct. 1 The Graduate University for Advanced Studies
was established. The Department of Genetics,
School of Life Science of the University began
accepting students.
- 1989 Oct. 1 Dr. Jun-ichi Tomizawa was elected the 6th
Director.
- 1993 Apr. 1 The Mammalian Development Laboratory was
added in the Genetic Stock Research Center.
- 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.
- 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).

1997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)		1997	Apr. 1	The Genetic Stock Research Center was reorganized as the Genetic Strains Research Center consisting of 5 laboratories (Mammalian Genetics, Mammalian Development, Plant Genetics, Microbial Genetics and Invertebrate Genetics), and as the Center for Genetic Resource Information consisting of 2 laboratories (Genetic Informatics and Genetic Resources).
	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.
1998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.
2001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.
2002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		2002	Apr. 1	Two laboratories, Mouse Genomics Resource Laboratory and Model Fish Genomics Resource Laboratory, were added to the Genetic Strains Research Center.
2003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		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.
2004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		2004	Apr. 1	Reorganized as Research Organization of Information and Systems, Inter-University Research Institute Corporation, together with three other national institutes.
	12月1日	小原雄治 第8代所長就任			Dec. 1	Dr. Yuji Kohara was elected the 8th Director.
2005年	4月1日	知的財産室を設置		2005	Apr. 1	Intellectual Property Unit was added.
2006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)		2006	Apr. 1	The Center for Frontier Research was established. The Laboratory for Cell Lineage, Neural Morphogenesis and Cell Architecture was added in the new center.
2011年	10月1日	先端ゲノミクス推進センター設置		2011	Oct. 1	Advanced Genomics Center was established.
2012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、マウス研究支援ユニット)を設置		2012	Apr. 1	Research centers were reorganized. Intellectual Infrastructure Centers (Genetic Resource Center and DDBJ Center) and Support Centers (IT Unit, Mouse Research Supporting Unit) were established.
	12月1日	桂 勲 第9代所長就任			Dec. 1	Dr. Isao Katsura was elected the 9th Director.
2014年	4月1日	リサーチ・アドミニストレーター室を設置		2014	Apr. 1	Office for Research Development was added.
2015年	4月1日	動物飼育実験施設を設置、女性研究者活動支援室を設置(2017年4月1日付男女共同参画推進室に改称)		2015	Apr. 1	Unit for Experimental Animal Care was established. Office for Female Researcher Development was added. Renamed as Office for Gender Equality (as of 2017 Apr. 1)



Publications in 2016

Journal Title	Number	Journal Title	Number	Journal Title	Number
<i>Nature Biotechnology</i>	1	<i>Ann. Rheumatic Diseases</i>	1	<i>Developmental Cell</i>	1
<i>Nature</i>	1	<i>Nature Communications</i>	16	<i>Nucleic Acids Research</i>	6
<i>Immunity</i>	1	<i>Amer. J. Hum. Genet.</i>	1	<i>Microbiome</i>	1
<i>Neuron</i>	1	<i>Genes & Development</i>	1	<i>Current Biology</i>	4
<i>Mol. Biol. Evol.</i>	2	<i>EMBO journal</i>	2		
<i>J. American Chemical Society</i>	1	<i>PNAS</i>	3		

- Akanuma, G., Kazo, Y., Tagami, K., Hiraoka, H., Yano, K., Suzuki, S., Hanai, R., Nanamiya, H., Kato-Yamada, Y., and Kawamura, F. (2016) Ribosome dimerization is essential for the efficient regrowth of *Bacillus subtilis*. *Microbiology* 162, 448-458.
- Akhiho, Akishinonomiya, F., Ikeda, Y., Aizawa, M., Nakagawa, S., Umehara, Y., Yonezawa, T., Mano, S., Hasegawa, M., Nakabo, T., and Gojobori, T. (2016) Speciation of two gobioid species, *Pterogobius elapoides* and *Pterogobius zonoleucus* revealed by multi-locus nuclear and mitochondrial DNA analyses. *Genes* 7, 593-602.
- Andachi, Y., and Kohara, Y. (2016) A whole-mount in situ hybridization method for microRNA detection in *Caenorhabditis elegans*. *RNA* 22, 1099-1106.
- Araki, H. (2016) Elucidating the DDK-dependent step in replication initiation. *EMBO J* 35, 907-908.
- Arata, Y., Hiroshima, M., Pack, C.G., Ramanujam, R., Motegi, F., Nakazato, K., Shindo, Y., Wiseman, P.W., Sawa, H., Kobayashi, T.J., Brandao, H.B., Shibata, T., and Sako, Y. (2016) Cortical Polarity of the RING Protein PAR-2 Is Maintained by Exchange Rate Kinetics at the Cortical-Cytoplasmic Boundary. *Cell Rep* 16, 2156-2168.
- Babarinde, I.A., and Saitou, N. (2016) Genomic Locations of Conserved Noncoding Sequences and Their Proximal Protein-Coding Genes in Mammalian Expression Dynamics. *Mol Biol Evol* 33, 1807-1817.
- Bohm, U.L., Prendergast, A., Djenuone, L., Nunes, Figueiredo S., Gomez, J., Stokes, C., Kaiser, S., Suster, M., Kawakami, K., Charpentier, M., Concorde, J.P., Rio, J.P., Del, Bene F., and Wyart, C. (2016) CSF-contacting neurons regulate locomotion by relaying mechanical stimuli to spinal circuits. *Nat Commun* 7, 10866.
- Bolleman, J.T., Mungall, C.J., Strozzi, F., Baran, J., Dumontier, M., Bonnal, R.J., Buels, R., Hoehndorf, R., Fujisawa, T., Katayama, T., and Cock, P.J. (2016) FALDO: a semantic standard for describing the location of nucleotide and protein feature annotation. *J Biomed Semantics* 7, 39.
- Bowman, J.L., Araki, T., Arteaga-Vazquez, M.A., Berger, F., Dolan, L., Haseloff, J., Ishizaki, K., Kiyozuka, Y., Lin, S.S., Nagasaki, H., Nakagami, H., Nakajima, K., Nakamura, Y., Ohashi-Ito, K., Sawa, S., Shimamura, M., Solano, R., Tsukaya, H., Ueda, T., Watanabe, Y., Yamato, K.T., Zachgo, S., and Kohchi, T. (2016) The Naming of Names: Guidelines for Gene Nomenclature in *Marchantia*. *Plant Cell Physiol* 57, 257-261.
- Carroll, A.J., Salek, R.M., Arita, M., Kopka, J., and Walther, D. (2016) Metabolome Informatics and Statistics: Current State and Emerging Trends. *Front Bioeng Biotechnol* 4, 63.
- Chalamalasetty, R.B., Ajima, R., Garriock, R.J., Kennedy, M.W., Tessarollo, L., and Yamaguchi, T.P. (2016) A new gain-of-function mouse line to study the role of Wnt3a in development and disease. *Genesis* 54, 497-502.
- Chen, C., Lim, H.H., Shi, J., Tamura, S., Maeshima, K., Surana, U., and Gan, L. (2016) Budding yeast chromatin is dispersed in a crowded nucleoplasm in vivo. *Mol Biol Cell* 27, 3357-3368.
- Chen, J., Reiher, W., Hermann-Luibl, C., Sellami, A., Cognigni, P., Kondo, S., Helfrich-Foster, C., Veenstra, J.A., and Wegener, C. (2016) Allatostatin A Signaling in *Drosophila* Regulates Feeding and Sleep and Is Modulated by PDF. *PLoS Genet* 12, e1006346.
- Cochrane, G., Karsch-Mizrachi, I., and Takagi, T. (2016) The International Nucleotide Sequence Database Collaboration. *Nucleic Acids Res* 44, D48-50.
- Danielsen, E.T., Moeller, M.E., Yamanaka, N., Ou, Q., Laursen, J.M., Soenderholm, C., Zhuo, R., Phelps, B., Tang, K., Zeng, J., Kondo, S., Nielsen, C.H., Harvald, E.B., Faergeman, N.J., Haley, M.J., O'Connor, K.A., King-Jones, K., O'Connor, M.B., and Rewitz, K.F. (2016) A *Drosophila* Genome-Wide Screen Identifies Regulators of Steroid Hormone Production and Developmental Timing. *Dev Cell* 37, 558-570.
- Davis, O.M., Ogita, N., Inagaki, S., Takahashi, N., and Umeda, M. (2016) DNA damage inhibits lateral root formation by up-regulating cytokinin biosynthesis genes in *Arabidopsis thaliana*. *Genes Cells* 21, 1195-1208.
- de, Frutos C.A., Bouvier, G., Arai, Y., Thion, M.S., Lokmane, L., Keita, M., Garcia-Dominguez, M., Charnay, P., Hirata, T., Riethmacher, D., Grove, E.A., Tissir, F., Casado, M., Pierani, A., and Garel, S. (2016) Reallocation of Olfactory Cajal-Retzius Cells Shapes Neocortex Architecture. *Neuron* 92, 435-448.
- Fountain, T., Ravinet, M., Naylor, R., Reinhardt, K., and Butlin, R.K. (2016) A Linkage Map and QTL Analysis for Pyrethroid Resistance in the Bed Bug *Cimex lectularius* G3-GENES GENOMES GENETICS 6, 4059-4066.
- Fu, C.L., Wang, X.F., Cheng, Q., Wang, D., Hirose, S., and Liu, Q.X. (2016) The T-box transcription factor *Midline* regulates wing development by repressing wingless and hedgehog in *Drosophila*. *Sci Rep* 6, 27981.
- Funato, N., Kokubo, H., and Saga, Y. (2016) Transcriptomic analyses of Hand2 transgenic embryos. *Genom Data* 9, 60-62.
- Funato, N., Kokubo, H., Nakamura, M., Yanagisawa, H., and Saga, Y. (2016) Specification of jaw identity by the Hand2 transcription factor. *Sci Rep* 6, 28405.
- Furuta, M., Hori, T., and Fukagawa, T. (2016) Chromatin binding of RCC1 during mitosis is important for its nuclear localization in interphase. *Mol Biol Cell* 27, 371-381.
- Gojobori, T., Ikeo, K., Katayama, Y., Kawabata, T., Kinjo, A.R., Kinoshita, K., Kwon, Y., Migita, O., Mizutani, H., Muraoka, M., Nagata, K., Omori, S., Sugawara, H., Yamada, D., and Yura, K. (2016) VaProS: a database-integration approach for protein/genome information retrieval. *J Struct Funct Genomics* 17, 69-81.
- Grants, J.M., Ying, L.T., Yoda, A., You, C.C., Okano, H., Sawa, H., and Taubert, S. (2016) The Mediator Kinase Module Restrains Epidermal Growth Factor Receptor Signaling and Represses Vulval Cell Fate Specification in *Caenorhabditis elegans*. *Genetics* 202, 583-599.
- Hamaji, T., Mogi, Y., Ferris, P.J., Mori, T., Miyajishima, S., Kabeya, Y., Nishimura, Y., Toyoda, A., Noguchi, H., Fujiyama, A., Olson, B.J., Marriage, T.N., Nishii, I., Umen, J.G., and Nozaki, H. (2016) Sequence of the Gonium pectorale Mating Locus Reveals a Complex and Dynamic History of Changes in Volvocine Algal Mating Haplotypes. *G3 (Bethesda)* 6, 1179-1189.
- Hanschen, E.R., Marriage, T.N., Ferris, P.J., Hamaji, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Neme, R., Noguchi, H., Minakuchi, Y., Suzuki, M., Kawai-Toyooka, H., Smith, D.R., Sparks, H., Anderson, J., Bakari, R., Luria, V., Karger, A., Kirschner, M.W., Durand, P.M., Michod, R.E., Nozaki, H., and Olson, B.J. (2016) The Gonium pectorale genome demonstrates co-option of cell cycle regulation during the evolution of multicellularity. *Nat Commun* 7, 11370.
- Hara, K., Suzuki, I., Kobayashi, K., Fukumizu, K., and Radovanovic, M. (2016) Flattening the Density Gradient for Eliminating Spatial Centrality to Reduce Hubness in Proc. the 30th AAAI Conference on Artificial Intelligence (AAAI) 1659-1665.
- Hashimoto, T., Horikawa, D.D., Saito, Y., Kuwahara, H., Kozuka-Hata, H., Shin-I, T., Minakuchi, Y., Ohishi, K., Motoyama, A., Aizu, T., Enomoto, A., Kondo, K., Tanaka, S., Hara, Y., Koshikawa, S., Sagara, H., Miura, T., Yokobori, S., Miyagawa, K., Suzuki, Y., Kubo, T., Oyama, M., Kohara, Y., Fujiyama, A., Arakawa, K., Katayama, T., Toyoda, A., and Kunieda, T. (2016) Extremotolerant tardigrade genome and improved radiotolerance of human cultured cells by tardigrade-unique protein. *Nat Commun* 7, 12808.
- Hatanaka, Y., Namikawa, T., Yamauchi, K., and Kawaguchi, Y. (2016) Cortical Divergent Projections in Mice Originate from Two Sequentially Generated, Distinct Populations of Excitatory Cortical Neurons with Different Initial Axonal Outgrowth Characteristics. *Cereb Cortex* 26, 2257-2270.
- Hatanaka, Y., Zhu, Y., Torigoe, M., Kita, Y., and Murakami, F. (2016) From migration to settlement: the pathways, migration modes and dynamics of neurons in the developing brain. *Proc Jpn Acad Ser B Phys Biol Sci* 92, 1-19.
- Hayano, T., Matsui, H., Nakaoka, H., Ohtake, N., Hosomichi, K., Suzuki, K., and Inoue, I. (2016) Germline Variants of Prostate Cancer in Japanese Families. *PLoS One* 11, e0164233.
- Hayashi, K., Kawai, Y.L., Yura, K., Yoshida, M.A., Ogura, A., Hata, K., Nakabayashi, K., and Okamura, K. (2016) Complete genome sequence of the mitochondrial DNA of the sparkling enope squid, *Watasenia scintillans*. *Mitochondrial DNA A DNA Map Seq Anal* 27, 1842-1843.
- Hayashi, Y., Nishimune, H., Hozumi, K., Saga, Y., Harada, A., Yuzaki, M., Iwatsubo, T., Kopan, R., and Tomita, T. (2016) A novel non-canonical Notch signaling regulates expression of synaptic vesicle proteins in excitatory neurons. *Sci Rep* 6, 23969.
- Heanue, T.A., Boesmans, W., Bell, D.M., Kawakami, K., Vanden, Berghe P., and Pachnis, V. (2016) A Novel Zebrafish ret Heterozygous Model of Hirschprung Disease Identifies a Functional Role for mapk10 as a Modifier of Enteric Nervous System Phenotype Severity. *PLoS Genet* 12, e1006439.
- Hettiarachchi, N., and Saitou, N. (2016) GC Content Heterogeneity Transition of Conserved Noncoding Sequences Occurred at the Emergence of Vertebrates. *Genome Biol Evol* 8, 3377-3392.
- Hirata, H., Umemori, J., Yoshioka, H., Koide, T., Watanabe, K., and Shimoda, Y. (2016) Cell adhesion molecule contactin-associated protein 3 is expressed in the mouse basal ganglia during early postnatal stages. *J Neurosci Res* 94, 74-89.
- Hirata, H., Takahashi, A., Shimoda, Y., and Koide, T. (2016) Caspr3-Deficient Mice Exhibit Low Motor Learning during the Early Phase of the Accelerated Rotarod Task. *PLoS One* 11, e0147887.
- Hirooka, S., and Miyagishima, S.Y. (2016) Cultivation of Acidophilic Algae *Galdieria sulphuraria* and *Pseudochlorella* sp. YKT1 in Media Derived from Acidic Hot Springs. *Front Microbiol* 7, 2022.
- Hirose, Y., Fujisawa, T., Ohtsubo, Y., Katayama, M., Misawa, N., Wakazuki, S., Shimura, Y., Nakamura, Y., Kawachi, M., Yoshikawa, H., Eki, T., and Kanesaki, Y. (2016) Complete Genome Sequence of *Cyanobacterium Leptolyngbya* sp. NIES-3755. *Genome Announc* 4, e00090-00016.
- Hirose, Y., Fujisawa, T., Ohtsubo, Y., Katayama, M., Misawa, N., Wakazuki, S., Shimura, Y., Nakamura, Y., Kawachi, M., Yoshikawa, H., Eki, T., and Kanesaki, Y. (2016) Complete genome sequence of *Cyanobacterium Nostoc* sp. NIES-3756, a potentially useful strain for phytochrome-based bioengineering. *J Biotechnol* 218, 51-52.
- Hirose, Y., Fujisawa, T., Ohtsubo, Y., Katayama, M., Misawa, N., Wakazuki, S., Shimura, Y., Nakamura, Y., Kawachi, M., Yoshikawa, H., Eki, T., and Kanesaki, Y. (2016) Complete genome sequence of *Cyanobacterium Fischerella* sp. NIES-3754, providing thermoresistant optogenetic tools. *J Biotechnol* 220, 45-46.
- Ho, J.C., Hsiao, C.D., Kawakami, K., and Tse, W.K. (2016) Triclosan (TCS) exposure impairs lipid metabolism in zebrafish embryos. *Aquat Toxicol* 173, 29-35.
- Hoshino, A., Jayakumar, V., Nitasaka, E., Toyoda, A., Noguchi, H., Itoh, T., Shin-I, T., Minakuchi, Y., Koda, Y., Nagano, A.J., Yasugi, M., Honjo, M.N., Kudoh, H., Seki, M., Kamiya, A., Shiraki, T., Carninci, P., Asamizu, E., Nishide, H., Tanaka, S., Park, K.I., Morita, Y., Yokoyama, K., Uchiyama, I., Tanaka, Y., Tabata, S., Shinozaki, K., Hayashizaki, Y., Kohara, Y., Suzuki, Y., Sugano, S., Fujiyama, A., Iida, S., and Sakakibara, Y. (2016) Genome sequence and analysis of the Japanese morning glory *Ipomoea nil*. *Nat Commun* 7, 13295.
- Iatenco, I., Kondo, S., Mengin-Lecreulx, D., and Lemaître, B. (2016) PGRP-SD, an Extracellular Pattern-Recognition Receptor, Enhances Peptidoglycan-Mediated Activation of the *Drosophila* Imd Pathway. *Immunity* 45, 1013-1023.
- Imai, R., Komeda, S., Shimura, M., Tamura, S., Matsuyama, S., Nishimura, K., Rogge, R., Matsunaga, A., Hiratani, I., Takata, H., Uemura, M., Iida, Y., Yoshikawa, Y., Hansen, J.C., Yamauchi, K., Kanemaki, M.T., and Maeshima, K. (2016) Chromatin folding and DNA replication inhibition mediated by a highly antitumor-active tetrazolato-bridged dinuclear platinum(II) complex. *Sci Rep* 6, 24712.
- Imamura, K., Sahara, N., Kanaan, N.M., Tsukita, K., Kondo, T., Kutoku, Y., Ohsawa, Y., Sunada, Y., Kawakami, K., Hotta, A., Yawata, S., Watanabe, D., Hasegawa, M., Trojanowski, J.Q., Lee, V.M., Suhara, T., Higuchi, M., and Inoue, H. (2016) Calcium dysregulation contributes to neurodegeneration in FTL patient iPSC-derived neurons. *Sci Rep* 6, 34904.
- Inaba, Y., Shinohara, K., Botilde, Y., Nabeshima, R., Taokaoka, K., Ajima, R., Lamri, L., Takeda, H., Saga, Y., Nakamura, T., and Hamada, H. (2016) Transport of the outer dynein arm complex to cilia requires a cytoplasmic protein *Lro6*. *Genes Cells* 21, 728-739.
- Ishihama, A., Shimada, T., and Yamazaki, Y. (2016) Transcription profile of *Escherichia coli*: genomic SELEX search for regulatory targets of transcription factors. *Nucleic Acids Res* 44, 2058-2074.
- Ishikawa, A., Kusakabe, M., Kume, M., and Kitano, J. (2016) Comparison of freshwater tolerance during spawning migration between two sympatric Japanese marine threespine stickleback species *EVOLUTIONARY ECOLOGY RESEARCH* 17, 525-534.
- Ishikawa, M., Shimizu, H., Nozawa, M., Ikeo, K., and Gojobori, T. (2016) Two-step evolution of endosymbiosis between hydra and algae. *Mol Phylogenet Evol* 103, 19-25.
- Ishikawa, M., Yuyama, I., Shimizu, H., Nozawa, M., Ikeo, K., and Gojobori, T. (2016) Different Endosymbiotic Interactions in Two Hydra Species Reflect the Evolutionary History of Endosymbiosis. *Genome Biol Evol* 8, 2155-2163.
- Ito, H., Kim, J.M., Matsunaga, W., Saze, H., Matsui, A., Endo, T.A., Harukawa, Y., Takagi, H., Yaegashi, H., Masuta, Y., Masuda, S., Ishida, J., Tanaka, M., Takahashi, S., Morosawa, T., Toyoda, T., Kakutani, T., Kato, A., and Seki, M. (2016) A Stress-Activated Transposon in *Arabidopsis* Induces Transgenerational Abscisic Acid Insensitivity. *Sci Rep* 6, 23181.
- Ito, H., Sato, K., Kondo, S., Ueda, R., and Yamamoto, D. (2016) Fruitless Represses *robo1* Transcription to Shape Male-Specific Neural Morphology and Behavior in *Drosophila*. *Curr Biol* 26, 1532-1542.
- Iwata, R., and Iwasato, T. (2016) In vitro Assay for Dendritic Spine Retraction of Hippocampal Neurons with Sparse Labeling Bio-Protocol 6, e1937.
- Izutsu, M., Toyoda, A., Fujiyama, A., Agata, K., and Fuse, N. (2015) Dynamics of Dark-Fly Genome Under Environmental Selections. *G3 (Bethesda)* 6, 365-376.
- Kamezaki, A., Sato, F., Aoki, K., Asakawa, K., Kawakami, K., Matsuzaki, F., and Sekihara-Fujisawa, A. (2016) Visualization of Neuregulin 1 ectodomain shedding reveals its local processing in vitro and in vivo. *Sci Rep* 6, 28873.
- Kanazawa, T., Era, A., Minamoto, N., Shikano, Y., Fujimoto, M., Uemura, T., Nishihara, R., Yamato, K.T., Ishizaki, K., Nishiyama, T., Kohchi, T., Nakano, A., and Ueda, T. (2016) SNARE Molecules in *Marchantia polymorpha*: Unique and Conserved Features of the Membrane Fusion Machinery. *Plant Cell Physiol* 57, 307-324.

- Katagiri, S., Hayashi, T., Kondo, M., Tsukitome, H., Yoshitake, K., Akahori, M., Ikeo, K., Tsuneoka, H., and Iwata, T. (2016) RPE65 Mutations in Two Japanese Families with Leber Congenital Amaurosis. *Ophthalmic Genet* 37, 161-169.
- Katagiri, S., Hayashi, T., Yoshitake, K., Akahori, M., Ikeo, K., Gekka, T., Tsuneoka, H., and Iwata, T. (2016) Novel C8orf37 Mutations in Patients with Early-onset Retinal Dystrophy, Macular Atrophy, Cataracts, and High Myopia. *Ophthalmic Genet* 37, 68-75.
- Kato, Y., Katsuki, T., Kokubo, H., Masuda, A., and Saga, Y. (2016) Dazl is a target RNA suppressed by mammalian NANOS2 in sexually differentiating male germ cells. *Nat Commun* 7, 11272.
- Kawakami, E., Nakaoka, S., Ohta, T., and Kitano, H. (2016) Weighted enrichment method for prediction of transcription regulators from transcriptome and global chromatin immunoprecipitation data. *Nucleic Acids Res* 44, 5010-5021.
- Kawakami, K., Asakawa, K., Hibi, M., Itoh, M., Muto, A., and Wada, H. (2016) Gal4 Driver Transgenic Zebrafish: Powerful Tools to Study Developmental Biology, Organogenesis, and Neurosciences. *Adv Genet* 95, 65-87.
- Kawamoto, Y., Sasaki, A., Chandran, A., Hashiya, K., Ide, S., Bando, T., Maeshima, K., and Sugiyama, H. (2016) Targeting 24 bp within Telomere Repeat Sequences with Tandem Tetramer Pyrrole-Imidazole Polyamide Probes. *J Am Chem Soc*, 14100-14107.
- Kawanabe, T., Ishikura, S., Miyaji, N., Sasaki, T., Wu, L.M., Itabashi, E., Takada, S., Shimizu, M., Takasaki-Yasuda, T., Osabe, K., Peacock, W.J., Dennis, E.S., and Fujimoto, R. (2016) Role of DNA methylation in hybrid vigor in *Arabidopsis thaliana*. *Proc Natl Acad Sci U S A* 113, E6704-E6711.
- Kawasaki, T., Siegfried, K.R., and Sakai, N. (2016) Differentiation of zebrafish spermatogonial stem cells to functional sperm in culture. *Development* 143, 566-574.
- Kawasaki, T., and Sakai, N. (2016) Allogeneic transplantation of testicular hyperplasia in rag1 mutant zebrafish Bio-protocol 6, e1992.
- Kitano, J., and Mori, S. (2016) Toward conservation of genetic and phenotypic diversity in Japanese sticklebacks. *Genes Genet Syst* 91, 77-84.
- Kitano, T., and Kim, C.G., Blancher, A., and Saitou, N. (2016) No Distinction of Orthology/Paralogy between Human and Chimpanzee Rh Blood Group Genes. *Genome Biol Evol* 8, 519-527.
- Knierim, E., Hirata, H., Wolf, N.I., Morales-Gonzalez, S., Schottmann, G., Tanaka, Y., Rudnik-Schornborn, S., Orgeur, M., Zerres, K., Vogt, S., van, Riesen, A., Gill, E., Seifert, F., Zwirner, A., Kirschner, J., Goebel, H.H., Hubner, C., Stricker, S., Meierhofer, D., Stenzel, W., and Schuelke, M. (2016) Mutations in Subunits of the Activating Signal Co-integrator 1 Complex Are Associated with Prenatal Spinal Muscular Atrophy and Congenital Bone Fractures. *Am J Hum Genet* 98, 473-489.
- Koga, H., Fujitani, H., Morino, Y., Miyamoto, N., Tsuchimoto, J., Shibata, T.F., Nozawa, M., Shigenobu, S., Ogura, A., Tachibana, K., Kiyomoto, M., Amemiya, S., and Wada, H. (2016) Experimental Approach Reveals the Role of *ax1* in the Evolution of the Echinoderm Larval Skeleton. *PLoS One* 11, e0149067.
- Kubo, T., Takashi, T., Ashikari, M., Yoshimura, A., and Kurata, N. (2016) Two Tightly Linked Genes at the *hsa1* Locus Cause Both F1 and F2 Hybrid Sterility in Rice. *Mol Plant* 9, 221-232.
- Kubo, T., Yoshimura, A., and Kurata, N. (2016) Pollen Killer Gene S35 Function Requires Interaction with an Activator That Maps Close to S24, Another Pollen Killer Gene in Rice. *G3 (Bethesda)* 6, 1459-1468.
- Laurie, L.E., Kokubo, H., Nakamura, M., Saga, Y., and Funato, N. (2016) The Transcription Factor Hand1 Is Involved In Runx2-lhh-Regulated Endochondral Ossification. *PLoS One* 11, e0150263.
- Li, D., Sinha, T., Ajima, R., Seo, H.S., Yamaguchi, T.P., and Wang, J. (2016) Spatial regulation of cell cohesion by Wnt5a during second heart field progenitor deployment. *Dev Biol* 412, 18-31.
- Liu, H., and Nonomura, K.I. (2016) A wide reprogramming of histone H3 modifications during male meiosis I in rice is dependent on the Argonaute protein MEL1. *J Cell Sci* 129, 3553-3561.
- Luo, W., Mizuno, H., Iwata, R., Nakazawa, S., Yasuda, K., Itoharu, S., and Iwasato, T. (2016) Supernova: A Versatile Vector System for Single-Cell Labeling and Gene Function Studies in vivo. *Sci Rep* 6, 35747.
- Maeno, S., Tanizawa, Y., Kanesaki, Y., Kubota, E., Kumar, H., Dicks, L., Salminen, S., Nakagawa, J., Arita, M., and Endo, A. (2016) Genomic characterization of a fructophilic bee symbiont *Lactobacillus kumkei* reveals its niche-specific adaptation. *Syst Appl Microbiol* 39, 516-526.
- Maeshima, K., Ide, S., Hibino, K., and Sasai, M. (2016) Liquid-like behavior of chromatin. *Curr Opin Genet Dev* 37, 36-45.
- Maeshima, K., Rogge, R., Tamura, S., Joti, Y., Hikima, T., Szerlong, H., Krause, C., Herman, J., Seidel, E., DeLuca, J., Ishikawa, T., and Hansen, J.C. (2016) Nucleosomal arrays self-assemble into supramolecular globular structures lacking 30-nm fibers. *EMBO J* 35, 1115-1132.
- Maruyama, K., Kawasaki, T., Hamaguchi, M., Hashimoto, M., Furu, M., Ito, H., Fujii, T., Takemura, N., Karupuchamy, T., Kondo, T., Kawasaki, T., Fukasaka, M., Misawa, T., Saitoh, T., Suzuki, Y., Martino, M.M., Kumagai, Y., and Akira, S. (2016) Bone-protective Functions of Netrin 1 Protein. *J Biol Chem* 291, 23854-23868.
- Mashima, J., Kodama, Y., Kosuge, T., Fujisawa, T., Katayama, T., Nagasaki, H., Okuda, Y., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Nakamura, Y., and Takagi, T. (2016) DNA data bank of Japan (DDBJ) progress report. *Nucleic Acids Res* 44, D51-57.
- Matsuki, T., Yahagi, K., Mori, H., Matsumoto, H., Hara, T., Tajima, S., Ogawa, E., Kodama, H., Yamamoto, K., Yamada, T., Matsumoto, S., and Kurokawa, K. (2016) A key genetic factor for fucosylactose utilization affects infant gut microbiota development. *Nat Commun* 7, 11939.
- Matsumoto, T., and Kitano, J. (2016) The intricate relationship between sexually antagonistic selection and the evolution of sex chromosome fusions. *J Theor Biol* 404, 97-108.
- Matsumoto, T., John, A., Baeza-Centurion, P., Li, B., and Akashi, H. (2016) Codon Usage Selection Can Bias Estimation of the Fraction of Adaptive Amino Acid Fixations. *Mol Biol Evol* 33, 1580-1589.
- Matsumura, S., Kojidani, T., Kamioka, Y., Uchida, S., Haraguchi, T., Kimura, A., and Toyoshima, F. (2016) Interphase adhesion geometry is transmitted to an internal regulator for spindle orientation via caveolin-1. *Nat Commun* 7, 11858.
- Matsunami, K., Nishida, N., Kaneko, N., Ikeo, K., Toyo-Oka, L., Takeuchi, H., Matsuura, K., Tamori, A., Nomura, H., Yoshiji, H., Imamura, M., Masaki, N., Hayakawa, T., Ide, T., Shimada, N., Ikeda, F., Hino, K., Nishiguchi, S., Okuse, C., Nojiri, S., Sawamoto, K., Tokunaga, K., Joh, T., and Tanaka, Y. (2016) Genome-Wide Association Study Identifies ZNF354C Variants Associated with Depression from Interferon-Based Therapy for Chronic Hepatitis C. *PLoS One* 11, e0164418.
- Matsuo, H., Yamamoto, K., Nakaoka, H., Nakayama, A., Sakiyama, M., Chiba, T., Takahashi, A., Nakamura, T., Nakashima, H., Takada, Y., Danjoh, I., Shimizu, S., Abe, J., Kawamura, Y., Terashige, S., Ogata, H., Tatsukawa, S., Yin, G., Okada, R., Morita, E., Naito, M., Tokumasa, A., Onoue, H., Iwaya, K., Ito, T., Takada, T., Inoue, K., Kato, Y., Nakamura, Y., Sakurai, Y., Suzuki, H., Kanai, Y., Hosoya, T., Hamajima, N., Inoue, I., Kubo, M., Ichida, K., Ooyama, H., Shimizu, T., and Shinomiya, N. (2016) Genome-wide association study of clinically defined gout identifies multiple risk loci and its association with clinical subtypes. *Ann Rheum Dis* 75, 652-659.
- Matsuura, R., Ashikawa, T., Nozaki, Y., and Kitagawa, D. (2016) LIN-41 inactivation leads to delayed centrosome elimination and abnormal chromosome behavior during female meiosis in *Caenorhabditis elegans*. *Mol Biol Cell* 27, 799-811.
- MetaSUB, International Consortium. (2016) The Metagenomics and Metadesign of the Subways and Urban Biomes (MetaSUB) International Consortium inaugural meeting report. *Microbiome* 4, 24.
- Minegishi, Y., Sheng, X., Yoshitake, K., Sergeev, Y., Iejima, D., Shibagaki, Y., Monma, N., Ikeo, K., Furuno, M., Zhuang, W., Liu, Y., Rong, W., Hattori, S., and Iwata, T. (2016) CC2T Mutations Evoke Leber Congenital Amaurosis due to Chaperone Complex Instability. *Sci Rep* 6, 33742.
- Miwa, S., Kihira, E., Yoshioka, A., Nakasone, K., Okamoto, S., Hatano, M., Igarashi, M., Eguchi, Y., Kato, A., Ichikawa, N., Sekine, M., Fujita, N., Kanesaki, Y., Yoshikawa, H., and Utsumi, R. (2016) Identification of the Three Genes Involved in Controlling Production of a Phytoalexin Tropane in *Burkholderia plantarii*. *J Bacteriol* 198, 1604-1609.
- Miyamoto, K., Fujita, M., Shenton, M.R., Akashi, S., Sugawara, C., Sakai, A., Horie, K., Hasegawa, M., Kawabe, H., Mitsuhashi, W., Nojiri, H., Yamane, H., Kurata, N., Okada, K., and Toyomasu, T. (2016) Evolutionary trajectory of phytoalexin biosynthetic gene clusters in rice. *Plant J* 87, 293-304.
- Miyasaka, Y., Shitara, H., Suzuki, S., Yoshimoto, S., Seki, Y., Ohshiba, Y., Okumura, K., Taya, C., Tokano, H., Kitamura, K., Takada, T., Hibino, H., Shiroishi, T., Kominami, R., Yonekawa, H., and Kikkawa, Y. (2016) Heterozygous mutation of *Ush1g*/Sans in mice causes early-onset progressive hearing loss, which is recovered by reconstituting the strain-specific mutation in *Coh2*. *Hum Mol Genet* 25, 2045-2059.
- Miyawaki, S., Kawamura, Y., Oiwa, Y., Shimizu, A., Hachiya, T., Bono, H., Koya, I., Okada, Y., Kimura, T., Tsuchiya, Y., Suzuki, S., Onishi, N., Kuzumaki, N., Matsuzaki, Y., Narita, M., Ikeda, E., Okanoya, K., Seino, K., Saya, H., Okano, H., and Miura, K. (2016) Tumour resistance in induced pluripotent stem cells derived from naked mole-rats. *Nat Commun* 7, 11471.
- Mizoguchi, T., Kawakami, K., and Itoh, M. (2016) Zebrafish lines expressing UAS-driven red probes for monitoring cytoskeletal dynamics. *Genesis* 54, 483-489.
- Morita, Y., Andersen, P., Hotta, A., Tsukahara, Y., Sasagawa, N., Hayashida, N., Koga, C., Nishikawa, M., Saga, Y., Evans, S.M., Koshiba-Takeuchi, K., Nishinakamura, R., Yoshida, Y., Kwon, C., and Takeuchi, J.K. (2016) *Sall1* transiently marks undifferentiated heart precursors and regulates their fate. *J Mol Cell Cardiol* 92, 158-162.
- Moriyama, A., Ito, F., Takeda, H., Yano, T., Okabe, M., Kuraku, S., Keeley, F.W., and Koshiba-Takeuchi, K. (2016) Evolution of the fish heart by sub/neofunctionalization of an elastin gene. *Nat Commun* 7, 10397.
- Morrissey, M.A., Jayadev, R., Miley, G.R., Blebea, C.A., Chi, Q., Ihara, S., and Sherwood, D.R. (2016) SPARC Promotes Cell Invasion In Vivo by Decreasing Type IV Collagen Levels in the Basement Membrane. *PLoS Genet* 12, e1005905.
- Mukaide, S., Ogawa, T., Ohishi, K., Tanizawa, Y., Ohta, D., and Arita, M. (2016) The effect of rapamycin on biodiesel-producing protist *Euglena gracilis*. *Biosci Biotechnol Biochem* 80, 1223-1229.
- Nagai, S., Hida, K., Urushizaki, S., Onitsuka, G., Yasuie, M., Nakamura, Y., Fujiwara, A., Tajimi, S., Kimoto, K., Kobayashi, T., Gojobori, T., and Ootake, M. (2016) Influences of diurnal sampling bias on fixed-point monitoring of plankton biodiversity determined using a massively parallel sequencing-based technique. *Gene* 576, 667-675.
- Nagpal, H., and Fukagawa, T. (2016) Kinetochores assembly and function through the cell cycle. *Chromosoma* 125, 645-659.
- Nakai, R., Fujisawa, T., Nakamura, Y., Baba, T., Nishijima, M., Karray, F., Sayadi, S., Isoda, H., Naganuma, T., and Niki, H. (2016) Genome sequence and overview of *Oligoflexus tunisiensis* Shr3T in the eighth class Oligoflexia of the phylum Proteobacteria. *Stand Genomic Sci* 11, 90.
- Nakai, R., Fujisawa, T., Nakamura, Y., Nishide, H., Uchiyama, I., Baba, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Naganuma, T., and Niki, H. (2016) Complete Genome Sequence of Auraniticrobium minutum Type Strain KNCT, a Planktonic Ultramicrobacterium Isolated from River Water. *Genome Announc* 4, e00616-00616.
- Nakamura, Y., Yamamoto, N., Kino, Y., Yamamoto, N., Kamei, S., Mori, H., Kurokawa, K., and Nakashima, N. (2016) Establishment of a multi-species biofilm model and metatranscriptomic analysis of biofilm and planktonic cell communities. *Appl Microbiol Biotechnol* 100, 7263-7279.
- Nakamura, Y., Yasuie, M., Nishiki, I., Iwasaki, Y., Fujiwara, A., Kawato, Y., Nakai, T., Nagai, S., Kobayashi, T., Gojobori, T., and Ootake, M. (2016) V-GAP: Viral genome assembly pipeline. *Gene* 576, 676-680.
- Nakaoka, H., Gurumurthy, A., Hayano, T., Ahmaddoo, S., Omer, W.H., Yoshihara, K., Yamamoto, A., Kurose, K., Enomoto, T., Akira, S., Hosomichi, K., and Inoue, I. (2016) Allelic Imbalance in Regulation of ANRIL through Chromatin Interaction at 9p21 Endometriosis Risk Locus. *PLoS Genet* 12, e1005893.
- Nakayama, M., Suzuki, E., Tsunoda, S., and Hama, C. (2016) The Matrix Proteins Hasp and Hig Exhibit Segregated Distribution within Synaptic Clefts and Play Distinct Roles in Synaptogenesis. *J Neurosci* 36, 590-606.
- Natsums, T., Kiyomitsu, T., Saga, Y., and Kanemaki, M.T. (2016) Rapid Protein Depletion in Human Cells by Auxin-Inducible Degron Tagging with Short Homology Donors. *Cell Rep* 15, 210-218.
- Ngai, M.Y., and Saitou, N. (2016) The effect of perfection status on mutation rates of microsatellites in primates ANTHROPOLOGICAL SCIENCE 124, 85-92.
- Niki, H., and Yano, K. (2016) In vitro topological loading of bacterial condensin MukB on DNA, preferentially single-stranded DNA rather than double-stranded DNA. *Sci Rep* 6, 29469.
- Ninomiya, Y., Zhao, W., and Saga, Y. (2016) GBIQ: a non-arbitrary, non-biased method for quantification of fluorescent images. *Sci Rep* 6, 26454.
- Nishihara, H., Kobayashi, N., Kimura-Yoshida, C., Yan, K., Bormuth, O., Ding, Q., Nakanishi, A., Sasaki, T., Hirakawa, M., Sumiyama, K., Furuta, Y., Tarabynkin, V., Matsuo, I., and Okada, N. (2016) Coordinately Co-opted Multiple Transposable Elements Constitute an Enhancer for *wnt5a* Expression in the Mammalian Secondary Palate. *PLoS Genet* 12, e1006380.
- Niwayama, R., Nagao, H., Kitajima, T.S., Hufnagel, L., Shinohara, K., Higuchi, T., Ishikawa, T., and Kimura, A. (2016) Bayesian Inference of Forces Causing Cyttoplasmic Streaming in *Caenorhabditis elegans* Embryos and Mouse Oocytes. *PLoS One* 11, e0159917.
- Nozawa, M., Onizuka, K., Fujimi, M., Ikeo, K., and Gojobori, T. (2016) Accelerated pseudogenization on the neo-X chromosome in *Drosophila miranda*. *Nat Commun* 7, 13659.
- Nozawa, M., Fujimi, M., Iwamoto, C., Onizuka, K., Fukuda, N., Ikeo, K., and Gojobori, T. (2016) Evolutionary Transitions of MicroRNA-Target Pairs. *Genome Biol Evol* 8, 1621-1633.
- Ohyang, H., Ebata, T., Huang, X., Gong, H., Fujita, M., Mochizuki, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Kaminuma, E., Nakamura, Y., Feng, Q., Wang, Z.X., Han, B., and Kurata, N. (2016) OryzaGenome: Genome Diversity Database of Wild Oryza Species. *Plant Cell Physiol* 57, e1.
- Oka, M., Mura, S., Yamada, K., Sangel, P., Hirata, S., Maehara, K., Kawakami, K., Tachibana, T., Ohkawa, Y., Kimura, H., and Yoneda, Y. (2016) Chromatin-prebound Crm1 recruits Nup98-HoxA9 fusion to induce aberrant expression of Hox cluster genes. *Elife* 5, e09540.
- Okahata, M., Ohta, A., Mizutani, H., Minakuchi, Y., Toyoda, A., and Kuhara, A. (2016) Natural variations of cold tolerance and temperature acclimation in *Caenorhabditis elegans*. *J Comp Physiol B* 186, 985-998.
- Okai, S., Usui, F., Yokota, S., Hori-I, Y., Hasegawa, M., Nakamura, T., Kurosawa, M., Okada, S., Yamamoto, K., Nishiyama, E., Mori, H., Yamada, T., Kurokawa, K., Matsumoto, S., Nanno, M., Naito, T., Watanabe, Y., Kato, T., Miyauchi, E., Ohno, H., and Shinkura, R. (2016) High-affinity monoclonal IgA regulates gut microbiota and prevents colitis in mice. *Nat Microbiol* 1, 16103.
- Okimoto, H., Tanaka, S., Araki, H., Ohashi, E., and Tsurimoto, T. (2016) Conserved interaction of Ctf18-RFC with DNA polymerase epsilon is critical for maintenance of genome stability in *Saccharomyces cerevisiae*. *Genes Cells Dev* 21, 482-491.
- Okudaira, Y., Hosomichi, K., Ozaki, Y., Shiina, T., and Mitsunaga, S. (2016) Correction of the HLA-DQB1*04:01:01 sequence at position 79 in exon 1. *HLA* 87, 57-58.
- Ono, S., Sanetomo, R., and Hosaka, K. (2016) Genetic transmission of *Solanum demissum* (2n=6x=72) chromosomes from a pentaploid hybrid of *S. tuberosum* (2n=4x=48) into the aneuploid BC1 progeny EUPHYTICA 207, 149-168.
- Onuma, R., and Horiguchi, T. (2016) Specificity of Chromonas (Cryptophyceae) as a source of kleptochloroplast for *Nusuttodinium aeruginosum* (Dinophyceae) PHYCOLOGICAL RESEARCH 64, 35-43.
- Padermschke, A., Ogawa, T., Nishio, K., Nakazawa, M., Nakamoto, M., Okazawa, A., Kanaya, S., Arita, M., and Ohta, D. (2016) Critical Involvement of Environmental Carbon Dioxide Fixation to Drive

- Wax Ester Fermentation in *Euglena*. *PLoS One* 11, e0162827.
- Pipalia, T.G., Koth, J., Roy, S.D., Hammond, C.L., Kawakami, K., and Hughes, S.M. (2016) Cellular dynamics of regeneration reveals role of two distinct Pax7 stem cell populations in larval zebrafish muscle repair. *Dis Model Mech* 9, 671-684.
- Poon, C.L., Mitchell, K.A., Kondo, S., Cheng, L.Y., and Harvey, K.F. (2016) The Hippo Pathway Regulates Neuroblasts and Brain Size in *Drosophila melanogaster*. *Curr Biol* 26, 1034-1042.
- Rabhani, B., Nakaoka, H., Akhondzadeh, S., Tekin, M., and Mahdih, N. (2016) Next generation sequencing: implications in personalized medicine and pharmacogenomics. *Mol Biosyst* 12, 1818-1830.
- Rademacher, N., Kern, R., Fujiwara, T., Mettler-Altmann, T., Miyagishima, S.Y., Hagemann, M., Eisenhut, M., and Weber, A.P. (2016) Photorespiratory glycolate oxidase is essential for the survival of the red alga *Cyanidioschyzon merolae* under ambient CO₂ conditions. *J Exp Bot* 67, 3165-3175.
- Ravinet, M., Westram, A., Johannesson, K., Butlin, R., Andre, C., and Panova, M. (2016) Shared and nonshared genomic divergence in parallel ecotypes of *Littorina saxatilis* at a local scale. *Mol Ecol* 25, 287-305.
- Ravinet, M., Ishikawa, A., and Kitano, J. (2016) Trophic niche differentiation and phenotypic divergence among cryptic species of Japanese ninespine sticklebacks EVOLUTIONARY ECOLOGY RESEARCH 17, 505-523.
- Rocca-Serra, P., Salek, R.M., Arita, M., Correa, E., Dayalan, S., Gonzalez-Beltran, A., Ebbels, T., Goodacre, R., Hastings, J., Haug, K., Kouman, A., Nikolski, M., Oresic, M., Sansone, S.A., Schober, D., Smith, J., Steinbeck, C., Viant, M.R., and Neumann, S. (2016) Data standards can boost metabolomics research, and if there is a will, there is a way. *Metabolomics* 12, 14.
- Saber, M.M., Adeyemi, Babarinde I., Hettiarachchi, N., and Saitou, N. (2016) Emergence and Evolution of Hominidae-Specific Coding and Noncoding Genomic Sequences. *Genome Biol Evol* 8, 2076-2092.
- Saka, K., Takahashi, A., Sasaki, M., and Kobayashi, T. (2016) More than 10% of yeast genes are related to genome stability and influence cellular senescence via rDNA maintenance. *Nucleic Acids Res* 44, 4211-4221.
- Sakiyama, M., Matsuo, H., Nakaoka, H., Yamamoto, K., Nakayama, A., Nakamura, T., Kawai, S., Okada, R., Ooyama, H., Shimizu, T., and Shinomiya, N. (2016) Identification of rs671, a common variant of ALDH2, as a gout susceptibility locus. *Sci Rep* 6, 25360.
- Sasaki, A., Ide, S., Kawamoto, Y., Bando, T., Murata, Y., Shimura, M., Yamada, K., Hirata, A., Nohhara, K., Hirata, T., Sugiyama, H., and Maeshima, K. (2016) Telomere Visualization in Tissue Sections using Pyrrole-Imidazole Polyamide Probes. *Sci Rep* 6, 29261.
- Sato, Y., Kujirai, T., Arai, R., Asakawa, H., Ohtsuki, C., Horikoshi, N., Yamagata, K., Ueda, J., Nagase, T., Haraguchi, T., Hiraoaka, Y., Kimura, A., Kurumizaka, H., and Kimura, H. (2016) A Genetically Encoded Probe for Live-Cell Imaging of H4K20 Monomethylation. *J Mol Biol* 428, 3885-3902.
- Satrimafitrah, P., Barman, H.K., Ahmad, A., Nishitoh, H., Nakayama, T., Fukagawa, T., and Takami, Y. (2016) RbAp48 is essential for viability of vertebrate cells and plays a role in chromosome stability. *Chromosome Res* 24, 161-173.
- Session, A.M., Uno, Y., Kwon, T., Chapman, J.A., Toyoda, A., Takahashi, S., Fukui, A., Hikosaka, A., Suzuki, A., Kondo, M., van Heeringen S.J., Quigley, I., Heinz, S., Ogino, H., Ochi, H., Hellsten, U., Lyons, J.B., Simakov, O., Putnam, N., Stites, J., Kuroki, Y., Tanaka, T., Michiue, T., Watanabe, M., Bogdanovic, O., Lister, R., Georgi, G., Paranjape, S.S., van, Kruijbergen I., Shu, S., Carlson, J., Kinoshita, T., Ohta, Y., Mawaribuchi, S., Jenkins, J., Grimwood, J., Schmutz, J., Mitros, T., Mozafari, S.V., Suzuki, Y., Haramoto, Y., Yamamoto, T.S., Takagi, C., Heald, R., Miller, K., Haudenschild, C., Kitzman, J., Nakayama, T., Iztutsu, Y., Robert, J., Fortriede, J., Burns, K., Lotay, V., Karimi, K., Yasuoka, Y., Dichmann, D.S., Flajnik, M.F., Houston, D.W., Shendure, J., DuPasquier, L., Vize, P.D., Zorn, A.M., Ito, M., Marcotte, E.M., Wallingford, J.B., Ito, Y., Asashima, M., Ueno, N., Matsuda, Y., Venstra, G.J., Fujiyama, A., Harland, R.M., Taira, M., and Rokhsar, D.S. (2016) Genome evolution in the allotetraploid frog *Xenopus laevis*. *Nature* 538, 336-343.
- Shang, W.H., Hori, T., Westhorpe, F.G., Godek, K.M., Toyoda, A., Misu, S., Monma, N., Ikeo, K., Carroll, C.W., Takami, Y., Fujiyama, A., Kimura, H., Straight, A.F., and Fukagawa, T. (2016) Acetylation of histone H4 lysine 5 and 12 is required for CENP-A deposition into centromeres. *Nat Commun* 7, 13465.
- Shenton, M., Iwamoto, C., Kurata, N., and Ikeo, K. (2016) Effect of Wild and Cultivated Rice Genotypes on Rhizosphere Bacterial Community Composition. *Rice (N Y)* 9, 42.
- Shibata, E., Yokota, Y., Horita, N., Kudo, A., Abe, G., Kawakami, K., and Kawakami, A. (2016) Fgf signalling controls diverse aspects of fin regeneration. *Development* 143, 2920-2929.
- 重藤 優太郎, 鈴木 郁美, 原 一夫, 新保 仁, 松本 裕治 (2016) ハブの抑制によるコンパラルコーパスからの対訳抽出精度の改善. *人工知能学会論文誌* 31, E-F43, 1-1.
- Shikata, M., Hoshikawa, K., Anizumi, T., Fukuda, N., Yamazaki, Y., and Ezura, H. (2016) TOMATOMA Update: Phenotypic and Metabolite Information in the Micro-Tom Mutant Resource. *Plant Cell Physiol* 57, e11.
- Shimizu, T., Kaminuma, E., Nonaka, K., Yoshioka, T., Goto, S., Matsumoto, T., Katayose, Y., Mochizuki, T., Tanizawa, Y., Toyoda, A., Fujiyama, A., and Nakamura, Y. (2016) A genomic approach to selecting robust and versatile SNP sets from next-generation sequencing data for genome-wide association study in citrus cultivars *Acta Horticulturae*, 1135.
- Shimizu, T., Kitajima, A., Nonaka, K., Yoshioka, T., Ohta, S., Goto, S., Toyoda, A., Fujiyama, A., Mochizuki, T., Nagasaki, H., Kaminuma, E., and Nakamura, Y. (2016) Hybrid Origins of Citrus Varieties Inferred from DNA Marker Analysis of Nuclear and Organelle Genomes. *PLoS One* 11, e0166969.
- Shindo, Y., Iwamoto, K., Mouri, K., Hibino, K., Tomita, M., Kosako, H., Sako, Y., and Takahashi, K. (2016) Conversion of graded phosphorylation into switch-like nuclear translocation via autoregulatory mechanisms in ERK signalling. *Nat Commun* 7, 10485.
- Shinkai, S., Nozaki, T., Maeshima, K., and Togashi, Y. (2016) Dynamic Nucleosome Movement Provides Structural Information of Topological Chromatin Domains in Living Human Cells. *PLoS Comput Biol* 12, e1005136.
- Shinoda, Y., Ishii, C., Fukazawa, Y., Sadakata, T., Ishii, Y., Sano, Y., Iwasato, T., Itohara, S., and Furuchi, T. (2016) CAPS1 stabilizes the state of readily releasable synaptic vesicles to fusion competence at CA3-CA1 synapses in adult hippocampus. *Sci Rep* 6, 31540.
- Sriyudthasak, K., Mejia, R.F., Arita, M., and Hirai, M.Y. (2016) PASMet: a web-based platform for prediction, modelling and analyses of metabolic systems. *Nucleic Acids Res* 44, W205-211.
- Sternberg, J.R., Severi, K.E., Fedelin, K., Gomez, J., Ihara, H., Alcheikh, Y., Hubbard, J.M., Kawakami, K., Suster, M., and Wyart, C. (2016) Optimization of a Neurotoxin to Investigate the Contribution of Excitatory Interneurons to Speed Modulation *In Vivo*. *Curr Biol* 26, 2319-2328.
- Suga, A., Mizota, A., Kato, M., Kuniyoshi, K., Yoshitake, K., Sultan, W., Yamazaki, M., Shimomura, Y., Ikeo, K., Tsunoda, K., and Iwata, T. (2016) Identification of novel mutations in the LRR-Cap domain of C21orf21 in Japanese patients with retinitis pigmentosa and cone-rod dystrophy. *Invest Ophthalmol Vis Sci* 57, 4255-4263.
- Sumiya, N., Fujiwara, T., Era, A., and Miyagishima, S.Y. (2016) Chloroplast division checkpoint in eukaryotic algae. *Proc Natl Acad Sci U S A* 113, E7629-E7638.
- Suzuki, A., Niimi, Y., Shimoyozu, K., Zhou, Z., Kiso, M., and Saga, Y. (2016) Dead end1 is an essential part of NANOS2 for selective binding of target RNAs in male germ cell development. *EMBO Rep* 17, 37-46.
- Suzuki, R., Ota, S., and Yamazaki T. (2016) Morphological changes of giant mitochondria in the unicellular to multicellular phase during parthenogenesis of *Ulva parvula* (Ulvothycophyceae) revealed by expression of mitochondrial targeting GFP and PEG transformation PHYCOLOGICAL RESEARCH 64, 176-184.
- Takagi, M., Natsume, T., Kanemaki, M.T., and Imamoto, N. (2016) Perichromosomal protein Ki67 supports mitotic chromosome architecture. *Genes Cells* 21, 1113-1124.
- Takahashi, T., and Sota, T. (2016) A robust phylogeny among major lineages of the East African cichlids. *Mol Phylogenet Evol* 100, 234-242.
- Takehana, Y., Sakai, M., Narita, T., Sato, T., Naruse, K., and Sakaizumi, M. (2016) Origin of Boundary Populations in *Medaka* (*Oryzias latipes* Species Complex). *Zool Sci* 33, 125-131.
- Takenaka, Y., Ikee, K., and Shigeri, Y. (2016) Molecular Cloning of Secreted Luciferases from Marine Planktonic Copepods. *Methods Mol Biol* 1461, 33-41.
- Takeuchi, T., Koyanagi, R., Gyoja, F., Kanda, M., Hisata, K., Fujie, M., Goto, H., Yasasaki, S., Nagai, K., Morino, Y., Miyamoto, H., Endo, K., Endo, H., Nagasawa, H., Kinoshita, S., Asakawa, S., Watabe, S., Satoh, N., and Kawashima, T. (2016) Bivalve-specific gene expansion in the pearl oyster genome: implications of adaptation to a sessile lifestyle. *Zoological Lett* 2, 3.
- Tamori, Y., Suzuki, E., and Deng, W.M. (2016) Epithelial Tumors Originate in Tumor Hotspots, a Tissue-Intrinsic Microenvironment. *PLoS Biol* 14, e1002537.
- Tanimoto, H., Kimura, A., and Minc, N. (2016) Shape-motion relationships of centering microtubule asters. *J Cell Biol* 212, 777-787.
- Tanizawa, Y., Fujisawa, T., Kaminuma, E., Nakamura, Y., and Arita, M. (2016) DFAST and DAGA: web-based integrated genome annotation tools and resources. *Biosci Microbiota Food Health* 35, 173-184.
- Toki, H., Minowa, O., Inoue, M., Motegi, H., Karashima, Y., Ikeda, A., Kaneda, H., Sakuraba, Y., Saiki, Y., Wakana, S., Suzuki, H., Gondo, Y., Shiroishi, T., and Noda, T. (2016) Novel allelic mutations in murine *Serca2* induce differential development of squamous cell tumors. *Biochem Biophys Res Commun* 476, 175-182.
- Torigoe, M., Yamauchi, K., Kimura, T., Uemura, Y., and Murakami, F. (2016) Evidence That the Laminar Fate of LGE/CGE-Derived Neocortical Interneurons Is Dependent on Their Progenitor Domains. *J Neurosci* 36, 2044-2056.
- Toyomasu, T., Miyamoto, K., Shenton, M.R., Sakai, A., Sugawara, C., Horie, K., Kawaide, H., Hasegawa, M., Chuba, M., Mitsuhashi, W., Yamane, H., Kurata, N., and Okada, K. (2016) Characterization and evolutionary analysis of ent-kaurene synthase like genes from the wild rice species *Oryza rufipogon*. *Biochem Biophys Res Commun* 480, 402-408.
- Tsuchiya, Y., Yoshida, S., Gupta, A., Watanabe, K., and Kitagawa, D. (2016) Cep295 is a conserved scaffold protein required for generation of a bona fide mother centriole. *Nat Commun* 7, 12567.
- Tsugawa, H., Kind, T., Nakabayashi, R., Yukihiro, D., Tanaka, W., Cajka, T., Saito, K., Fiehn, O., and Arita, M. (2016) Hydrogen Rearrangement Rules: Computational MS/MS Fragmentation and Structure Elucidation Using MS-FINDER Software. *Anal Chem* 88, 7946-7958.
- Tsunaka, Y., Fujiwara, Y., Oyama, T., Hirose, S., and Morikawa, K. (2016) Integrated molecular mechanism directing nucleosome reorganization by human FACT. *Genes Dev* 30, 673-686.
- Ushida, K., Tsuchida, S., Ogura, Y., Toyoda, A., and Maruyama, F. (2016) Domestication and cereal feeding developed domestic pig-type intestinal microbiota in animals of suidae. *Anim Sci J* 87, 835-841.
- van, 't Hof F.N., Ruigrok, Y.M., Lee, C.H., Ripke, S., Anderson, G., de, Andrade M., Baas, A.F., Blankenstein, J.D., Bottinger, E.P., Bown, M.J., Broderick, J., Bijlenga, P., Carrell, D.S., Crawford, D.C., Crossin, D.R., Ebeling, C., Eriksson, J.G., Fornage, M., Foroud, T., von, Und Zu Fraunberg, M., Friedrich, C.M., Gaal, E.I., Gottesman, O., Guo, D.C., Harrison, S.C., Hernesniemi, J., Hofman, A., Inoue, I., Jaaskelainen, J.E., Jones, G.T., Kiemenev, L.A., Kivisaari, R., Ko, N., Koskinen, S., Kubo, M., Kullo, J.J., Kuivaniemi, H., Kurki, M.I., Laakso, A., Lai, D., Leal, S.M., Lehto, H., LeMaire, S.A., Low, S.K., Malinowski, J., McCarthy, C.A., Milewicz, D.M., Mosley, T.H., Nakamura, Y., Nakaoka, H., Niemela, M., Pacheco, J., Peissig, P.L., Pera, J., Rasmussen-Torvik, L., Ritchie, M.D., Rivadeneira, F., van, Rij, A.M., Santos-Cortez, R.L., Saratzis, A., Slowik, A., Takahashi, A., Tromp, G., Uitterlinden, A.G., Verma, S.S., Vermeulen, S.H., Wang, G.T., Han, B., Rinkel, G.J., and de, Bakker P.I. (2016) Shared Genetic Risk Factors of Intracranial, Abdominal, and Thoracic Aneurysms. *J Am Heart Assoc* 5, e002603.
- Watanabe, H., Goto, S., Mori, H., Higashi, K., Hosomichi, K., Aizawa, N., Takahashi, N., Tsuchida, M., Suzuki, Y., Yamada, T., Hori, A., Inoue, I., Kurokawa, K., and Narita, I. (2016) Comprehensive microbiome analysis of tonsillar crypts in IgA nephropathy. *Nephrol Dial Transplant*, gtw343.
- Wohlgemuth, G., Mehta, S.S., Mejia, R.F., Neumann, S., Pedrosa, D., Pluskal, T., Schymanski, E.L., Willighagen, E.L., Wilson, M., Wishart, D.S., Arita, M., Dorrestein, P.C., Bandeira, N., Wang, M., Schulze, T., Salek, R.M., Steinbeck, C., Nainala, V.C., Mistrik, R., Nishioka, T., and Fiehn, O. (2016) SPLASH, a hashed identifier for mass spectra. *Nat Biotechnol* 34, 1099-1101.
- Wu, Q., Fukuda, K., Kato, Y., Zhou, Z., Deng, C.X., and Saga, Y. (2016) Sexual Fate Change of XX Germ Cells Caused by the Deletion of SMAD4 and STRA8 Independent of Somatic Sex Reprogramming. *PLoS Biol* 14, e1002553.
- Yagisawa, F., Kuroiwa, H., Fujiwara, T., and Kuroiwa, T. (2016) Intracellular Structure of the Unicellular Red Alga *Cyanidioschyzon merolae* in Response to Phosphate Depletion and Resupplementation. *CYTOLOGIA* 81, 341-347.
- Yamada, O., Machida, M., Hosoyama, A., Goto, M., Takahashi, T., Futagami, T., Yamagata, Y., Takeuchi, M., Kobayashi, T., Koike, H., Abe, K., Asai, K., Arita, M., Fujita, N., Fukuda, K., Higa, K.I., Horiakawa, H., Ishikawa, T., Jinno, K., Kato, Y., Kiriruma, K., Mizutani, O., Nakasone, K., Sano, M., Shiraiishi, Y., Tsukahara, M., and Gomi, K. (2016) Genome sequence of *Aspergillus luchuensis* NBRC 4314. *DNA Res* 23, 507-515.
- Yamagata, N., Hiroi, M., Kondo, S., Abe, A., and Tanimoto, H. (2016) Suppression of Dopamine Neurons Mediates Reward. *PLoS Biol* 14, e1002586.
- Yang, L., Paul, S., Trieu, K.G., Dent, L.G., Foldi, F., Fores, M., Webster, K., Siegfried, K.R., Kondo, S., Harvey, K., Cheng, L., Jimenez, G., Shvartsman, S.Y., and Veraksa, A. (2016) Mini-brain and Wings apart control organ growth and tissue patterning through down-regulation of *Capicua*. *Proc Natl Acad Sci U S A* 113, 10583-10588.
- Yano, K., Masuda, K., Akanuma, G., Wada, T., Matsumoto, T., Shiwa, Y., Ishige, T., Yoshikawa, H., Niki, H., Inaoka, T., and Kawamura, F. (2016) Growth and sporulation defects in *Bacillus subtilis* mutants with a single *rrn* operon can be suppressed by amplification of the *rrn* operon. *Microbiology* 162, 35-45.
- Yoo, S.K., Pascoe, H.G., Pereira, T., Kondo, S., Jacinto, A., Zhang, X., and Hariharan, I.K. (2016) Plexins function in epithelial repair in both *Drosophila* and zebrafish. *Nat Commun* 7, 12282.
- Yoshida, K., Miyagi, R., Mori, S., Takahashi, A., Makino, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., and Kitano, J. (2016) Whole-genome sequencing reveals small genomic regions of introgression in an introduced crater lake population of threespine stickleback. *Ecol Evol* 6, 2190-2204.
- Yoshida, K., Go, Y., Kushima, I., Toyoda, A., Fujiyama, A., Imai, H., Saito, N., Iriki, A., Ozaki, N., and Isoda, M. (2016) Single-neuron and genetic correlates of autistic behavior in macaque. *Sci Adv* 2, e1600558.
- Yoshida, M., Nakanaga, K., Ogura, Y., Toyoda, A., Ooka, T., Kazumi, Y., Mitarai, S., Ishii, N., Hayashi, T., and Hoshino, Y. (2016) Complete Genome Sequence of *Mycobacterium ulcerans* subsp. *shinshuense*. *Genome Announc* 4, e01050-01016.
- Yoshimi, K., Kunihiro, Y., Kaneko, T., Nagahora, H., Voigt, B., and Mashimo, T. (2016) ssODN-mediated knock-in with CRISPR-Cas for large genomic regions in zygotes. *Nat Commun* 7, 10431.
- Yuyama, I., Higuchi, T., and Takei, Y. (2016) Sulfur utilization of corals is enhanced by endosymbiotic algae. *Biol Open* 5, 1299-1304.
- Zhang, R.W., Li, X.Q., Kawakami, K., and Du, J.L. (2016) Stereotyped initiation of retinal waves by bipolar cells via presynaptic NMDA autoreceptors. *Nat Commun* 7, 12650.
- Zitouni, S., Francia, M.E., Leal, F., Montenegro, Gouveia S., Nabais, C., Duarte, P., Gilberto, S., Brito, D., Moyer, T., Kandel-Lewis, S., Ohta, M., Kitagawa, D., Holland, A.J., KarSENTI, E., Lorca, T., Lince-Faria, M., and Bettencourt-Dias, M. (2016) CDK1 Prevents Unscheduled PLK4-STIL Complex Assembly in Centriole Biogenesis. *Curr Biol* 26, 1127-1137.

予算 Budget

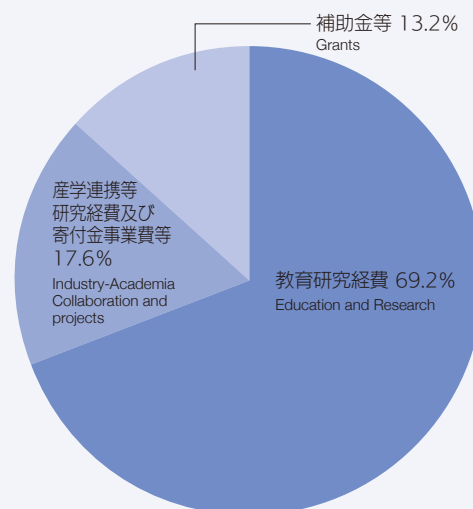
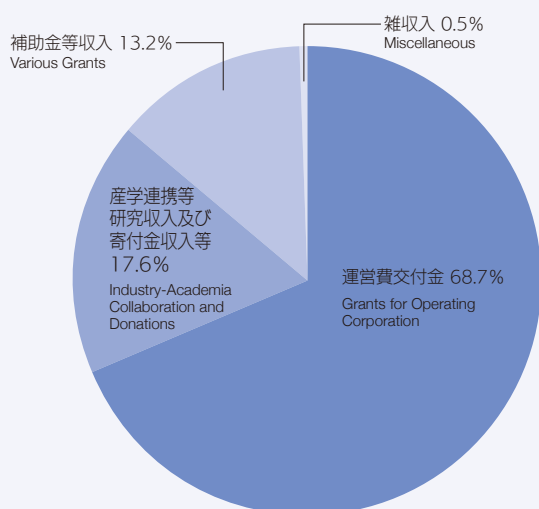
2017年度 (FY2017)

(×1,000yen)

収入	Revenue
区分	金額
運営費交付金 Grants for Operating Corporation	2,553,134
補助金等収入 Various Grants	489,288
雑収入 Miscellaneous	18,328
産学連携等研究収入及び寄附金収入等 Industry-Academia Collaboration and Donations	653,822
合計 Total	3,714,572*

支出	Expenditure
区分	金額
教育研究経費 Education and Research	2,571,462
補助金等 Grants	489,288
産学連携等研究経費及び寄附金事業費等 Industry-Academia Collaboration and Projects	653,822
合計 Total	3,714,572*

*機構長裁量経費を除く



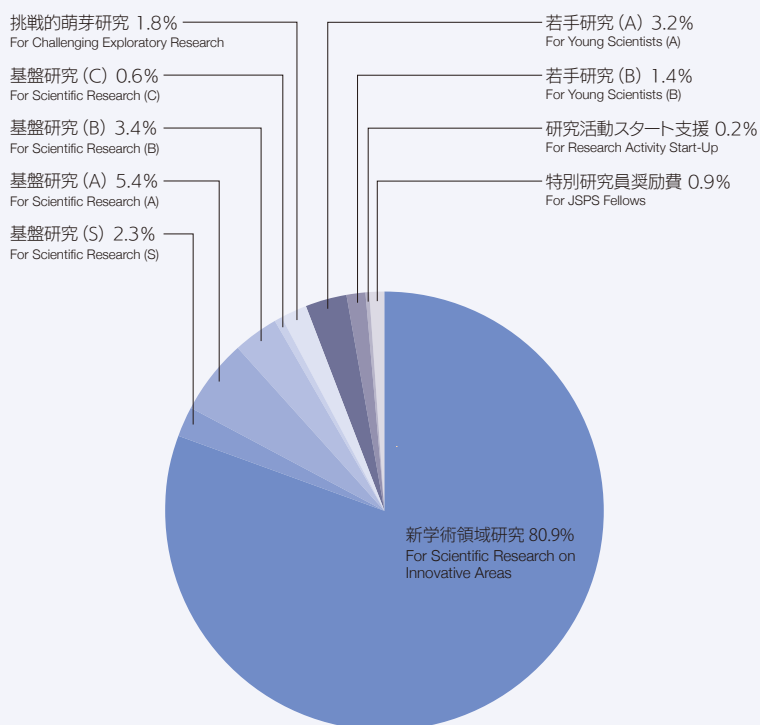
科学研究費 Grant-in-Aid for Scientific Research

2016年度 (FY2016)

(×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	1,142,400 / 18
基盤研究 (S) For Scientific Research (S)	31,800 / 1
基盤研究 (A) For Scientific Research (A)	75,700 / 9
基盤研究 (B) For Scientific Research (B)	48,200 / 11
基盤研究 (C) For Scientific Research (C)	9,000 / 7
挑戦の萌芽研究 For Challenging Exploratory Research	24,900 / 18
若手研究 (A) For Young Scientists (A)	45,600 / 5
若手研究 (B) For Young Scientists (B)	19,400 / 14
研究活動スタート支援 For Research Activity Start-Up	3,100 / 3
特別研究員奨励費 For JSPS Fellows	12,100 / 11
合計 Total	1,412,200 / 97

(2017. 3月末現在)



Biological Symposia in FY 2016

開催日 (Date)	演者 (Speaker)	所属 (Affiliation)	演題 (Title)
4/5	Hongkui Zeng	Allen Institute for Brain Science, USA	Building a cell type taxonomy for mouse cortical neurons
4/8	Minako Izutsu	Laboratory for Molecular Developmental Biology, Graduate School of Science, Kyoto University	Searching for genes involved in the adaptation of "Dark-fly", a <i>Drosophila</i> line reared long-term in a dark environment
5/16	Daniel Zilberman	University of California, Berkeley, USA	Molecular co-evolution of genomes and chromatin
5/17	Daniel Zilberman	University of California, Berkeley, USA	Epigenetic inheritance of DNA methylation within chromatin
5/24	Yusuke Sakai	University of Tokyo	Biogenesis and function of tRNA modification involved in the decoding process
6/3	Yasukazu Daigaku	Frontier Research Institute for Interdisciplinary Sciences, Tohoku University	Division of labour in usage of replicative polymerases and its flexibility during genome replication
6/8	Masayuki Oginuma	Department of Genetics, Harvard Medical School and Department of Pathology, Brigham and Women's Hospital, USA	Warburg-like metabolism regulates vertebrate somitogenesis
6/9	Kazuo Hara	Laboratory for Gene-Expression Analysis, National Institute of Genetics	Information Retrieval and Natural Language Processing for Life Science
6/15	Hiroshi Mori	Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Institute of Technology	Adaptation mechanisms of microbial communities against environmental disturbances
7/5	Nadav Ahituv	Department of Bioengineering and Therapeutic Sciences, University of California, San Francisco, USA	Functional Characterization of Gene Regulatory Elements
7/6	Toyoaki Natsume	Division of Molecular Cell Engineering, National Institute of Genetics	Studying the coordination between chromosome replication and segregation by the use of the AID technology in human cells
7/6	Kentaro Noma	University of California, San Diego, USA	Optogenetic mutagenesis for forward genetic screens in <i>C.elegans</i>
7/21	Shogo Ozaki	Biozentrum, University of Basel, Switzerland	Cycle-di-GMP drives the cell cycle of <i>Caulobacter crescentus</i>
8/1	Oliver Hobert	Department of Biological Sciences, Columbia University, USA	Map making in <i>C.elegans</i> : Charting the nervous system
8/1	Takashi Toda	Hiroshima Research Center for Healthy Aging (HiHA), Graduate School of Advanced Sciences of Matter, Hiroshima University	Exploring the molecular mechanism of mitotic progression -The spindle microtubule as a key player
8/8	Herwing Baier	Max Planck Institute of Neurobiology, Germany	Vision to Behavior Neural circuits for action selection in zebrafish
8/10	Laurent Excoffier	Institute of Ecology and Evolution, University of Berne, Switzerland	Genomic insights into the settlement of Australia by modern humans
9/12	Tomoya Kitajima	Laboratory for Chromosome Segregation, RIKEN Center for Developmental Biology	Oocytes-why so error-prone?
9/12	Shigeki Yoshiura	RIKEN Center for Developmental Biology	Wnt proteins serve as directional cues for the Par-complex polarity and the nervous tissue growth
9/21	Hiroko Sano	Institute of Life Science, Kurume University	Toward an understanding of endocrine regulation using a <i>Drosophila</i> model
9/21	Takashi Koyama	Development, Evolution and the Environment Lab, Instituto Gulbenkian de Ciéncia, Oeiras, Portugal	Inter-Organ Communication for Body Size Regulation
9/21	Kuniaki Saito	Keio University, School of Medicine	piRNAs: The key players in the fight against genome parasites
9/26	Gabriela Toledo-Ortiz	Lancaster Environment Centre, Lancaster University, UK	Regulatory modules that coordinate light and temperature control of photopigment production
9/28	Shweta Yadav	National Center for Biological Sciences, Bangalore, India	Information transfer at specialized regions of Plasma membrane: role of PM-ER contact sites in cellular signalling
9/28	Joachim Wittbrodt	Heidelberg University, Germany	Stem cells in the neural retina set the pace of eye growth and shape
10/5	Robert S. Haitiwanger	Complex Carbohydrate Research Center, University of Georgia, Athens, USA	Regulation of Notch Signaling by Glycosylation
10/7	Yu-Ling Shin	Institute of Biological Chemistry, Academia Sinica, Taiwan	Membrane localization of metabolic enzymes and metabolic modulation in the Δ min mutant of <i>Escherichia coli</i>
10/13	Naruhiko Adachi	Institute of Materials Structure Science, High Energy Accelerator Research Organization (KEK)	Uncovering ancient transcription systems with a novel evolutionary indicator
10/18	Didier Stainier	Max Plank Institute for Heart and Lung Research, Germany	Endothelial cell differentiation and genetic compensation
10/28	Hitoshi Okamoto	RIKEN Brain Science Institute	Evolutionarily conserved role of the habenula in resolution of social conflict
10/28	Norihiro Okada	Foundation for Advancement of International Science, National Cheng Kung University, Taiwan	Fighting fish (<i>Betta splendens</i>) provides an excellent platform for investigating the neurogenomic state of aggression
10/31	Yukiko Yasui	The Graduate School of Science, the University of Tokyo	The analysis of the central regulator of early leaf development in rice
10/31	Toshiya Suzuki	Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University	Cell cycle regulation and organ growth in plants
11/1	Andrew Belmont	Department of Cell and Developmental Biology, University of Illinois, Urbana-Champaign, USA	TSA-Seq Mapping of Nuclear Genome Organization
11/2	Yoshiharu Yamaichi	Institute for Integrative Biology of Cell (I2BC), Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS), Gif-sur Yvette, France	Organization of bacterial cells: from chromosome dynamics via cell pole development
11/2	Christian Lesterlin	Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS), France	Visualization of acquisition and establishment of drug resistance in bacteria
11/11	John Diffley	The Francis Crick Institute, UK	Reconstituting Chromosome Replication

開催日 (Date)	演者 (Speaker)	所属 (Affiliation)	演題 (Title)
11/21	David Rudner	Department of Microbiology and Immunobiology, Harvard Medical School, USA	How SMC condensin complexes compact and resolve replicated chromosomes (what <i>Bacillus subtilis</i> tells us)
11/21	Katsunori Sugimoto	New Jersey Medical School, Rutgers, The State University of New Jersey, USA	Two distinctive Tel2 pathways regulate protein maturation and refolding of ATM/ATR-related protein kinase Mec1 and Tel1 in budding yeast
11/21	Tomomi Tani	Marine Biological Laboratory, Woods Hole, USA	Dissection of molecular assembly dynamics by tracking orientation and position of single molecules in live cells
11/22	Ikuo K. Suzuki	Institute of Interdisciplinary Research and ULB Neuroscience Institute, University of Brussels, Belgium	Deciphering the molecular mechanisms linking development and evolution of the human cerebral cortex
11/28	Anne Donaldson	University of Aberdeen, UK	Roles of yeast and human Rif1 in targeting Protein Phosphatase 1 for chromosome maintenance
11/28	Eduardo Moreno	Champalimad Research, Lisbon, Portugal	Regulating the cellular composition of our bodies using fitness fingerprints
11/28	Miguel Torres	Spanish National Center for Cardiovascular Research, Madrid, Spain	Live analysis of mammalian pluripotent cell competition
11/30	Karen Oegema	Department of Cellular & Molecular Medicine, Ludwig Institute for Cancer Research, University of California, San Diego, USA	Contractile force feedback drives evolution of the contractile ring during cytokinesis
12/7	Tsutomu Endo	Whitehead Institute for Biomedical Research, Massachusetts Institute of Technology (MIT), USA	Retinoic acid signal for continuous sperm production: undifferentiated cells toward functional gametes
12/8	Satoko Yoshiba	Division of Centrosome Biology, National Institute of Genetics	Determinate and crucial functions of the cartwheel structure in human procentriole formation
12/12	Yan Yan Wang	College of Medicine and Beckman Institute, University of Illinois at Urbana and Champaign, USA	Multidisciplinary Approaches to Uncovering the Role of Dopamine D2 Receptor Isoforms in Cognition and Aging
12/14	James Amatruda	University of Texas Southwestern Medical Center, USA	Functional genomics of pediatric sarcoma fusion oncoproteins in the zebrafish system
12/19	Job Dekker	Program in Systems Biology, Department of Biochemistry and Molecular Pharmacology, University of Massachusetts Medical School, USA	How to fit big genomes in tiny spaces
12/20	Takeshi Kawashima	Center for Information Biology, Lab. Biological Networks, National Institute of Genetics	Comparative Genomics for Understanding the Origin of Deuterostomia
12/22	Misuzu Nosaka-Takahashi	International Cooperation Center for Agricultural Education, Nagoya University	Role of transposon-derived small RNA as a countermeasure against host defense in rice
12/26	Takashi Fukaya	Princeton University, USA	Enhancer dynamics in living <i>Drosophila</i> embryos
12/26	Yasuto Murayama	Tokyo Institute of Technology	Reconstituting of the central chromosomal architect, the cohesin ring
12/26	Setsu Kato	Yale University, USA	What can we learn from single-cell analysis in bacteria?
12/26	Fumi Kubo	Max Planck Institute of Neurobiology, Germany	Dissecting neural circuits for visually guided behavior in zebrafish
12/26	Shigeyuki Koshikawa	Kyoto University	Origins of evolutionary novelty: Developmental regulation and evolution of color pattern formation in a polka-dotted fruit fly, <i>Drosophila guttifera</i>
12/26	Toshiyuki Harumoto	École Polytechnique Fédérale de Lausanne (EPFL), School of Life Sciences, Global Health Institute (SV-GHI), Switzerland	Host Manipulation by bacterial symbionts: Towards understanding molecular basis and evolution
12/26	Eriko Sasaki	Gregor Mendel Institute of Molecular Plant Biology, Austria	Moving beyond classical genome-wide association studies – complex traits and extended models
12/26	Keishi Shintomi	RIKEN	Reconstitution and manipulation of mitotic chromosomes in a test tube
1/5	Shoko Kawamoto	Database Center for Life Science (DBCLS)	Integration of database and bio-resource for life science research in the personal genomics era
1/6	Yoshihiro Yoshihara	RIKEN Brain Science Institute	Olfaction in Zebrafish – Does It Smell Good, Bad or Sexy? –
1/25	Kozo Tanaka	Department of Molecular Oncology, Institute of Development, Aging and Cancer, Tohoku University	Impact of chromosome dynamics on the fidelity of chromosome transmission
1/27	Peter R. Cook	The Sir William Dunn School of Pathology, Oxford University, UK	Transcription factories: genome organization and gene regulation
1/30	Ziheng Yang	Department of Genetics, Evolution and Environment, University College London, UK	Reconstructing the recent histories of species using genomic sequence data: Opportunities and challenges
3/15	Michele Markstein	Biology Department, University of Massachusetts, Amherst, USA	Viva La Resistance! Multidrug Resistance in <i>Drosophila</i> Stem Cells
3/15	Ryo Ishikawa	Graduate School of Agricultural Science, Kobe University	Evaluation of the domestication –related traits in rice
3/22	Masayuki Takahashi	Tokyo Institute of Technology	Activation of RecA-promoted DNA strand exchange reaction by Mg ²⁺ ions: Requirement of two molecules of Mg ²⁺ ions for the optimal activity
3/23	Kosuke Yusa	Wellcome Trust Sanger Institute, UK	Development and application of CRISPR-based genetic screening
3/29	Fillipo Del Bene	Centre de Recherche, Institut Curie, France	An attractive Reelin gradient establishes synaptic lamination in the vertebrate visual system

内容	氏名
総合研究大学院大学 遺伝学専攻 森島奨励賞	中心体生物学研究部門 大学院生 土屋裕樹
総合研究大学院大学 遺伝学専攻 森島奨励賞	細胞建築研究室 大学院生 山本一徳
第10回(平成28年度)風戸賞 「電子顕微鏡を用いた中心小体構造形成過程の解析」	中心体生物学研究部門 教授 北川大樹
第13回日本学術振興会賞 「宿主細胞とオルガネラの協調増殖機構を司るタンパク質群の同定」	共生細胞進化研究部門 教授 宮城島進也
平成28年日本生化学会奨励賞 「中心小体複製の分子機構の研究」	中心体生物学研究部門 教授 北川大樹
日本菌学会六十周年記念大会 学生優秀発表賞	遺伝情報分析研究室 大学院生 飯塚朋代
第18回日本進化学会 優秀学生ポスター発表賞 「担子菌類における隔壁孔キャップの平行進化の原因遺伝子予測」	遺伝情報分析研究室 大学院生 飯塚朋代
2016年度日本育種学会春季大会(第129回講演会) 優秀発表賞 「トウモロコシKNOTTED1の共役因子 BEL1-like homeobox転写因子のシユート形成における機能」	実験圃場 助教 津田勝利
2016年度日本育種学会春季大会(第129回講演会) 優秀発表賞 「イネ減数分裂期タバート組織におけるsmall RNA生合成関連遺伝子の転写制御因子」	実験圃場 研究員 小野聖二郎
平成28年度科学技術分野の文部科学大臣表彰若手科学者賞 「細胞の形態形成を導く空間シグナルの研究」	細胞空間制御研究室 准教授 小田祥久

2016年文化勲章

文化勲章は、我が国の文化の発達に関して顕著な功績のあった者に対して授与される勲章です。原則として前年度までの文化功労者の中から受章者が選ばれ、毎年11月3日の文化の日に、宮中において天皇陛下から勲章を親授されます。



名誉教授 太田朋子

Intellectual Property Rights

特許出願 7件	出願番号
NRG1の切断検出用プローブ、NRG1の切断検出用プローブをコードするポリヌクレオチド、NRG1の切断検出用プローブの発現ベクター、NRG1の切断検出用形質転換体、NRG1の切断検出方法、およびNRG1切断酵素の阻害剤のスクリーニング方法	川上浩一 特願2016-053156
インビボクローニング可能な細胞株をスクリーニングするための方法、インビボクローニング可能な細胞株の製造方法、細胞株、インビボクローニング方法、及びインビボクローニングを行うためのキット	仁木宏典/野崎晋五 特願2016-137170
ベクターシステム、遺伝子発現方法、標的遺伝子ノックアウト方法、標的遺伝子ノックダウン方法、標的遺伝子編集方法、及び遺伝子発現キット	岩里琢治/水野秀信/羅ブンジュウ/岩田亮平 特願2016-165093
情報処理システム、情報処理方法、及びプログラム	黒川 顕/東 光一/森 宙史 特願2017-012340
アフリカツメガエル卵抽出液の冷凍保存方法及び冷凍保存用キット、アフリカツメガエル卵濃縮抽出液、並びに細胞周期の分析方法	島本勇太/高木 潤 特願2017-014441
次世代シーケンサーを用いた迅速な遺伝子検査方法	井ノ上逸朗/中岡博史 特願2017-006314
情報処理装置、情報処理方法及び情報処理プログラム	神沼英里 特願2017-032011
特許登録 計5件	特許番号
真核細胞におけるタンパク質分解誘導方法(日本)	鐘巻将人 第6021116号
タンパク質の生産方法(日本)	川上浩一 第6039181号
タンパク質の生産方法(日本)	川上浩一 第6087148号
タンパク質の生産方法(ロシア)	川上浩一 No.2598255
タンパク質の生産方法(シンガポール)	川上浩一 No.191124

Research Organization of Information and Systems

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構



機構長 藤井良一
FUJII, Ryoichi
President

機構本部

〒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 <https://www.nig.ac.jp/nig/ja/>

■ 機構長の挨拶

今、私達は変革の時代をまさに目の当たりにしています。情報通信技術の急激かつ飛躍的な発展、多種多様なビッグデータの出現、そして計算性能の急激な向上は、社会を変容させ、また研究環境を大きく変化させています。このような現代社会における科学が「データ駆動型」となることは時代の必然であり、第4の科学ともいわれる「データサイエンス」の推進こそが、科学技術イノベーションを牽引するといっても過言ではありません。

このような背景から、情報とシステムの観点から新たな研究領域を切り拓き、現代の諸問題の解決を目指す当機構は、今まさに研究コミュニティにおいて中核的な役割が求められております。大学共同利用機関としての使命、社会のニーズへの貢献を存立の基盤として強く自覚しつつ、全力でその責務を果たさなければなりません。そのためには、社会や大学等に役立つデータの整備・統合、ビッグデータから意味ある知識を獲得する方法の革新、散在する大量のデータをリアルタイムに制御するデータ処理技術、膨大な高次元データや計算結果を人間が把握可能にするデータ可視化など、多くの研究開発を今後さらに発展させることが必須となります。

これらを推進するには、まず国立極地研究所、国立情報学研究所、統計数理研究所、国立遺伝学研究所という機構の4つの研究所が、極域科学、情報学、統計数理、遺伝学というそれぞれの分野の学理における世界最先端の研究拠点であることが求められます。それなしに大学の機能強化や社会への十分な貢献はあり得ません。これら研究所が核となって、それぞれの研究コミュニティとのデータ共同利用や共同研究を推進し、大学等における研究力強化に貢献するかたわら、機構はこれを全力で支援します。そして、大学や機関の垣根を越える研究者交流プログラムやクロスアポイントメント制度等の活用と併せて、分野の枠組みを越える融合研究や新学術領域の創成を促進し、研究者が循環する、ダイナミックで豊かな研究環境を実現することにより、大学・研究機関と機構双方の機能強化を目指します。またこのような中で大学共同利用機関のもう一つの重要な使命である大学院教育を実践し、総合研究大学院大学の基盤機関としてデータサイエンス時代にふさわしい人材を育成してまいります。

法人第3期を迎えた平成28年度には、機構の本部機能と4研究所との連携を強化する戦略企画本部と、データ共有・統合・解析手法の開発を担うフラッグシップ・プラットフォームであるデータサイエンス共同利用基盤施設を設置しました。これらを有機的に機能させることによってオープンサイエンスを加速し、基盤学理の発展を基に、課題解決型の科学や、超スマート社会への貢献といった社会の要請に応えていきたいと考えております。よりよい時代へ向けて、情報・システム研究機構の挑戦に、皆様のご支援とご鞭撻をお願い申し上げます。

■ About the organization

The Research Organization of Information and Systems (ROIS) was established in 2004 to bring together the four national institutes: the National Institute of Polar Research, the National Institute of Informatics, the Institute of Statistical Mathematics, and the National Institute of Genetics, upon the incorporation of the Inter-University Research Institutes for the purpose of understanding and predicting our complex world from the perspective of information and systems. ROIS has been promoted cross-institutional research and collaboration between universities, providing access to various scientific databases, analytical tools, computing resources, and academic internet backbones.

In 2016, we established Joint Support-Center for Data Science Research in order to enhance our support of next-generation data-oriented research activities in universities. It promotes data science of wide research communities by providing support functions of data sharing and data analysis for natural sciences, social sciences and humanities research. It is also planning to foster data scientists through collaborative research and on-the-job training.

Along with these cutting-edge research activities, ROIS also functions as the core organization behind SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies), training human resources to lead academic research in a new age.



SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies)

国立大学法人 総合研究大学院大学 (総研大)



学長 長谷川眞理子
HASEGAWA, Mariko
President

所在

〒240-0193 神奈川県三浦郡葉山町 (湘南国際村)
Shonan Village, Hayama, Kanagawa 240-0193 Japan
TEL 046-858-1500 <http://www.soken.ac.jp/>

総研大は、大学共同利用機関である研究所を基盤とする専攻と本部直結の先導科学研究科からなる大学院大学です。建学以来、教育目標に「高い専門性」「国際的な通用性」と「広い視野」を掲げています。「広い視野」とは、自分の研究対象を人類の知的な活動全体の中で位置づけて語る能力、専門分野を越えて新たな地平を想像する能力です。幅広い知識領域をカバーする専攻をそろえた本学の特色を活かし、世界で活躍できる人材を輩出しています。

SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies) is a graduate university consisting of departments housed in affiliated Inter-University Research Institutes and the School of Advanced Sciences attached directly to SOKENDAI. Its educational goals are “advanced specialties and expertise,” “international competitiveness” and “broad perspective”. “Broad perspective” entails the ability to define one’s research within the entire human intellectual activity, and to envision new horizons that transcend current disciplinary boundaries. Taking full advantage of departments that collectively encompass vast intellectual fields, SOKENDAI nurtures future generations of global professionals.

▶ Inter-University Research Institutes participating in the Graduate University for Advanced Studies

総研大に参加する大学共同利用機関

- ① 総研大本部 (生命共生体進化学専攻)
The Graduate University for Advanced Studies
(Department of Evolutionary Studies of Biosystems)
- ② 国立民族学博物館 (地域文化学専攻・比較文化学専攻)
National Museum of Ethnology
(Department of Regional Studies・Department of Comparative Studies)
- ③ 国際日本文化研究センター (国際日本研究専攻)
International Research Center for Japanese Studies (Department of Japanese Studies)
- ④ 国立歴史民俗博物館 (日本歴史研究専攻)
National Museum of Japanese History (Department of Japanese History)
- ⑤ 国文学研究資料館 (日本文学研究専攻)
National Institute of Japanese Literature (Department of Japanese Literature)
- ⑥ a. 分子科学研究所 (構造分子科学研究科・機能分子科学専攻)
Institute for Molecular Science
(Department of Structural Molecular Science・Department of Functional Molecular Science)
b. 基礎生物学研究所 (基礎生物学専攻)
National Institute for Basic Biology (Department of Basic Biology)
c. 生理学研究所 (生理科学専攻)
National Institute for Physiological Sciences (Department of Physiological Sciences)
- ⑦ 国立天文台 (天文科学専攻)
National Astronomical Observatory (Department of Astronomical Science)
- ⑧ 核融合科学研究所 (核融合科学専攻)
National Institute for Fusion Science (Department of Fusion Science)
- ⑨ 宇宙科学研究所 (宇宙科学専攻)
Institute of Space and Astronautical Science (Department of Space and Astronautical Science)
- ⑩ a. 加速器研究施設・共通基盤研究施設 (加速器科学専攻)
Accelerator Laboratory・Applied Research Laboratory
(Department of Accelerator Science)
b. 物質構造科学研究所 (物質構造科学専攻)
Institute of Materials Structure Science (Department of Materials Structure Science)
c. 素粒子原子核研究所 (素粒子原子核専攻)
Institute of Particle and Nuclear Studies (Department of Particle and Nuclear Physics)
- ⑪ 統計数理研究所 (統計科学専攻)
The Institute of Statistical Mathematics (Department of Statistical Science)
- ⑫ 国立極地研究所 (極域科学専攻)
National Institute of Polar Research (Department of Polar Science)
- ⑬ 国立情報学研究所 (情報学専攻)
National Institute of Informatics (Department of Informatics)
- ⑭ 国立遺伝学研究所 (遺伝学専攻)
National Institute of Genetics (Department of Genetics)





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いる」(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 2017年度

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/>

国立遺伝学研究所管理部

〒411-8540 静岡県三島市谷田1111
1111 Yata, Mishima, Shizuoka-ken 411-8540 JAPAN
TEL 055-981-6707 FAX 055-981-6715

National Institute of Genetics

国立遺伝学研究所







<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/>

