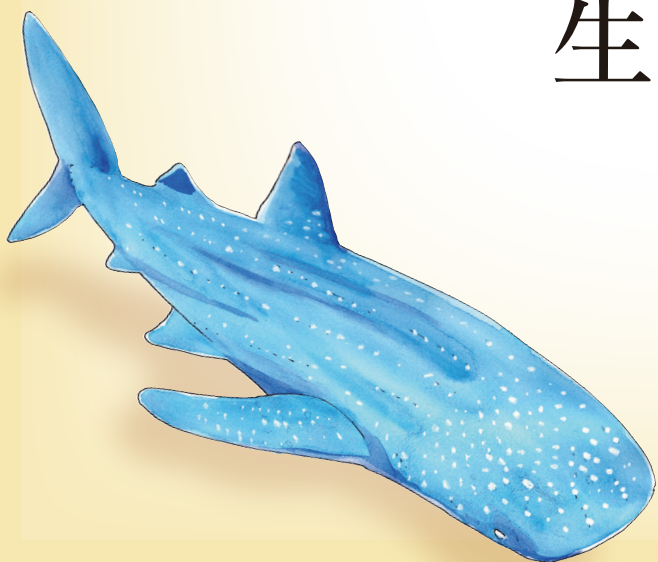




情報研究系

有田 正規 研究室

生命ネットワーク研究室



国立遺伝学研究所

ONLINE

公開講演会2022

有田・越水研究室（生命ネットワーク） CONTACT: arita@nig.ac.jp

バイオインフォマティクスの研究室です。主にゲノム、メタボロームを扱います。
具体的研究成果は、**ResearchMap, Google Scholar**などで御覧ください。

- **微生物の比較ゲノム解析**

これまで乳酸菌・ビフィズス菌、ピロリ菌、ビブリオ菌の解析を実施しました。ヨーグルトのガセリ菌は実際はパラガセリ菌など、情報解析で新種も発見しています。

- **メタボロミクス**

MetaboBankという公共リポジトリを作成しています。様々な解析ソフトウェアも開発してきました。食品メタボロームや脂質メタボロームを中心に研究しています。

- **マルチオミクス解析**

ゲノムやトランスクリプトーム、メタボロームなどのオミクスデータを用いて、植物の生殖に関連する重要因子の同定を行なっています。現在は花の構造色の発色に必要な花弁表面の微細構造形成に関わる因子や、植物の精子形成に必要な因子について研究をしています。

公共データベースDDBJ

有田研は塩基配列データベースDDBJの事業と密接に関係しています。
ビッグデータ解析や、データサイエンスに興味がある人を募集します。
ヒトゲノム解析や情報倫理についても、様々な活動をしています。



ラボメンバー（2022春の写真で一部入れ替わり）スタッフ構成



研究方針

共同研究重視です。学生は留学させます。
現在は伊ボローニャ大、阪大などと連携。

DDBJについて： <https://www.ddbj.nig.ac.jp/>

連絡先： arita@nig.ac.jp

教授 有田正規（理研CSRS兼務、よろづ解析）

助教 越水 静（植物ゲノム解析、実験）

特任准教授 櫻井望（メタボロミクス）

特命准教授 クリュコフ・キリル（ゲノム解析）

特命助教 川島武士（動物ゲノム解析）

特任研究員 時松敏明（メタボロミクス）

特任研究員 浅野さとみ（データ公開）

技術補佐員 吉本美和（メタボロミクス）

技術補佐員 パク・ジェヒョク（メタボロミクス）

学生D3：ドゥアー・ザカリア（メタゲノム）

学生D1：アミア・ラキモフ（メタゲノム）

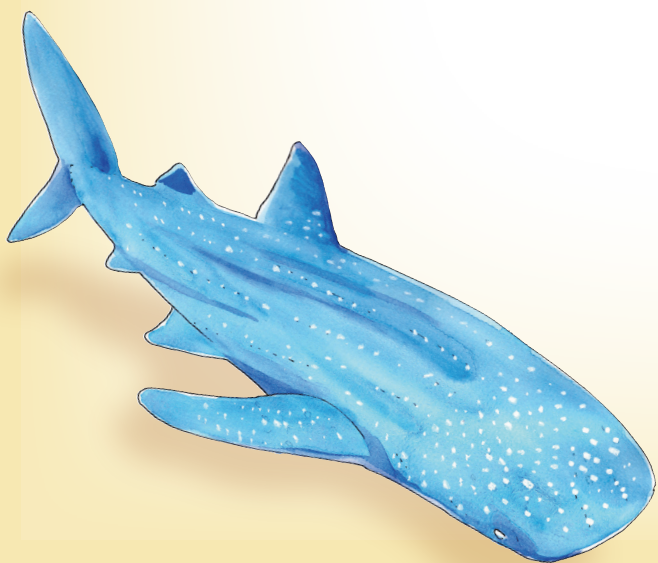
秘書： 槇、村形、山本



情報研究系

川本 祥子 研究室

系統情報研究室



国立遺伝学研究所

ONLINE

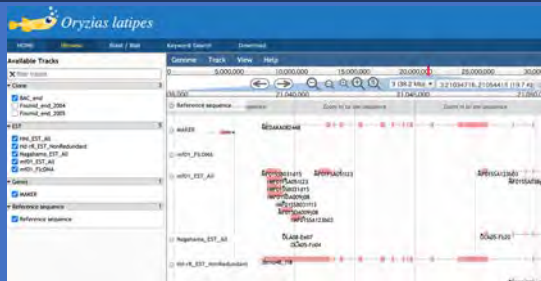
公開講演会2022

生物遺伝資源情報の利用とデータベースに関する研究

系統情報研究室（川本研究室）

当研究室では、生物遺伝資源＝バイオリソースに関するデータベースや希少疾患に関するモデル生物データベースの整備を担当しています。

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、日々新たなデータが大量に蓄積されています。データを活用し科学の基盤となるのがデータベースです。



モデル生物のゲノム配列DBや画像DB

バイオリソース情報サーバー

ナショナルバイオリソースプロジェクト



JBIF 日本生物多様性情報イニシアチブ
Japan Initiative for Biodiversity Information



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



情報で研究を支援する

生物遺伝資源センターバイオリソース情報部門



NBRP ナショナルバイオリソースプロジェクト



日本生物多様性情報イニシアチブJBIF



J-RDMM

希少疾患モデル生物コーディネーティングネットワークプロジェクト

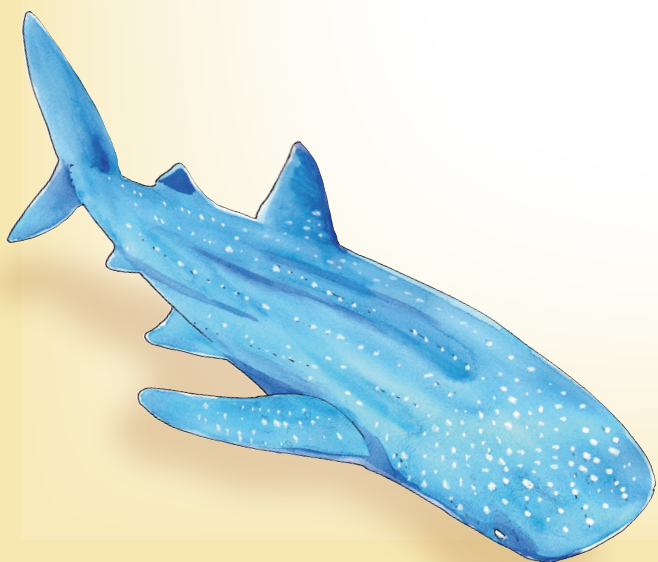




情報研究系

黒川 顕 研究室

ゲノム進化研究室



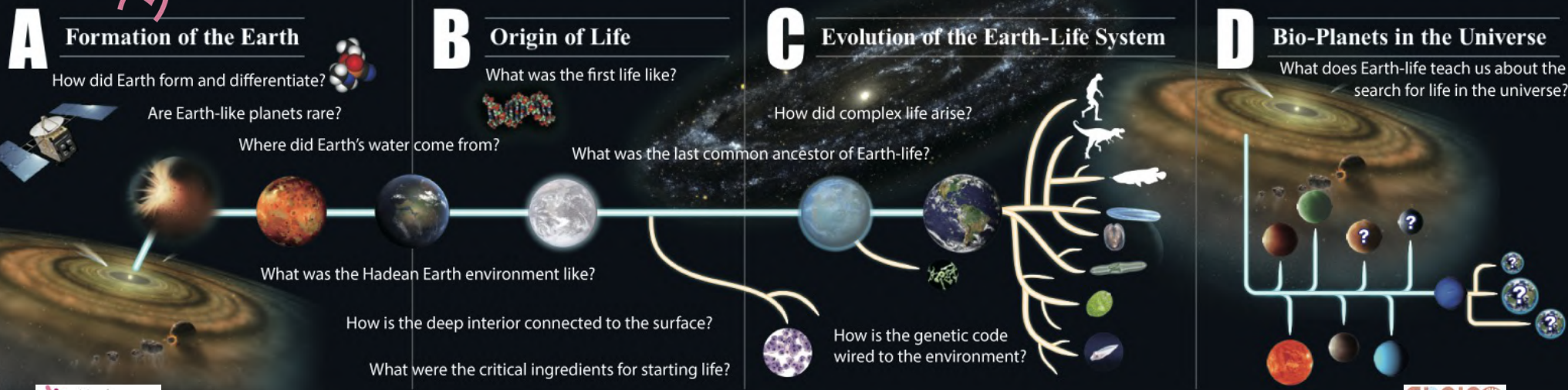
国立遺伝学研究所

ONLINE

公開講演会2022



ゲノム進化研究室（黒川研究室）



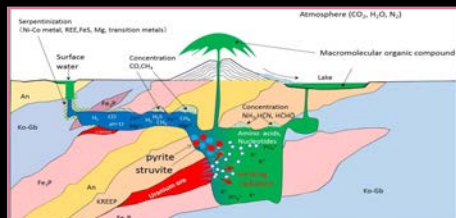
<https://www.youtube.com/c/冥王代生命学の創成>

Earth-Life Science Institute, TITECH



微生物ゲノム・メタゲノム マイクロバイオーーム

Tsukuda N et al (2021)
Merino N et al (2020)
Yachida S et al (2019)



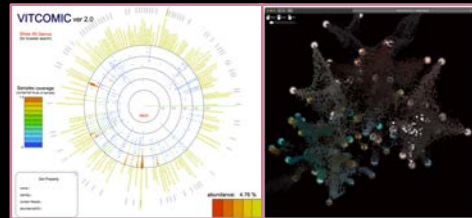
地球・生命の起源

Nobu MK et al (2022)
Ebisuzaki T et al (2020)
Maruyama S et al (2019)



メンバー

東光一、黒川真臣、松本美緒
水林あや子、黒川顕
(kk@nig.ac.jp)



バイオインフォマティクス

Mori H et al (2021)
Mori H et al (2018)
Higashi K et al (2018)



統合データベース

<https://microbedb.jp/>



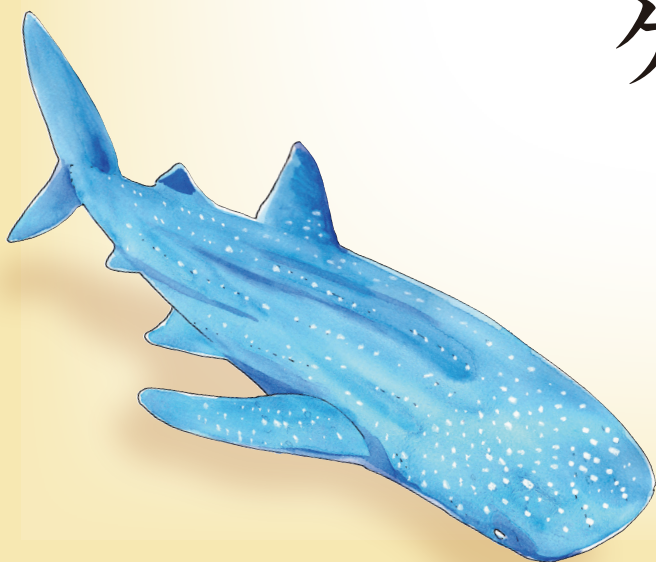
とにかく
誰も知らない
面白いことを



情報研究系

森 宙史 研究室

ゲノム多様性研究室



国立遺伝学研究所

ONLINE

公開講演会2022

ゲノム多様性研究室 Genome Diversity Laboratory

2021年度にできた新しい研究室です。

メンバー: ポスドク1名、D1学生1名

研究室webページ: <https://www.genome.id/>

准教授 森 宙史

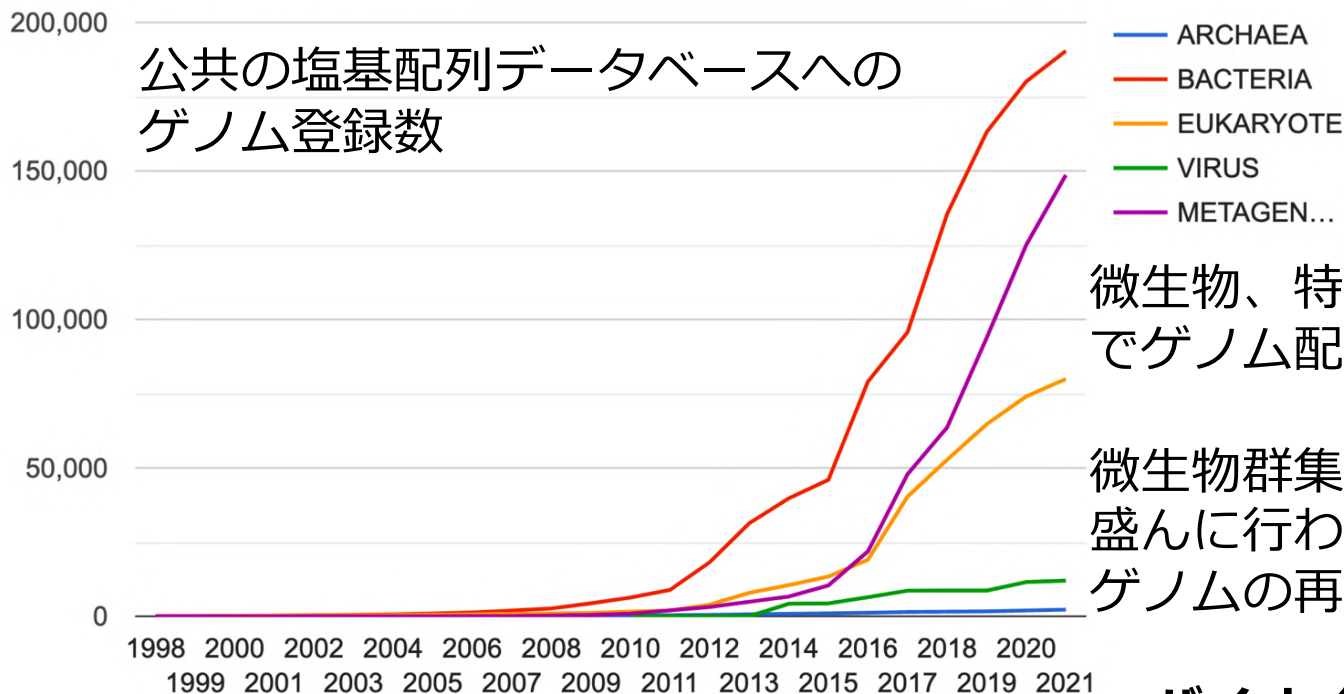
Hiroshi Mori

連絡先: hmori@nig.ac.jp

1. ゲノムの多様性と普遍性についての法則を明らかにする

2. 遺伝子組成と生息環境との関係性の解明（主に微生物が対象）

Projects by Domain



微生物、特に原核生物は著しいスピードでゲノム配列データが蓄積している。

微生物群集を解析するメタゲノム解析も盛んに行われ、メタゲノムデータからのゲノムの再構築も可能になりつつある。

グラフのデータは
<https://gold.jgi.doe.gov/>から取得

バイオインフォマティクスの技術を用いてゲノムデータを解析する

動物の古代DNA (ancient DNA)解析

- ・ [絶滅した巨大な鳥（エピオルニス）の進化系統の推定](#) [Curr. Biol. 2017](#)

古い生物の骨・歯等の組織標本

↓ ドリル等で削る

粉状のサンプル

↓ DNA抽出



↓ DNAシーケンス用サンプル調整



TogoTV (© 2016 DBCLS TogoTV)

DNAシーケンシング

ゲノム配列データの情報解析



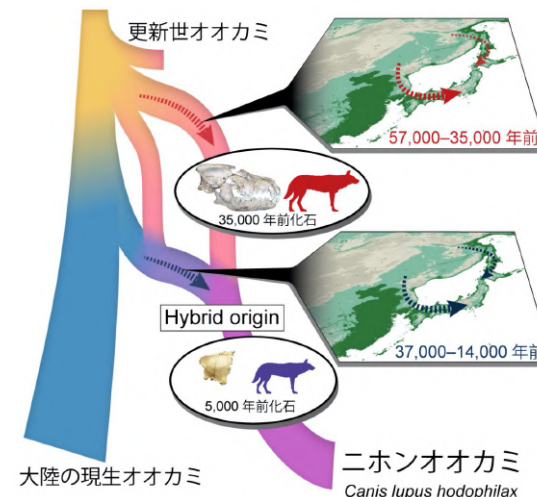
- ・ [本州にかつて生息していたヒグマの起源の解明](#)



[Royal Soc. Open Sci. 2021](#)

- ・ [ニホンオオカミの起源の解明](#)

[Curr. Biol. 2022](#)

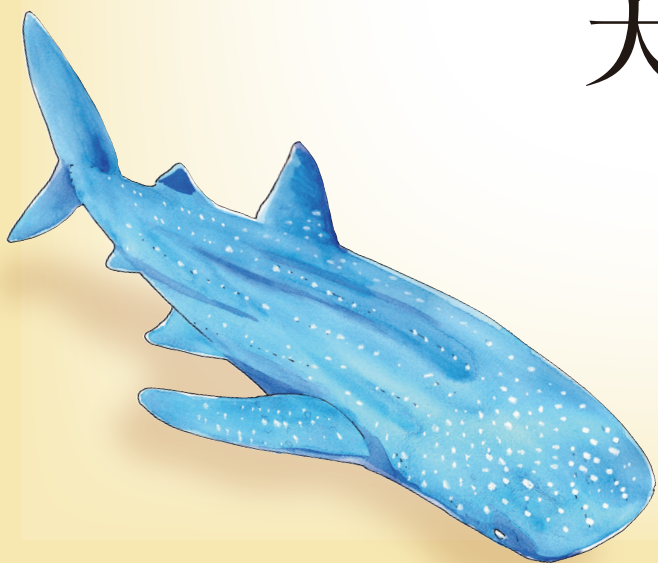




情報研究系

中村 保一 研究室

大量遺伝情報研究室



国立遺伝学研究所

ONLINE

公開講演会2022

大量遺伝情報研究室・中村研

🎧 いろいろな生物種の全ゲノム解析



Citrus unshiu
(温州ミカン 360 Mbp)



Eustoma grandiflorum
(トルコギキョウ 1.4 Gbp)



Marchantia polymorpha
(基部陸上植物・ゼニゴケ 220 Mbp)



Felis catus
(イエネコ 2.5 Gbp)



Nitzschia spp. (光合成をやめて
しまった珪藻 30-60 Mb)



ynlab.info
研究室サイト



大量遺伝情報研究室・中村研

ウェブツール・データベース開発



MarpoIBase
Genome Database for *Marchantia polymorpha*

Q. Marchantia Gene Info
MarTakt v5.1.1 [Download MarTakt]

Genome Browser

Gene Nomenclature
[Important notice] To maintain consistency and interoperability, we strongly recommend that gene names/symbols should be registered before publications and presentations.

Analytical Tools
BLAST similarity search (MarTakt v5.1) (under construction)
BLAST similarity search (JGI 3.1) and plant species (former website)
EMAP+DNA mapping alignment to the *Marchantia* genome
CallFinder algorithm for the CRISPR/Cas system
CRISPR-Cas2 ultrafast genome sequence search (for JGI 3.1)
CRISPRFinder Fast target search for the CRISPR/Cas system (for JGI 3.1)

Utility tools
Gene Finder
Genome Shave
Gene ID Converter

Marchantia Literature Archives

Marchantia polymorpha
ゼニゴケゲノムデータベース



Cats-I: Cats' genome Informatics
Genome database for *Felis catus*

This web site contains genomic data obtained from the study for "Animals 1.0: A high-quality chromosome-scale assembly of a domestic cat *Felis catus* of American Shorthair breed" (Izumi, Matsuno, Chung, Sakamoto, et al. BioRxiv, 2020).

Keyword Search
[Animal: *Felis catus*] [Keyword: Submit]
e.g. kinase: PFKFB3, "GMP synthesis": AnrM5E9A, A1002100
OR: topoisomerase gamma (protein behavior) AND: "elongation factor" +transcription (path + to each keyword)
NOT: "elongation factor" +transcription (path - to exclude from search) Prefix search: ribosome, ribosome, etc.]

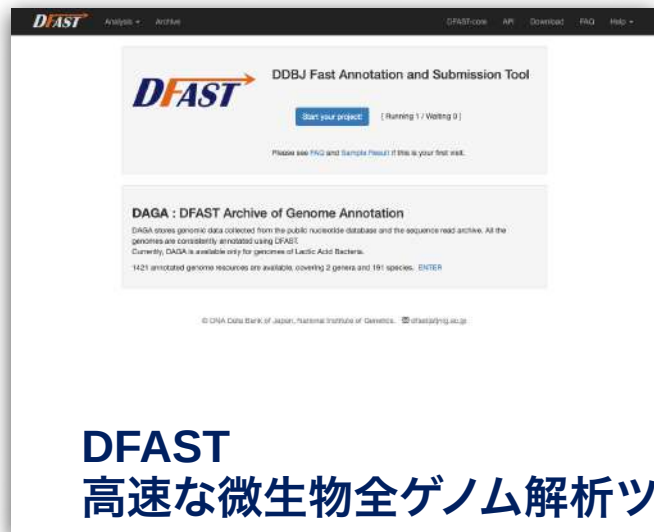
Our cat
[Image of a cat]
Name: Santa
Breed: American Shorthair
Sex: Female
Genome specs:
30 sequences (19 chromosomes + 1 unplaced)
2.49 Gbp in total

Assembly and annotation version
The current version of the genome assembly is ver1.0 (v1.0.1.0).
The genome sequences are also available from the NCBI under the accession number BioProject:FL009679.
Note that the current gene annotation is still in Beta-version and is subject to change in future revisions.

Citation
The data provided in this web site is freely available for academic purposes. Please cite the present position on BioRxiv if you use the data obtained from the web site.
DOI: 10.1101/2020.05.10.200989

Inquiries
Genome Informatics Lab. NIG

Felis catus
イエネコゲノムデータベース



DFAST
DBJ Fast Annotation and Submission Tool

[Start your project] [Running: 1 / Waiting: 0]

Please see FAQ and Sample Files if this is your first visit.

DAGA: DFAST Archive of Genome Annotation
DAGA stores genomic data collected from the public nucleotide database and the sequence read archive. All the genomes are consistently annotated using DFAST.
Currently, DAGA is available only for genomes of Lactic Acid Bacteria.
1421 annotated genome resources are available, covering 2 genera and 191 species. [ENTER]

© DNA Data Bank of Japan, National Institute of Genetics. [email@nig.ac.jp]

DFAST
高速な微生物全ゲノム解析ツール

tayo.jp
研究室案内



researchmap.jp
論文リスト

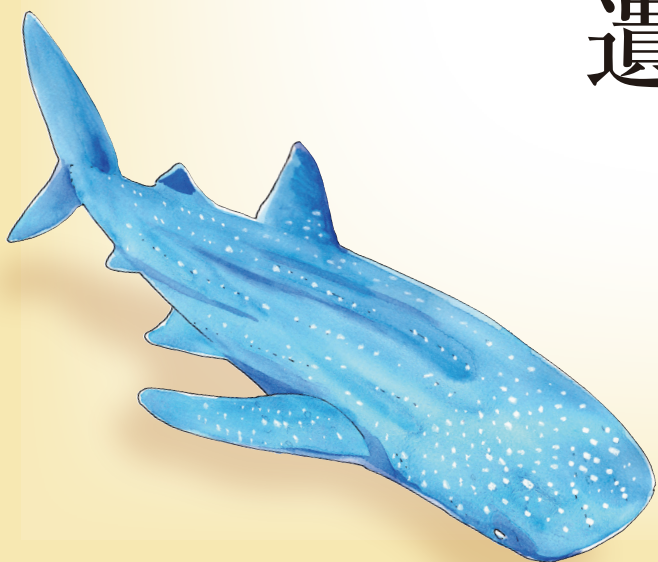




ゲノム・進化研究系

池尾 一穂 研究室

遺伝情報分析研究室



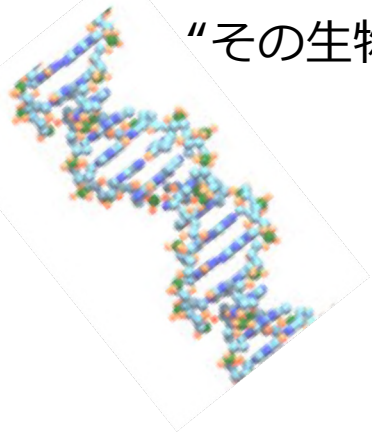
国立遺伝学研究所

ONLINE

公開講演会2022

遺伝情報分析研究室 (Laboratory for DNA Data analysis)

ゲノム配列や遺伝子発現情報比較に基づく分子進化学？



“その生物だけが持つ遺伝子” は何か？

“この現象の時にしか使わない遺伝子” は何か？

→ 見つけた遺伝子が
「いつ・どのように」 誕生したのか？

次世代シーケンサー、スーパーコンピュータ を用いたDNA、RNAの**大量比較**

最初の生命が誕生して以来約40億年、今日のような多様な生物はどのようにして進化してきたのでしょうか？
また、このような進化をもたらした分子基盤と分子進化過程とはどのようなものなのでしょうか？

我々の研究室では、大量の塩基配列データを用いてこの謎に迫ろうと試んでいます。

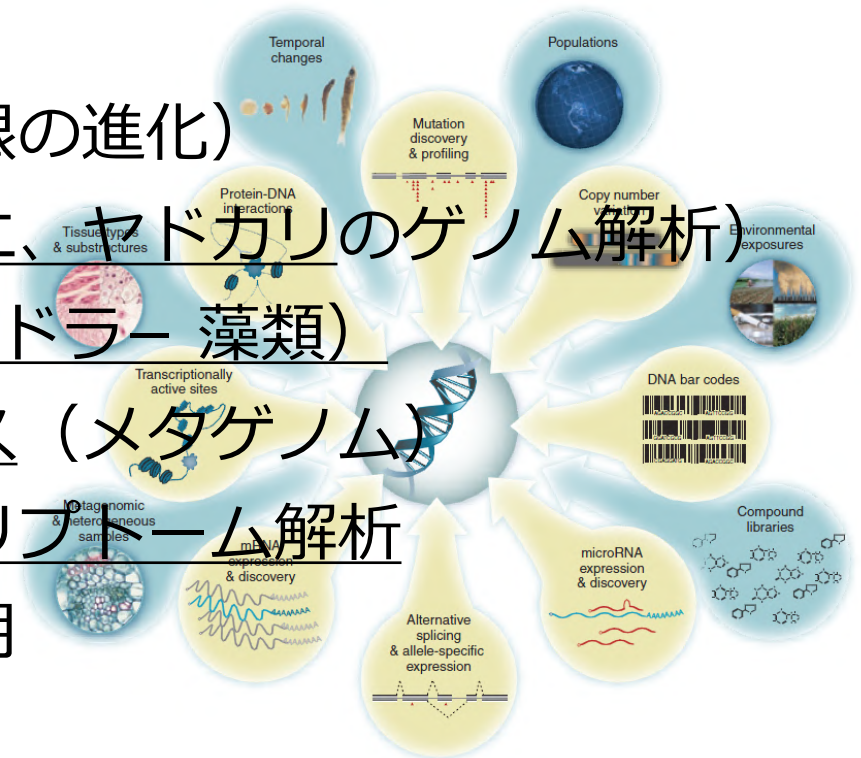
以下のように多様な研究テーマが進行中ですが、共通のキーワードは、「進化」、「次世代シーケンサー」、「ゲノム」、「トランスクリプトーム」です。



遺伝情報分析研究室で行なっていること

当研究室の研究テーマ：

- ・ 感覚器の進化（クラゲの眼の進化）
- ・ 系統進化・集団遺伝（ウニ、ヤドカリのゲノム解析）
- ・ 細胞内共生メカニズム（ヒドラー 藻類）
- ・ 海洋微生物のダイナミクス（メダゲノム）
- ・ シングルセルトランスクリプトーム解析
- ・ 疾患原因遺伝子の機能解明



「生命の進化」、「生物多様性の分子基盤」などに興味がある学生大歓迎！

分析研ホームページ

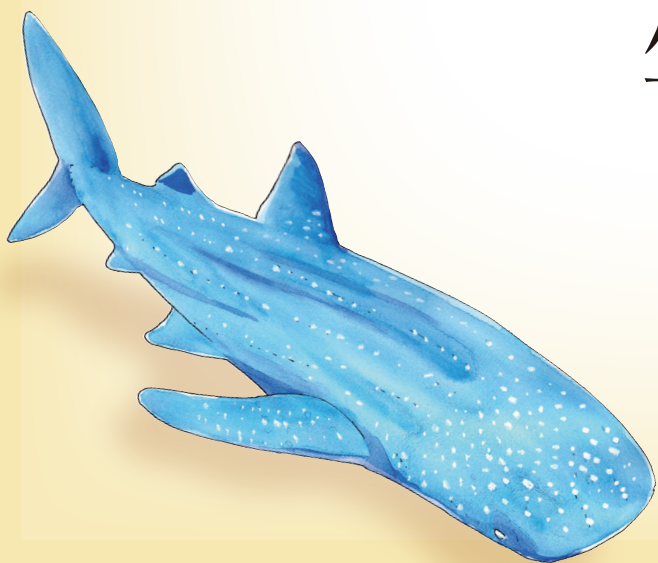
<https://www.nig.ac.jp/labs/DnaData/index.html>



ゲノム・進化研究系

北野 潤 研究室

生態遺伝学研究室



国立遺伝学研究所

ONLINE

公開講演会2022



研究内容

本研究室における研究の原動力は、野外で観察される多様な表現型が進化することへの好奇心です。生態遺伝学とは、1964年にEcological Geneticsの本を著したE.B. Fordの序文によると「野外調査と実験室内での遺伝学を融合した手法を用いて行われる進化と適応に関する実験的研究」です。すなわち、野外で進行する生物進化の遺伝 機構を研究する学問といえます。現在、最も重点を置いているテーマは、単純な自然選択による適応進化のモデルでは説明できないような性的装飾の進化、核型の進化、適応能力の限界、雑種不妊 などの原因となる遺 伝子及び変異の特定です。遺伝子、さらには原因突然変異が特定できれば、実際の野外集団や半野外環境下における変異アリの振る舞いを観察したりすること で、進化機 構の統合的理解につながると考えているからです。

- (1)まず、野外より魚を採集し、集団や種間での行動や生理機能の違い、雑種異常などを出来る限り詳細に観察し記載します。地道な観察こそが重要な第一歩と考えています。
 - (2)ついで、その生物の適応度にとって重要と考えられる形質の候補原因遺伝子について、QTL解析、全ゲノム比 較、トランスクリプトーム解析などを用いて探索します。
 - (3)得られた候補遺伝子について、生化学的／分子生物学的な解析を試験管内で行ったり、ノックアウトやトランスジェニック魚を利用して生体での機能解析 を行ったりすることで、原因遺伝子の特定を行います。
 - (4)さらに、原因遺伝子座の野外 での振る舞いについて、理論集団遺伝学的手法やコンピューターシミュレーションで解析したり、遺伝研所内の人工池を用いたりして明らかにしていきます。
- 苦手な手法については、国内外のグルー プと必要に応じて柔軟に共同研究を行ったり、新しい手法や考え方を学んでいきます。

これら作業の連続はとても時間のかかる地道なものです。しかし、国内外の理解しあえる仲間たちと知恵を出し合って一つ 一つ未知の扉を開いていく過程を、わくわくドキドキしながら一喜一憂しながらできる人には向いているかもしれません。この試行錯誤の過程で見つけた発見は、どんなに小さな発見であっても嬉しくて、それを発表して世界が驚いてくれて、世界 中で似た研究が続いていけば、その喜びはなおさらです。モットーは、「本当に面白いね!」と言ってもらえる研究、世界が真似をするような研究を自分のラボ から世界へ発信することです。自分の論文が(もちろん現在もですが)数十年後、あるいは、百年後にでも世界のどこかで誰かに読まれて、刺激を与え続けることができればいいなと思います。

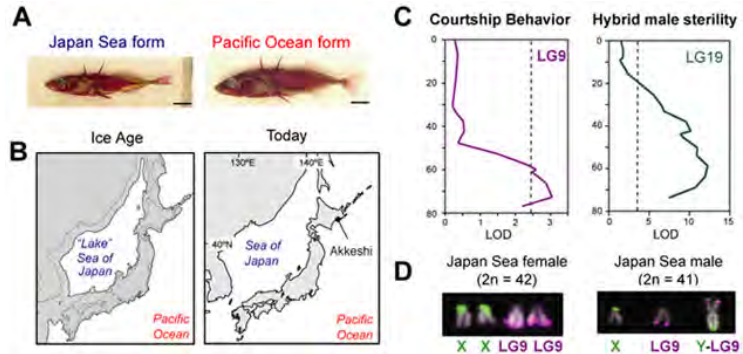
自分なりにとても気に入っている論文はどれも当初の予定通りではなく、予想外の展開が複数あったものです。今、論文を読み返してみても、自分自身や共同研究者の一喜一憂が思い出されます。予想外の結果というのは自然界が我々に何かを語りかけている瞬間で、実は以外に多いはずなのですが、出会ってもその重要性に気づかなかったり忙しいことを言い訳に目をつぶってしまうことが圧倒的に多いと思います。自分とは異なる考え方を受け入れ、いつもオープンな気持ちで予想外との出会いを待ち受けている姿勢が必要だと常々感じています。

進行中の研究課題

トゲウオ科のイトヨは、約200万年以内に多様化を遂げたことから、生物多様性進化の研究の格好のモデル生物です。また、メダカ科魚類は、日本を含む東南アジアにおいて著しい多様化を遂げています。これらイトヨやメダカを利用して以下の課題に迫ります。

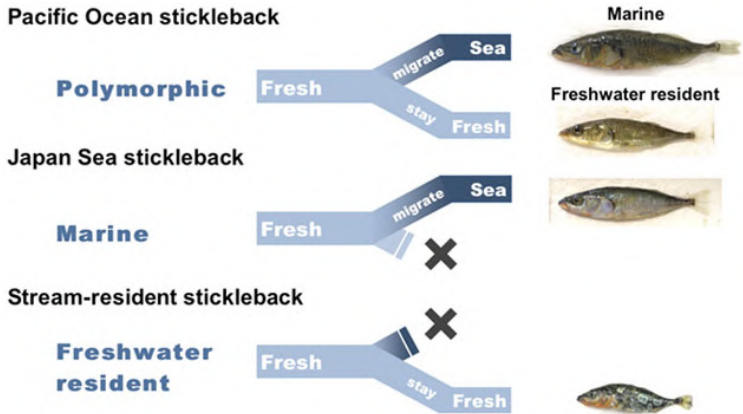
1.種分化の遺伝機構

種分化、すなわち、近縁種間での生殖隔離機構の機構に迫ります。日本には、日本海型と太平洋型の二種のイトヨが生息しています。これら二種は性染色体転座 など核型の点で異なるのみならず、求愛行動も異なりおりランダムには交配できません。また、無理にかけ合わせても交配方向によっては、雑 種オスが不妊になります。連鎖解析やゲノム解析の結果、ネオ性染色体の進化と種分化に深いつながりがあることが分りました。これら二種のイトヨの生殖隔離 の原因遺伝子に迫ります。



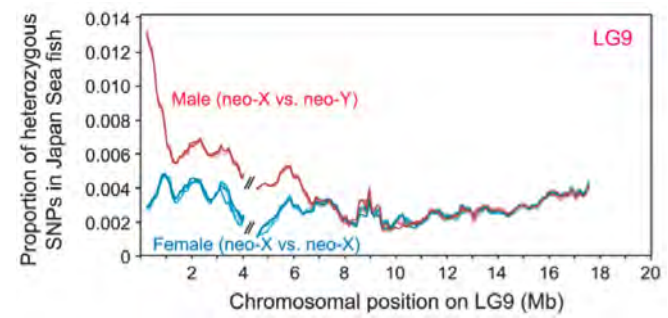
2.新規ニッチへの進出の遺伝機構

新しいニッチへの侵入は、その後の適応放散を誘導する場合があります。トゲウオは、淡水域に進出することで適応放散を遂げました。しかし、新規ニッ チへ侵入できた分類群もあれば、できなかった分類群も存在します。これら、新規ニッチへの適応進化の違いを生み出す原因となる遺伝基盤について、異なる塩分適応能や異なる代謝能力をもつイトヨ3型を用いて研究します。また、ホルモン内分泌系の進化は、複数形質の同時的な変化を引き起こしうることから、新規環境への適応に重要ではないかという仮説のもと、エコタイプ間のホルモン分化の機構も明らかにします。



3.性染色体ターンオーバーが進化に果たす役割

性染色体は、ゲノムの中でもとりわけ進化速度の速い領域で、魚類などでは近縁種間でも性染色体が異なっていることは多々あります。我々は、こういった性染色体のターンオーバー(転換)が、種分化や性的二型の多様化に果たす役割について、ゲノム解析、遺伝的連鎖解析、候補遺伝子の同定、集団遺伝理論解析などを 通して解明します。



4.進化生物学の応用的側面

人為的環境改変は急速に環境を改変しており、生物に与える影響が懸念されています。また、津波をはじめとする環境変動も野外生物に影響を与えると考 えられます。さらに、外来種は新規環境へ適応しながら拡散し、社会問題となっています。急速な環境変化に対して生物がどう反応するのか、どのように絶滅リ スクを軽減できるのか、また、外来種は如何にしてうまく新規環境に適応していくのかについて、イトヨをモデルにして研究しています。



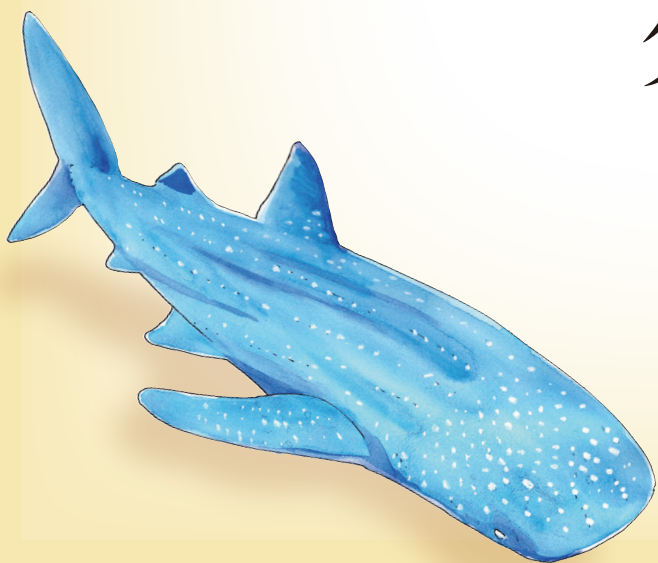
[ページトップへ](#)



ゲノム・進化研究系

工樂 樹洋 研究室

分子生命史研究室



国立遺伝学研究所

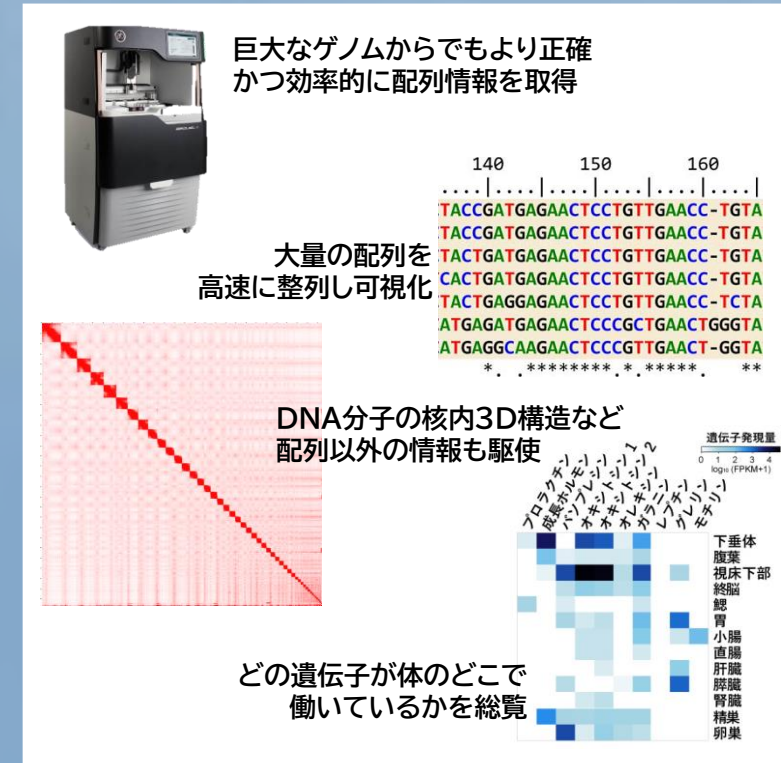
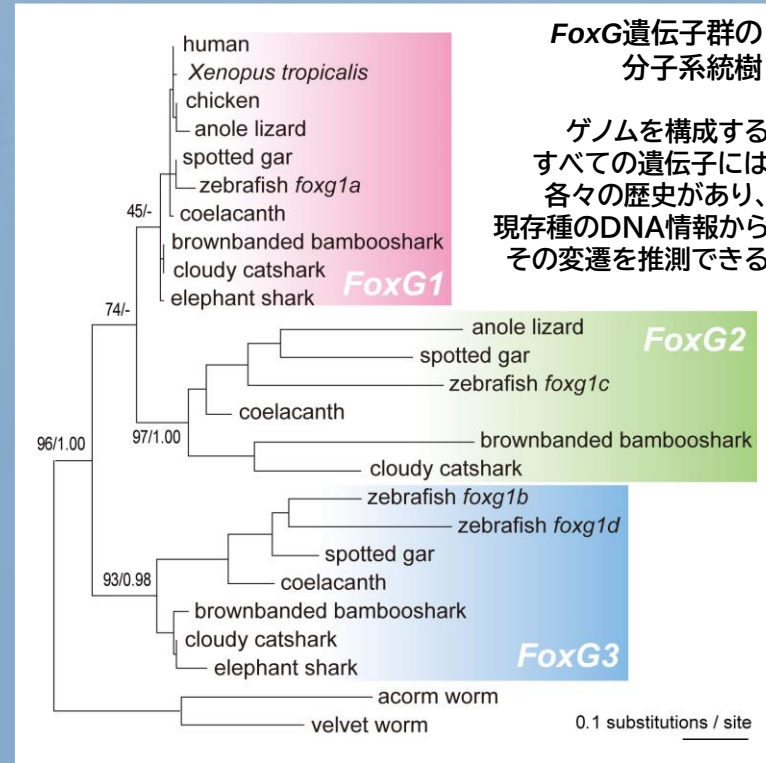
ONLINE

公開講演会2022

分子生命史 研究室 Molecular Life History Laboratory 教授 工樂 樹洋

多様な動物種間の違いは進化の過程でどう生じたのか？

これを理解するため、違いの原因となるゲノムDNA配列の変化を見つけ出す



実験動物ではない生物で分子研究を実施するための基盤づくり

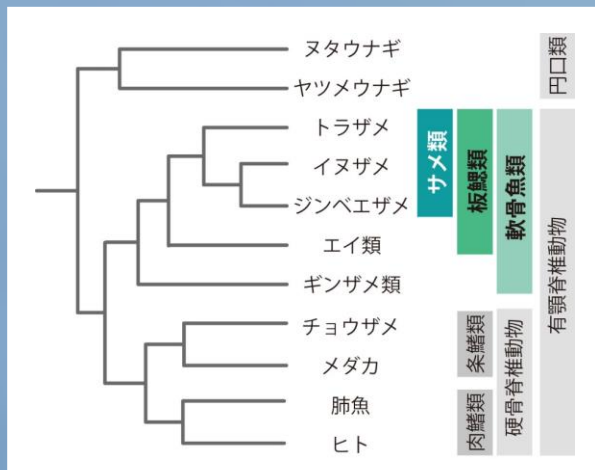
ゲノムDNAを読み取り過去にいつ何が起きたのかを解釈

ゲノム全体を調べるための情報解析手法の高度化

分子進化学・ゲノム情報学・発生生物学などの知見を統合

軟骨魚類(サメやエイ)のゲノム進化

同じ「サカナ」とはいえ、
多くの食用魚が含まれる硬骨魚類(条鰭類)
とは別の進化をたどってきた



進化上重要な位置を占める
サメを調べずに脊椎動物は語れない

サメ・エイの卵を
見たことはありますか？



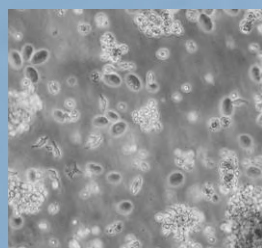
ちなみに、最大の魚類ジンベエザメは胎生
(卵ではなく赤ちゃんを産む)です

海の中の「スローライフ」を支える分子メカニズムを解析中

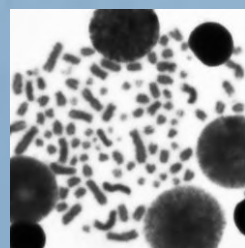
哺乳類との意外な共通点

光受容タンパク質オプシンの種類が乏しい
一部は体サイズが巨大化し、長寿命に
ゲノムサイズが大きい
一部は胎生で、卵黄以外の栄養供給も

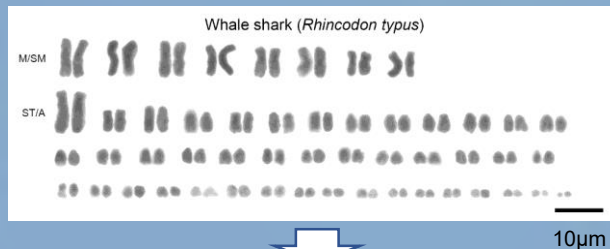
培養したジンベエザメ
のリンパ球



培養細胞に由来する
染色体標本



ジンベエザメの染色体数(2n=102)を初めて報告



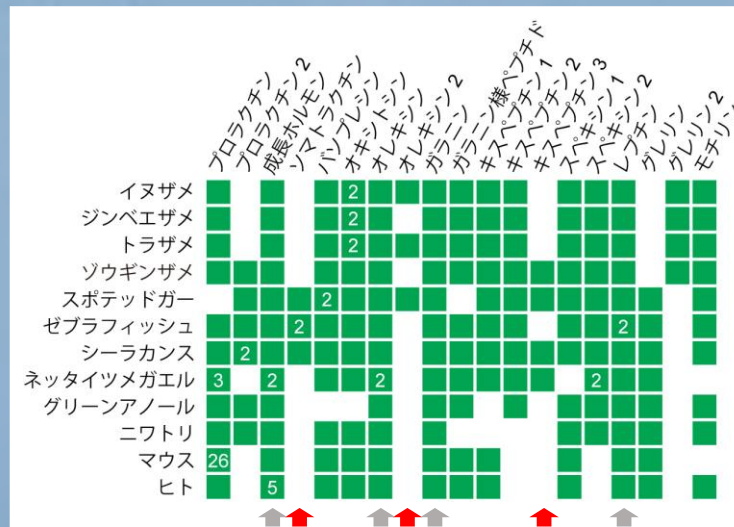
これら102本のDNA配列と対応付け、種間で比較

ゲノム配列の比較から分かってきたこと

ゲノムの肥大化は、反復配列の増加による
ジンベエザメとヒトのゲノムサイズは同程度
サメ類ではDNA配列が変化する速度が低下

ゲノム中に残る「必須」ではない遺伝子

進化の過程では、新規形質に寄与する遺伝子の「獲得」に加えて
遺伝子の「欠失」も断続的に起きてきた

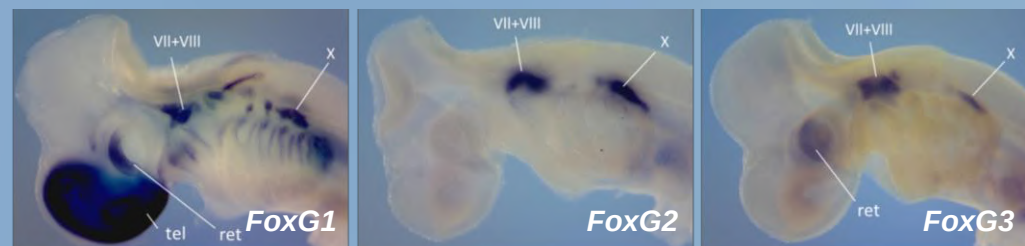


「必須」な遺伝子(🏠)
→機能は種間で類似

消えやすい遺伝子(🔴)
→機能に傾向は？

遺伝子は「付け加え」だけで多様化したのではない

「消えやすい遺伝子」を残している
サメ(トラザメ)の胚でそれらが働く場所を調べ、機能を推測



「消えやすい遺伝子」(FoxG2など)は機能活性部位が狭く、ゲノム内で偏在

大学院生をはじめとする研究メンバーを募集中

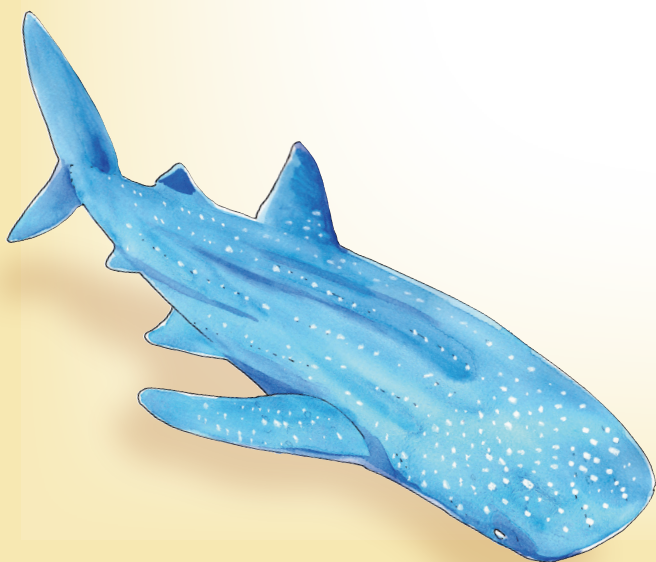
Twitter: @KurakuLabMSM



ゲノム・進化研究系

佐藤 豊 研究室

植物遺伝研究室



国立遺伝学研究所

ONLINE

公開講演会2022

植物遺伝研究室（佐藤研究室）

国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系／総合研究大学院大学 遺伝学専攻

【R4年度メンバー】

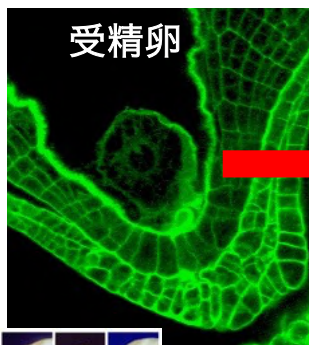
教授：佐藤 豊

助教：野坂 実鈴

総研大生：手塚 拓海（5年一貫のD4）

技術職員・研究補助員：数名

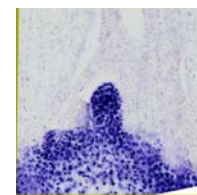
【研究テーマ1】 分子遺伝学によるイネの初期発生機構の解明



胚発生



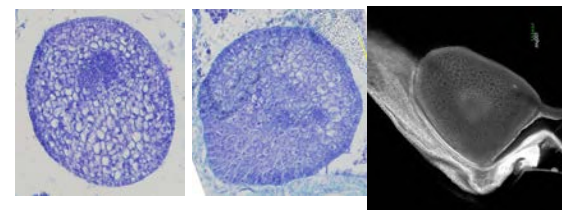
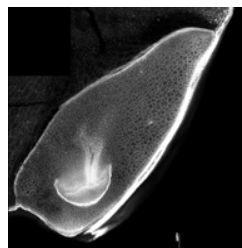
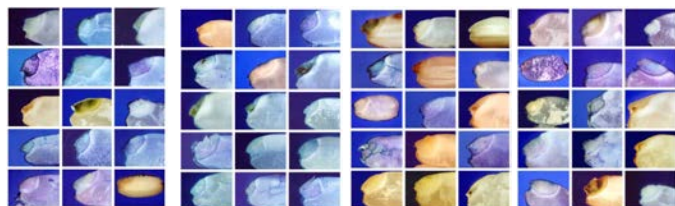
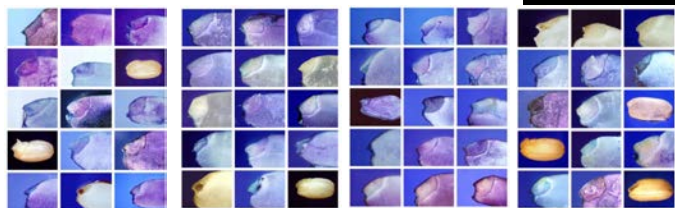
Shoot apical meristem (SAM)



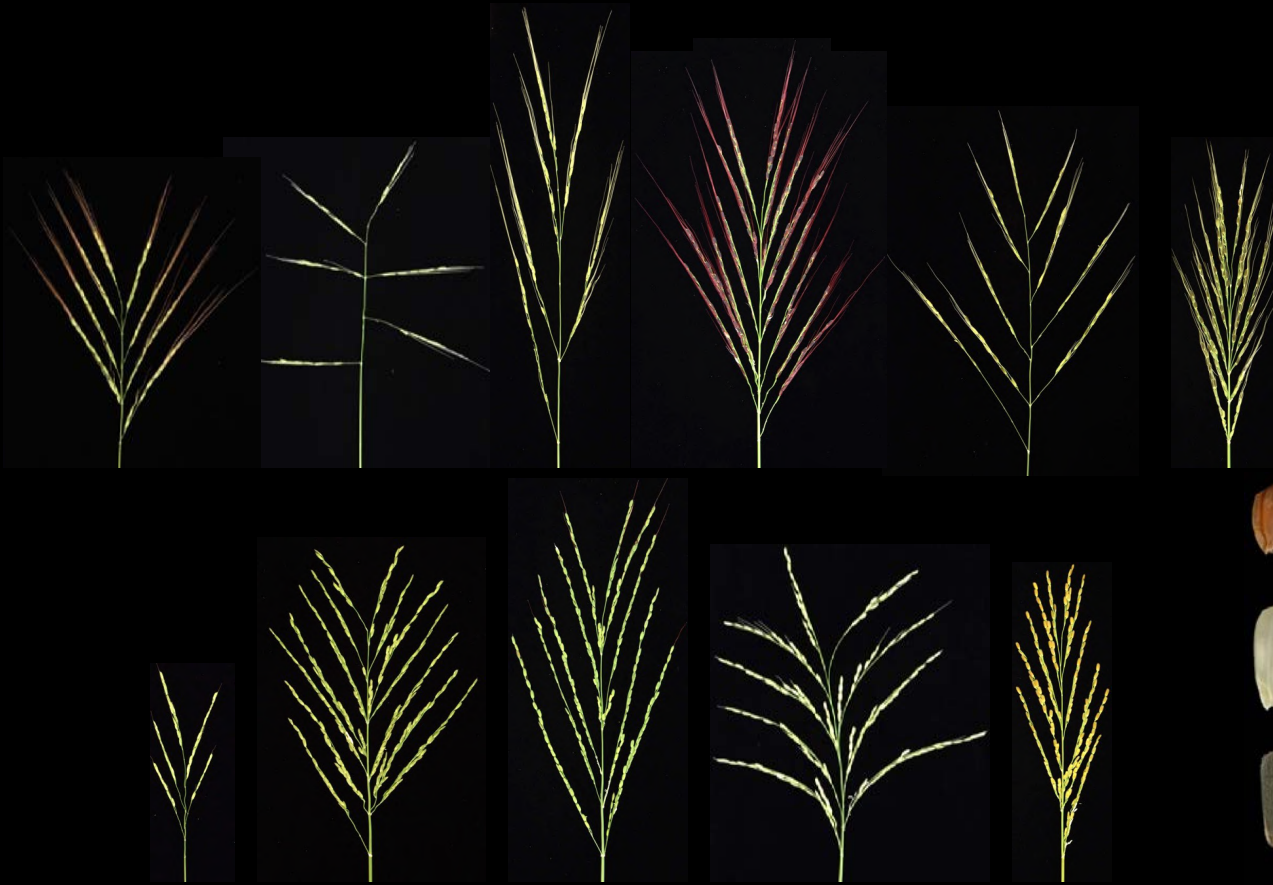
Root apical meristem (RAM)

地上部幹細胞形成突然変異
(*shootless* mutants)

体軸形成に関わる突然変異
(*globular embryo* mutant)



【研究テーマ2】 野生のイネが示す 多様な形質の発現と環境適応 機構の理解

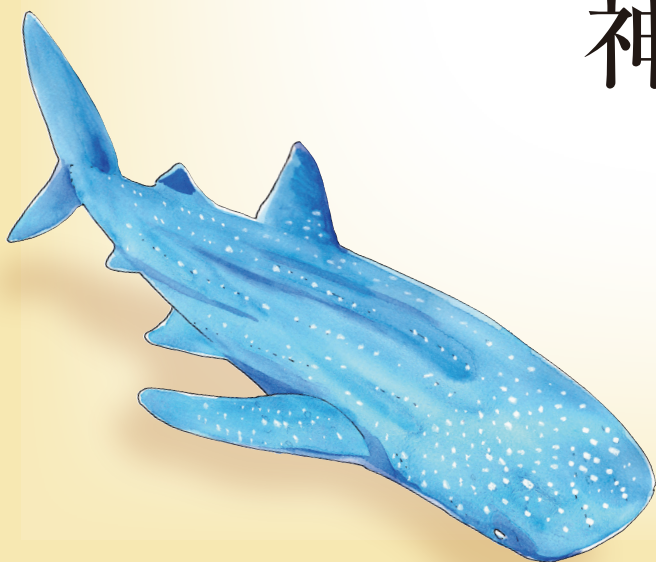




遺伝形質研究系

岩里 琢治 研究室

神経回路構築研究室



国立遺伝学研究所

ONLINE

公開講演会2022

マウスを用いた“脳神経回路”の発達と機能の研究

神経回路構築研究室



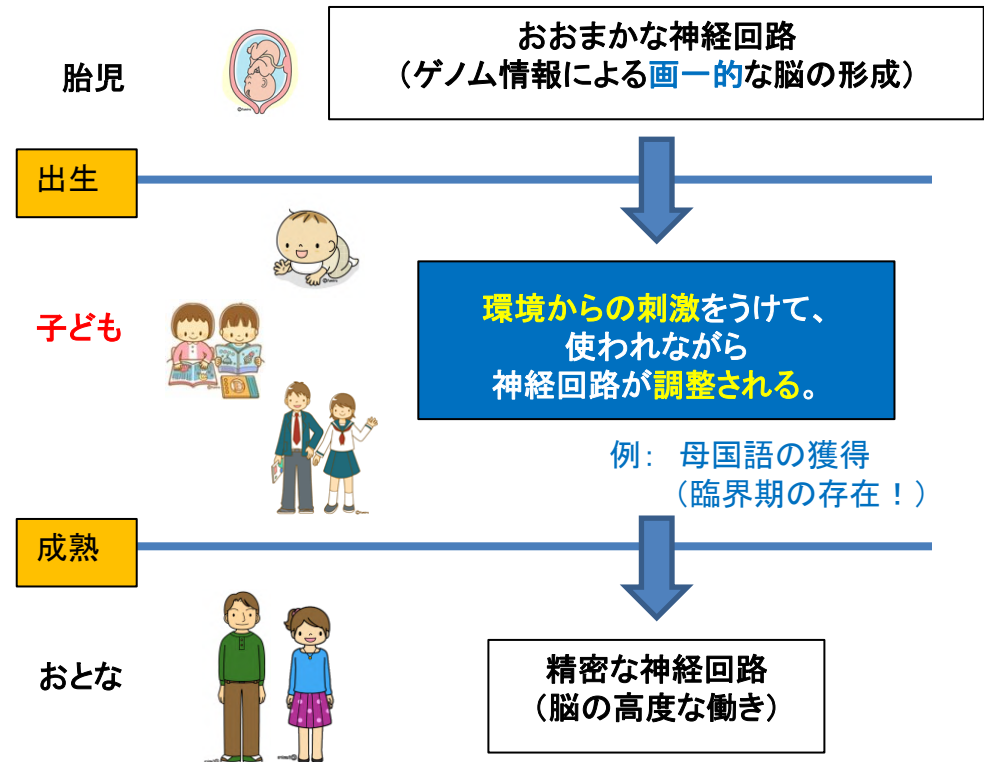
現メンバー（計9名）
教授：岩里 琢治
助教：中川 直樹
大学院生： 4名
（日本人2名、留学生2名）
技術支援員： 3名



子ども期に特有の神経回路発達を
子どものマウス(!)で研究

研究テーマ：脳の**神経回路**がどうやって構築され、機能するのか？

特に、**子供の時期の神経回路の発達**に興味をもっています。

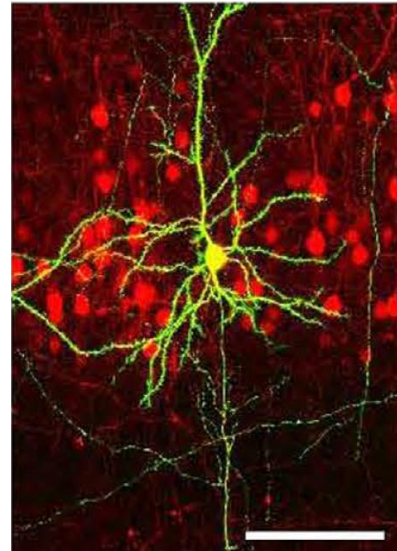


子ども期に特有の神経回路の発達を、独自手法で解析

これまでの主な研究成果

標的遺伝子を、大脳皮質だけで
ノックアウトすることに成功(世界初！)

Iwasato et al., *Nature* 2000



Supernova法の開発:

脳の神経細胞を疎らに明るく標識し、
さらに、遺伝子操作できる新手法

Mizuno et al., *Neuron* 2014

Luo et al., *Sci. Rep.* 2016

子ども脳での、自発的な
神経細胞の発火の特徴を解明

Mizuno et al., *Cell Rep.* 2018

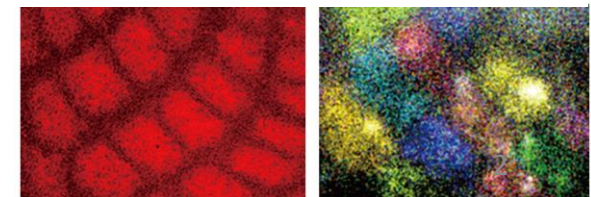
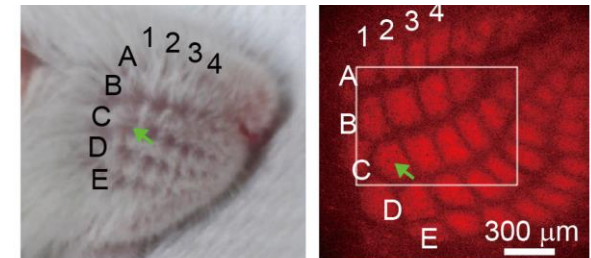
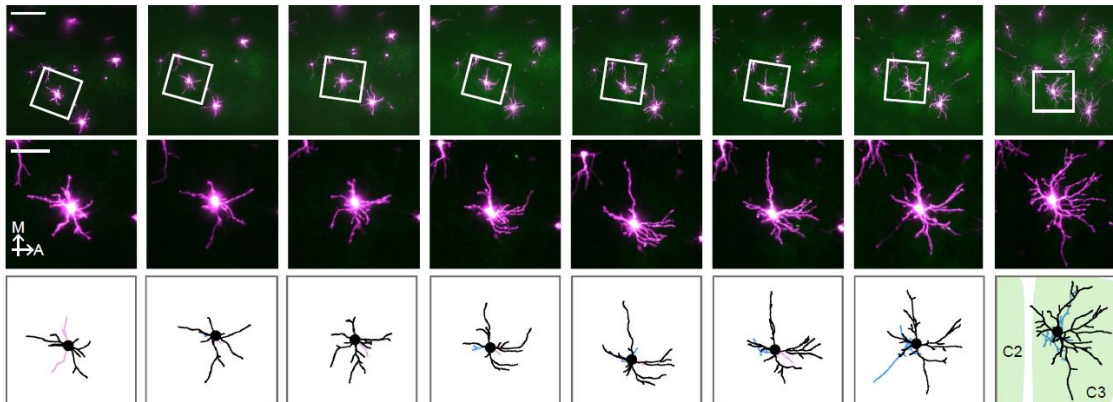
Nakazawa et al., *J. Neurosci.* 2020

Banerjee et al., *Sci. Rep.* 2022

脳の中での、樹状突起の発達を観察・解析することに成功(世界初！)

Mizuno et al., *Neuron* 2014

Nakazawa et al., *Nature Commun.* 2018

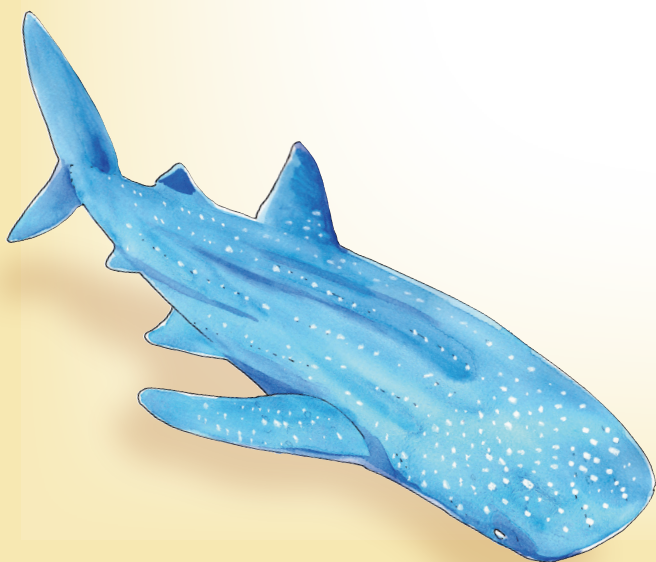




遺伝形質研究系

小出 剛 研究室

マウス開発研究室



国立遺伝学研究所

ONLINE

公開講演会2022

マウス開発研究室（小出研究室）

【研究グループ】

准教授： 小出 剛

TEL:055-981-5843

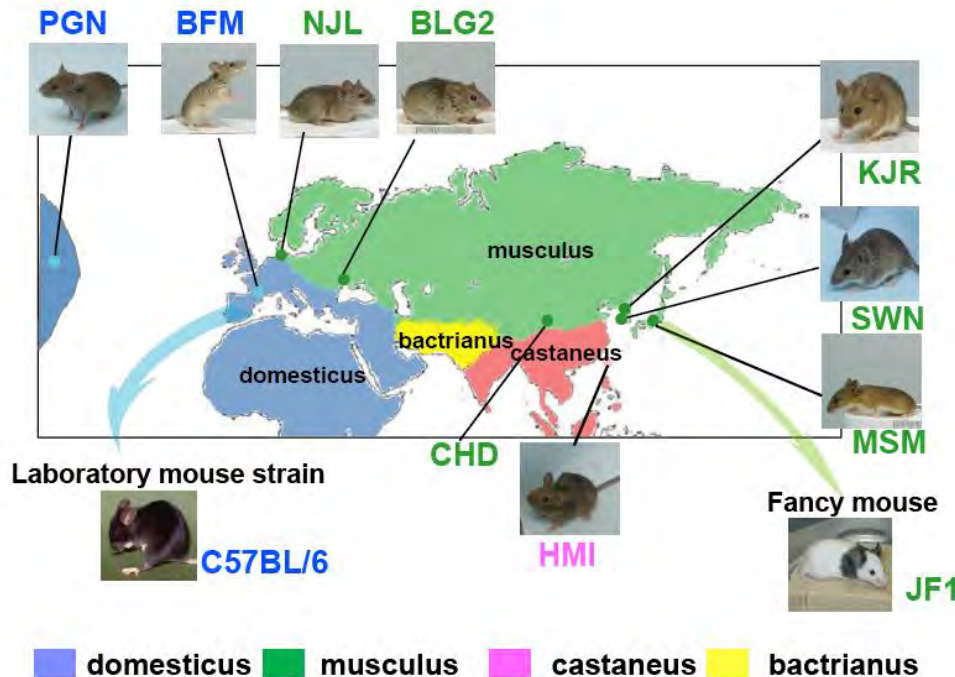
FAX: 055-981-5844

e-mail: tkoide@nig.ac.jp

Home page: 「行動遺伝学」で検索！

助教： 高浪 景子

総研大生： 4 名



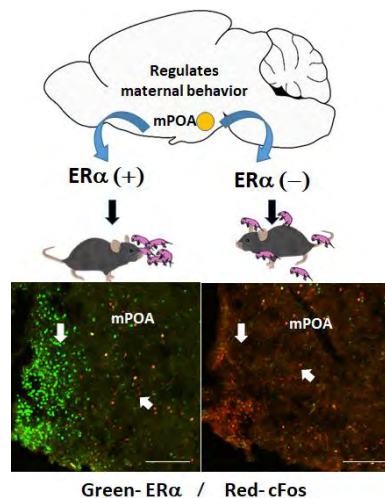
行動は遺伝しますか？

21世紀の遺伝学は個人差を決める遺伝的機構の解明が重要になります

ヒトの顔や体質と同様に、性格や行動も遺伝的要因の影響を強く受けることがこれまでの研究から示唆されてきました。私たちは、遺伝的多様性に富む野生由来マウス系統を用いて、行動表現型の多様性を明らかにし、その原因となる遺伝的機構を明らかにしていこうと研究を進めています。さらに行動遺伝学で見つかった遺伝子について、CRISPR/Cas9を用いたゲノム編集の手法を用いて遺伝子改変マウスを作製し、その遺伝子機能と神経機能の解明を進めています。

母性行動に関わる遺伝子多型解析

母親が示す哺育行動は複雑な遺伝子によるネットワークで形成されています。私たちは、エストロゲン受容体(ER α)の多型をゲノム編集により導入することで顕著な母性行動異常を示すマウスの作製に成功しました。このマウスを用いて母性行動の分子基盤と神経基盤の解明に取り組んでいます。



ER α 遺伝子多型と母性行動の解析

ヒトになつくマウスの遺伝学的・神経学的基盤

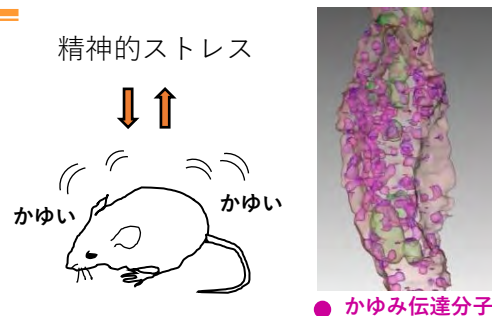
家畜化された動物の従順性とは「動物個体が人を避ける傾向が弱くなる」か、あるいは「積極的に人に近づく傾向が強くなること」の二つに分けられます。私たちは、この二つの従順性を分けて調べる行動テストを考案しました。この行動テストを用いて、その結果を基に遺伝的に多様な野生由来マウス集団を選択交配することで、自らヒトに「なつく」マウスを作出することに成功しました。このヒトになつくマウスを用いて、遺伝的基盤、神経回路、行動学的基盤について研究しています。



遺伝的にヒトに「なつく」行動を示すマウス

痒みの感受性の遺伝学的・神経学的基盤

痒みの感受性は絶対的なものではなく、環境要因や社会的要因により大きな個人差が生まれます。また、ストレスを受けると痒みが悪化したり、痒みを連想するだけで痒くなったり、情動や認知機構と痒みは密接にリンクしています。私たちは、行動遺伝学・神経解剖学という観点から、社会性が痒み感覚に与える影響とその遺伝的基盤の解明に取り組んでいます。



かゆみの指標となる掻き行動解析

アフリカの大型齧歯類グラスカッターの家畜化

西アフリカに生息する大型齧歯類であるグラスカッターはその肉が美味であることから現地で食用として珍重されています。しかし、もっぱら野生個体の捕獲により食されているため環境への悪影響や感染症の広がりが懸念されます。そこで、グラスカッターを家畜化するためのプロジェクトに参加し、ガーナ大学、エジンバラ大学、京都大学と共同でゲノム育種を進めています。



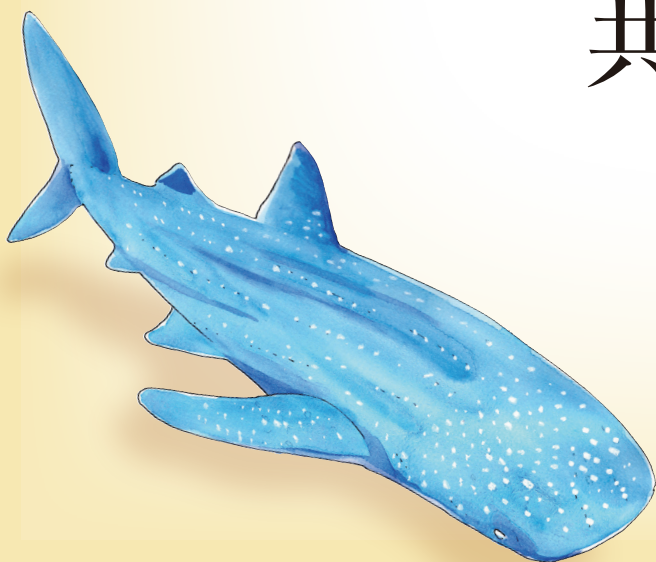
アフリカの大型齧歯類グラスカッター



遺伝形質研究系

宮城島 進也 研究室

共生細胞進化研究室



国立遺伝学研究所

ONLINE

公開講演会2022

共生細胞進化研究室

メンバー

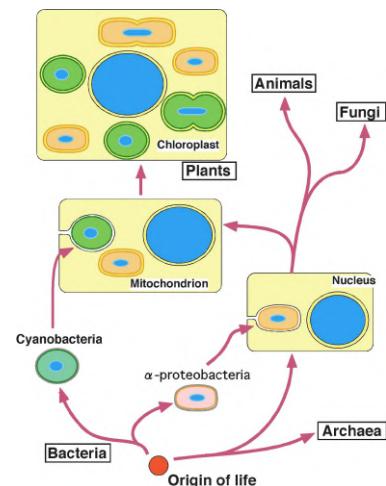
教授 宮城島 進也
助教 藤原 崇之
特任助教 廣岡 俊亮
博士研究員 山下 翔太
博士研究員 周 柏峰

総研大 D1 辻野 大
総研大 D1 岡田 薫
技術補佐員 富田 麗子
技術補佐員 杉本 有為子

二つの異種細胞の統合により新たな細胞が生まれる機構を研究しています

研究内容

真核細胞内でエネルギー変換を行う細胞内小器官、ミトコンドリアと葉緑体は、10億年以上前にそれぞれプロテオバクテリアと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。その他、真核細胞が別の細胞を取り込み、新機能を獲得する例は広く見受けられます。このような二種の細胞の世代を超えた持続的統合には、宿主細胞の分裂増殖に伴った、共生細胞の分裂・増殖の制御が必須です。本研究室では、もともと別の細胞であった宿主細胞と共生細胞がどのようにして一緒に分裂増殖するのか、そのような機構がどのように進化してきたのかを研究しています。

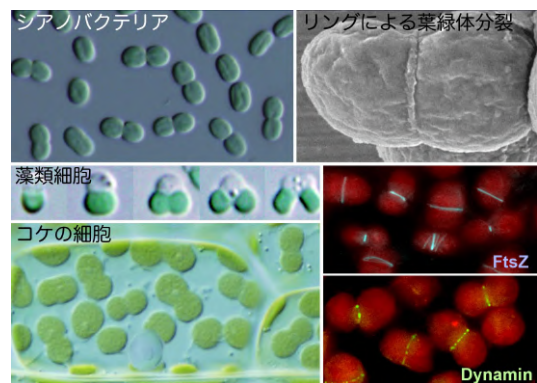


これまでにわかったこと

我々は、葉緑体とミトコンドリアの分裂が、それぞれ祖先のバクテリアと宿主真核細胞の両方に由来する部品から構成されるハイブリッド装置によって引き起こされることを世界に先駆けて解明してきました。

これから解明すること

- (1) 葉緑体、ミトコンドリア、その他の細胞内共生細胞の分裂が、如何にして宿主細胞によってコントロールされているのか
- (2) 逆に、共生体のエネルギー生産・物質代謝が、宿主細胞の分裂増殖にどのような影響を与えているのか
- (3) これらの機構がどのように進化したのか



(4) 葉緑体・ミトコンドリア以外の細胞内共生系ではどのような分裂制御系があるのか
上記のようにいろいろな角度から、どのようにして異種細胞が統合され一緒に増えるようになるのか、その基本原理を解明していきます。

研究材料・方法

研究にはそれぞれの解析に適した生物種を選んで使います。現在までに使用してきた生物は、種子植物（シロイヌナズナ）、ヒメツリガネゴケ、緑藻、紅藻、灰色藻、珪藻、細胞性粘菌、シアノバクテリアなどです。必要に応じて新たな生物種も取り入れていきます。

細胞生物学、分子生物学、遺伝学、生化学、バイオインフォマティクスだけでなく、環境、酸化還元反応などの生体エネルギー変換などの情報を必要に応じて組み合わせた研究を進めます。

その他詳細は研究室ホームページをご覧ください。

(<http://miyagishima.sakura.ne.jp>)

連絡先

宮城島 進也（みやぎしま しんや）

〒411-8540 静岡県三島市谷田 1111 国立遺伝学研究所 遺伝形質研究系 共生細胞進化研究室

Tel: 055-981-9411; E-mail: smiyagis@nig.ac.jp

最近の主な発表論文

Hirooka, S., Itabashi, T., Ichinose, T.M., Onuma, R., Fujiwara, T., Yamashita, S., Jong, L.W., Tomita, R., Iwane, A.H., and Miyagishima, S. (2022) Life cycle and functional genomics of the unicellular red alga *Galdieria* for elucidating algal and plant evolution and industrial use. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA.**, *in press*.

Onuma, R., Hirooka, S., Kanesaki, Y., Fujiwara, T., Yoshikawa, H., and Miyagishima, S. (2020) Changes in the transcriptome, ploidy, and optimal light intensity of a cryptomonad upon integration into a kleptoplastic dinoflagellate. **ISME J.** 14, 2407-2423.

Uzuka, A., Kobayashi, Y., Onuma, R., Hirooka, S., Kanesaki, Y., Yoshikawa, H., Fujiwara, T., and Miyagishima, S. (2019) Responses of unicellular predators to cope with the phototoxicity of photosynthetic prey. **Nature Communications** 10, Article 5606.

Miyagishima, S., Era, A., Hasunuma, T., Matsuda, M., Hirooka, S., Sumiya, N., Kondo, A., Fujiwara, T. (2019) Day/night separation of oxygenic energy metabolism and nuclear DNA replication in the unicellular red alga *Cyanidioschyzon merolae*. **mBio** 10, e00833-19

Hirooka, S., Hirose, Y., Kanesaki, Y., Higuchi, S., Fujiwara, T., Onuma, R., Era, A., Ohbayashi, R., Uzuka, A., Nozaki, H., Yoshikawa, H., and Miyagishima, S. (2017). Acidophilic green algal genome provides insights into adaptation to an acidic environment. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA.** 114, E8304-E8313.

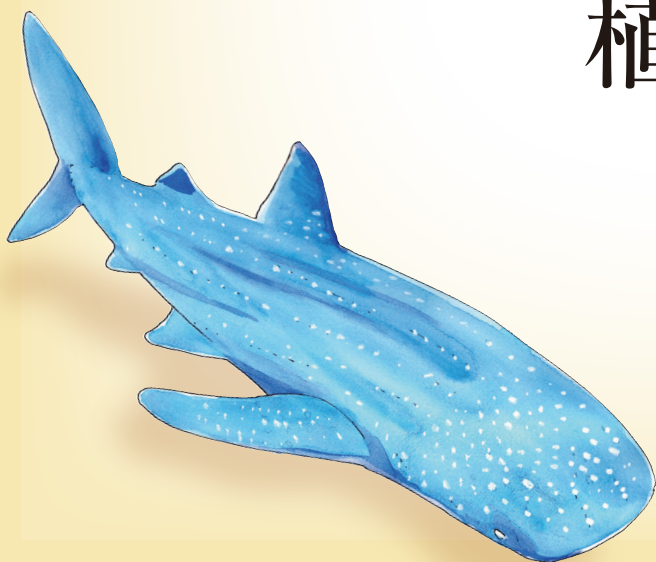
Miyagishima, S. (2017) Chloroplast division: a handshake across membranes. **Nature Plants** 3, 17025.



遺伝形質研究系

野々村 賢一 研究室

植物細胞遺伝研究室



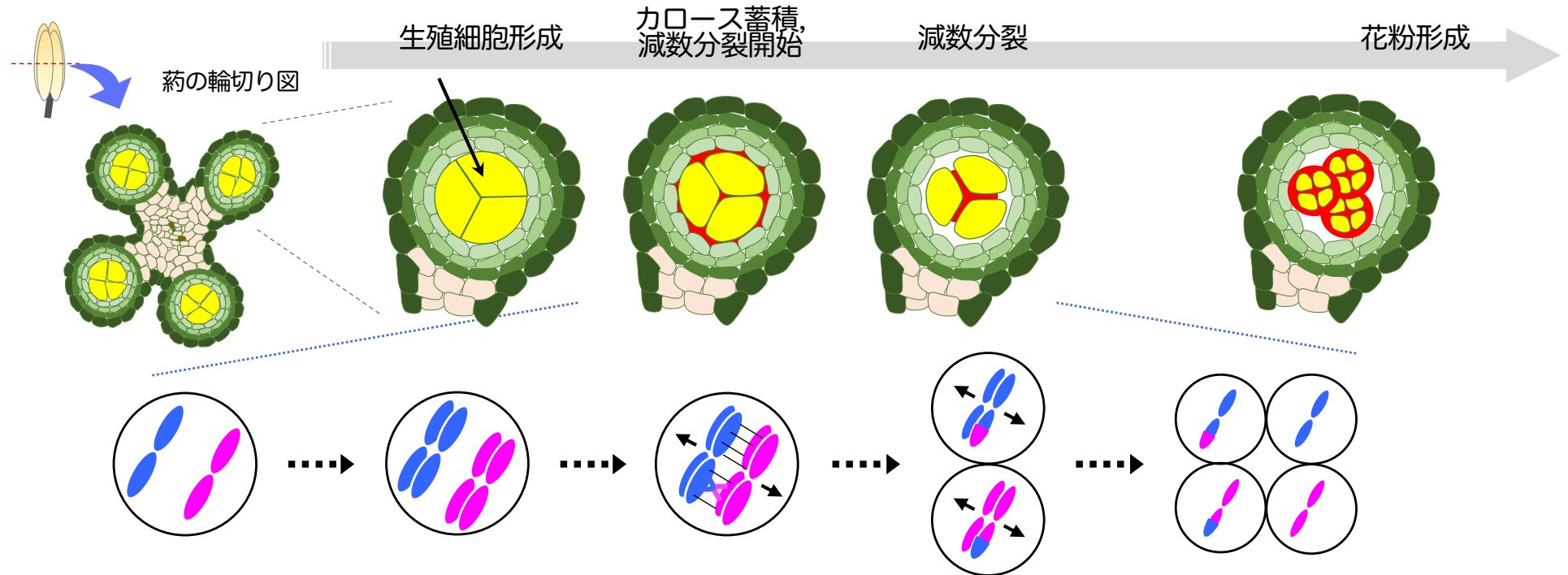
国立遺伝学研究所

ONLINE

公開講演会2022

植物細胞遺伝研究室（野々村研究室）

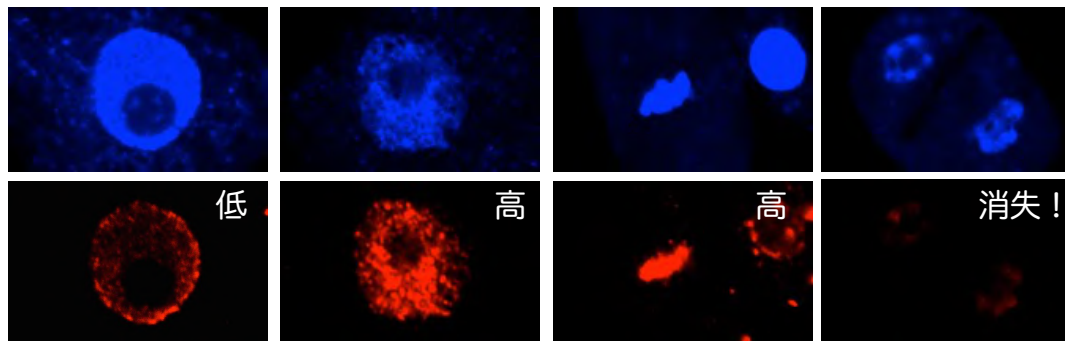
植物の生殖細胞形成に必要な遺伝子群と染色体動態に関する研究



両親とは異なる新たな遺伝子組合せを創出し、次世代に伝達
→ その過程には非常に複雑な分子メカニズムが存在

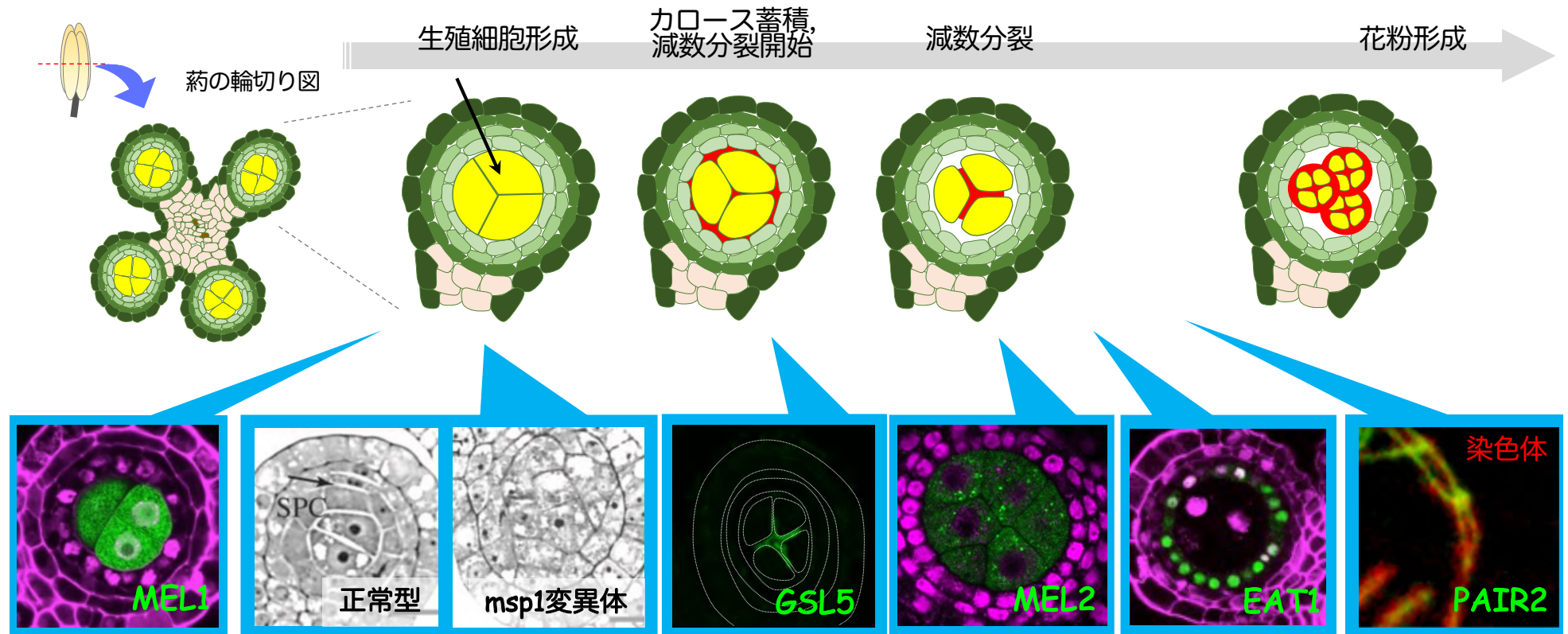
減数分裂染色体
(DAPI)

クロマチン修飾
(H3K9me2)



植物細胞遺伝研究室（野々村研究室）

植物の生殖細胞形成に必要な遺伝子群と染色体動態に関する研究



生殖に関連する遺伝子・タンパク質の同定と機能解析

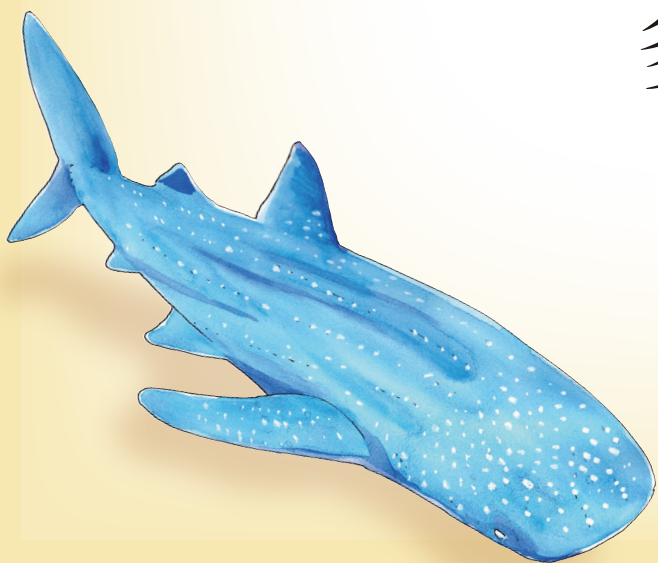
植物の生殖細胞形成を支える遺伝メカニズムの解明
地球の環境変動に伴う作物収量低下の改善に役立つ情報の提供



遺伝形質研究系

澤 斉 研究室

多細胞構築研究室



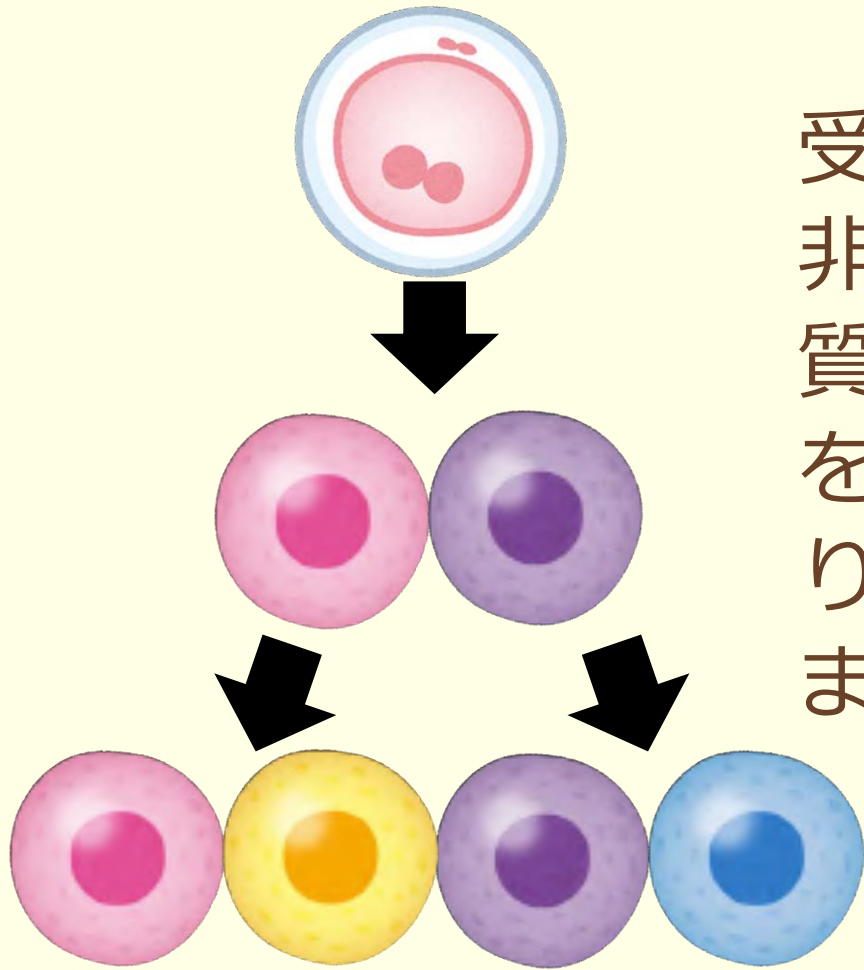
国立遺伝学研究所

ONLINE

公開講演会2022

多細胞構築研究室

多種多様な細胞を作り出す非対称分裂の研究



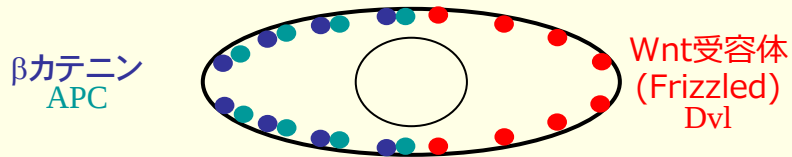
受精卵や幹細胞など細胞は非対称に分裂し、異なる性質（運命）を持った娘細胞を作り出します。これにより多種多様な細胞が作られます。

研究室
ホームページ

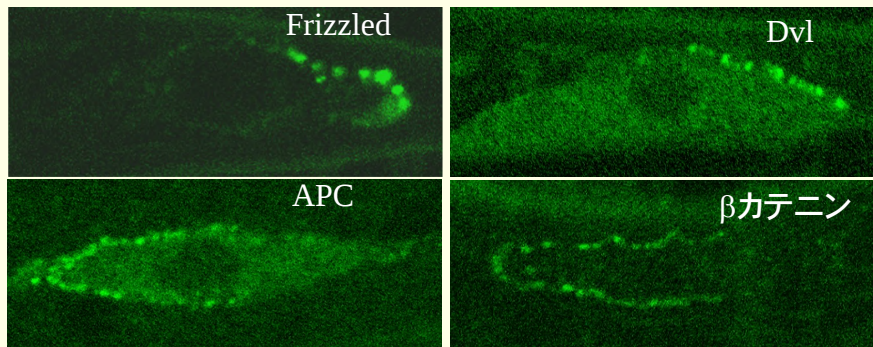


非対称細胞分裂機構

細胞分裂前

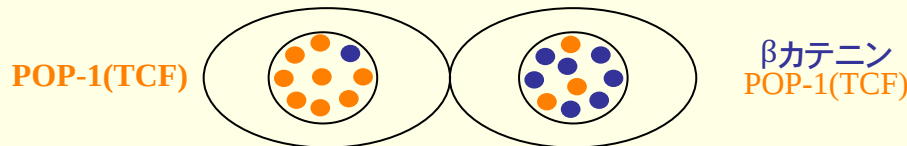


前

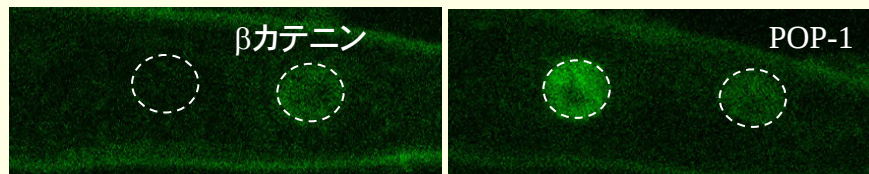


後

細胞分裂後



前



後

線虫において、細胞分裂のたびごとに、Wntシグナルに関与する蛋白質が細胞内で非対称に局在し、異なる細胞を作っていることを発見しています。

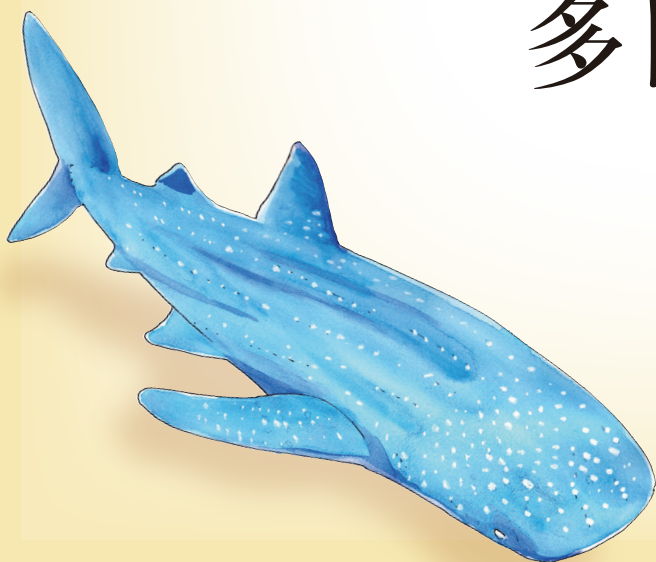
どのようにして局在するのか、どうやって細胞は前後方向を知るのが研究しています。



遺伝形質研究系

米原 圭祐 研究室

多階層感覚構造研究室



国立遺伝学研究所

ONLINE

公開講演会2022

多階層感覚構造研究室 (米原研究室)

2021年10月にデンマーク・オーフス大学医学部から移動して来た新しい研究室です。視覚神経回路研究の世界拠点を三島に確立することを目指しています。



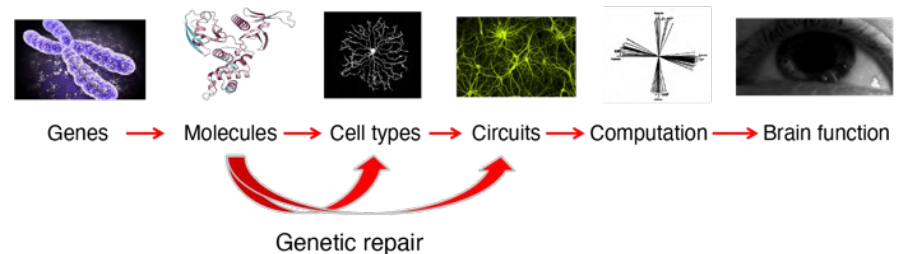
教授: 米原 圭祐 (keisuke.yonehara@nig.ac.jp)

助教: 松本 彰弘 (2022年12月着任予定)

大学院生 1 名、技官 1 名、テクニシャン 3 名、事務員 1 名

キーワード:

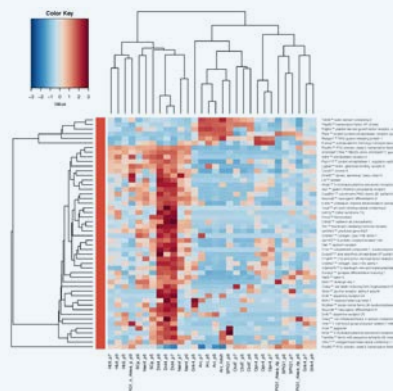
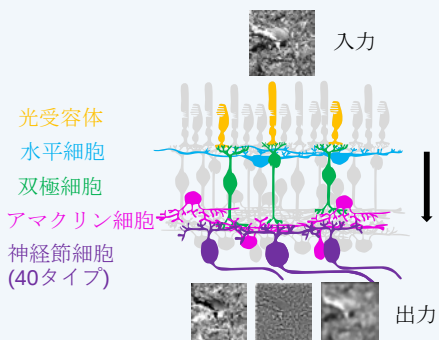
- 視覚情報処理、神経回路接続の発達、環境適応の遺伝機構
- 2光子イメージング・電気生理・行動解析・機械学習
- 網膜・上丘・大脳視覚野
- ラボマウス・野生由来マウス・マーモセット



目で見ることによって外界の情報を収集することは動物の生存にとって重要です。例えば、空から猛禽類が飛んでくるのが見えたら、ネズミなどの小動物は直ちに隠れるか逃げるかしなければ、見つかって食べられてしまいます。このように、物体の動きを素早く察知することは動物の視覚系の重要な機能です。私たちはマウスやサルの視覚がどのようにして物体の動きを察知できるのかを理解しようとしています。このために、遺伝子 (gene function)、分子 (molecules)、細胞種 (cell types)、回路 (circuits)、神経演算 (computation)、脳機能 (brain function) などの多階層で研究を行い、感覚機能の成り立ちに関する普遍的な原理を理解することを目指しています。このために、遺伝学、分子生物学、2光子イメージング、電気生理学、トランスシナプス標識、1細胞遺伝子発現解析、機械学習など多様な技術を組み合わせます。このような研究により、同じ哺乳類であるヒトの感覚疾患の原因解明やその治療などへの道も拓かれると考えています。

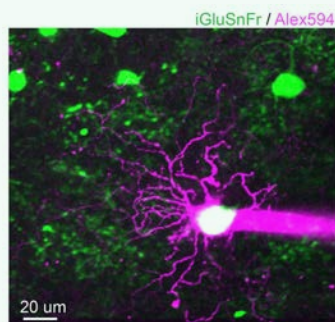
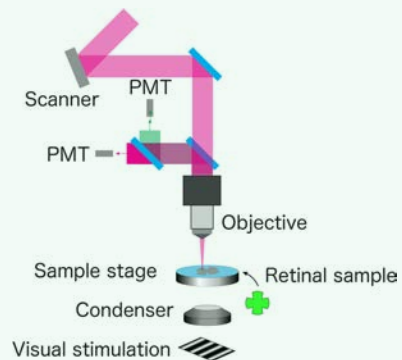
マウスやサルの視覚神経回路の発達や情報処理、疾患、環境適応の統合的理解

網膜はどのようにして
入力画像から視覚特徴を抽出するか



発達や疾患に関わる遺伝子は
どの細胞種で発現するか

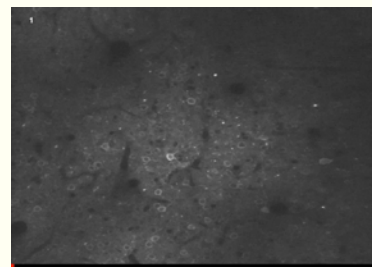
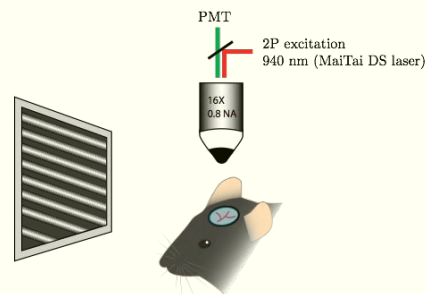
2光子顕微鏡を用いて
網膜の活動を捉える



Matsumoto et al.,
Curr Biol 2019

1細胞電気生理により
シナプス入力統合を理解する

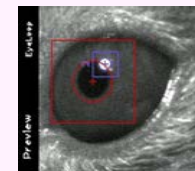
生体2光子イメージングで
覚醒マウスの脳活動を捉える



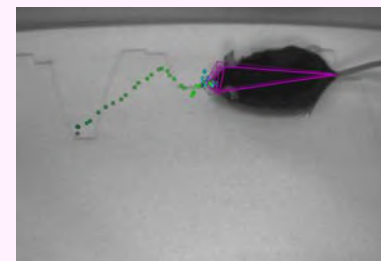
Rasmussen et al.,
Nat Commun 2020

網膜から入力した視覚情報は
脳の神経回路により
どのように処理されるのか

マウスやマーモセット猿



“EyeLoop” Arvin et al., 2021



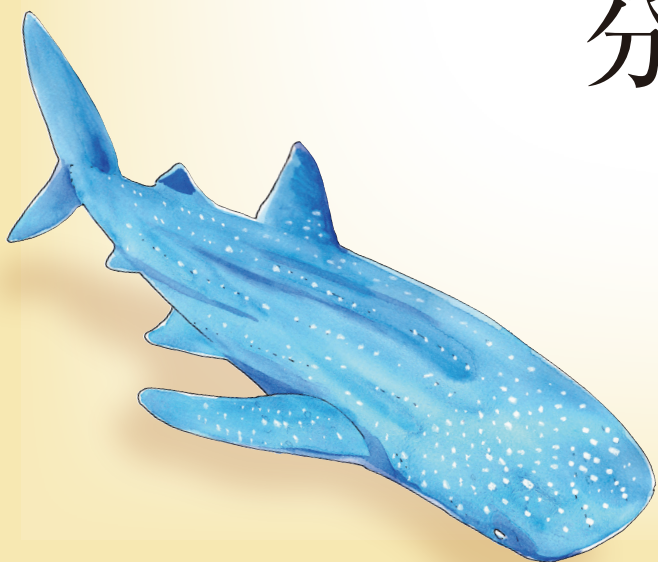
眼球運動や
視覚依存性行動を解析することで
視覚の役割を理解する



遺伝メカニズム研究系

鐘巻 将人 研究室

分子細胞工学研究室



国立遺伝学研究所

ONLINE

公開講演会2022

分子細胞工学研究室・鐘巻研究室

教授：鐘巻将人 博士研究員：Xiaoxuan Zhu 技官：坂本佐知子

総研大学生：鳩山雄基 (D3)、Moutushi Islam (D2)、Atabek Bektash (D1)

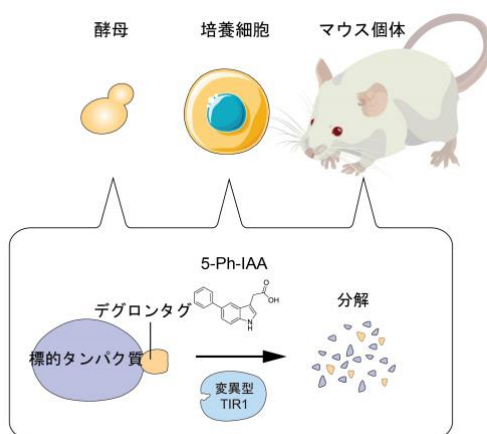
企業研究員：北本直美 技術補助員：鈴木智子、高橋まゆみ 秘書：古瀬寿美子

研究テーマ

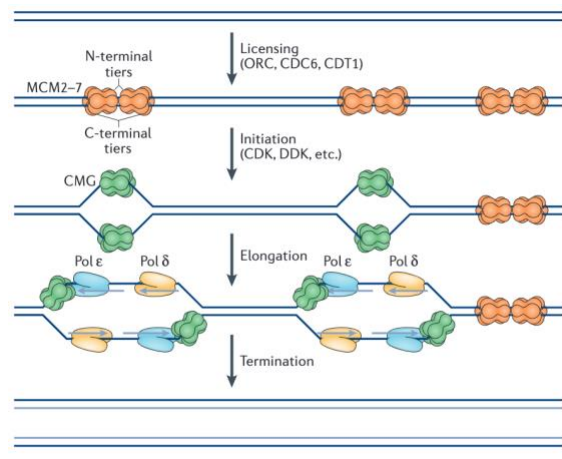
ヒト細胞の DNA 複製機構を研究しています。また、研究遂行に必要なオーキシンドeglron 法 (AID) 法などの遺伝工学技術を開発しています。

研究内容について

DNA 複製に関係する因子は細胞の増殖に必須なことが多く、多くの場合はノックアウト細胞を作成することができません。そこで、当研究室ではあらゆる細胞内タンパク質をごく短時間で分解除去することを可能にする新技術を開発し、オーキシンドeglron (AID) 法と命名しました。2020 年には改良型の AID2 を発表しました(Yesbolatova et al. Nature Communications, 2020)。AID2 は酵母、ヒト培養細胞、マウスまで迅速なタンパク質分解除去を可能にします。



独自に開発した AID2 技術を用いて、ヒト細胞の DNA 複製メカニズムの解明を進めています。これらの異常は細胞がん化や遺伝病の直接的な原因になるので、そのメカニズム解明は基礎生命科学だけでなく、医学的にも非常に重要な課題です。



教科書を見ると、真核生物の複製モデルが書かれていますが、これは出芽酵母の研究をもとに提唱されたモデルです。ヒト細胞ゲノムは酵母よりも 250 倍大きく、分化においてさまざまな制御を受けるため、より複雑な DNA 複製制御を受けていますが、その実態はほとんど分かっていません。

キーワード

ゲノム編集、細胞工学、DNA 複製、DNA 修復、DNA 組換え、ゲノム安定性、細胞がん化、マウス遺伝子工学、標的タンパク質分解薬（創薬）

学生募集

研究室は非常に国際的環境で、数多くの国内外研究者と共同研究をしています。DNA 複製、細胞癌化、ゲノム編集、遺伝子工学などに興味があり、新しいことに挑戦したい意欲のある学生を募集しています。

連絡先：鐘巻将人 電話: 055-981-5830 E-mail: mkanemak@nig.ac.jp

Website: <http://kanemaki-lab.sakura.ne.jp/jpn/>

主要論文

*Kanemaki MT. Ligand-induced degrons for studying nuclear functions. **Current Opinion in Cell Biology**, 74, 29-36, 2022

Negishi T, Kitagawa S, Horii N, Tanaka Y, Haruta N, Sugimoto A, Sawa H, Hayashi K, *Harata M and *Kanemaki MT. The auxin-inducible degron 2 (AID2) system enables controlled protein knockdown during embryogenesis and development in *Caenorhabditis elegans*. **Genetics**, 222, iyab218, 2022

Yesbolatova A, Saito Y, Kitamoto N, Makino-Itou H, Ajima R, Nakano R, Nakaoka H, Fukui K, Gamo K, Tominari Y, Takeuchi H, Saga Y, Hayashi KI and *Kanemaki MT. The auxin-inducible degron 2 technology provides sharp degradation control in yeast, mammalian cells, and mice. **Nature Communications**, 11, 5701, 2020

Natsume T and *Kanemaki MT. Conditional degrons for controlling protein expression at the protein level. **Annual Review of Genetics**, 51, 83-102, 2017

Natsume T, Nishimura K, Minocherhomji S, Bhwmick R, Hickson ID and *Kanemaki MT. Acute inactivation of the replicative helicase in human cells triggers MCM8–9-dependent DNA synthesis. **Genes & Development**, 31, 816-829, 2017

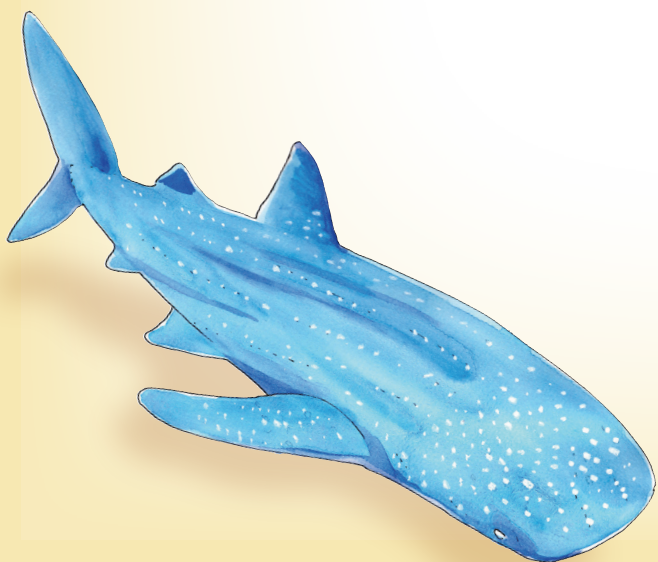
Natsume T, Kiyomitsu T, Saga Y and *Kanemaki MT. Rapid protein depletion in human cells by auxin-inducible degron tagging with short homology donors. **Cell Reports**, 15, 210-218, 2016



遺伝メカニズム研究系

木村 暁 研究室

細胞建築研究室



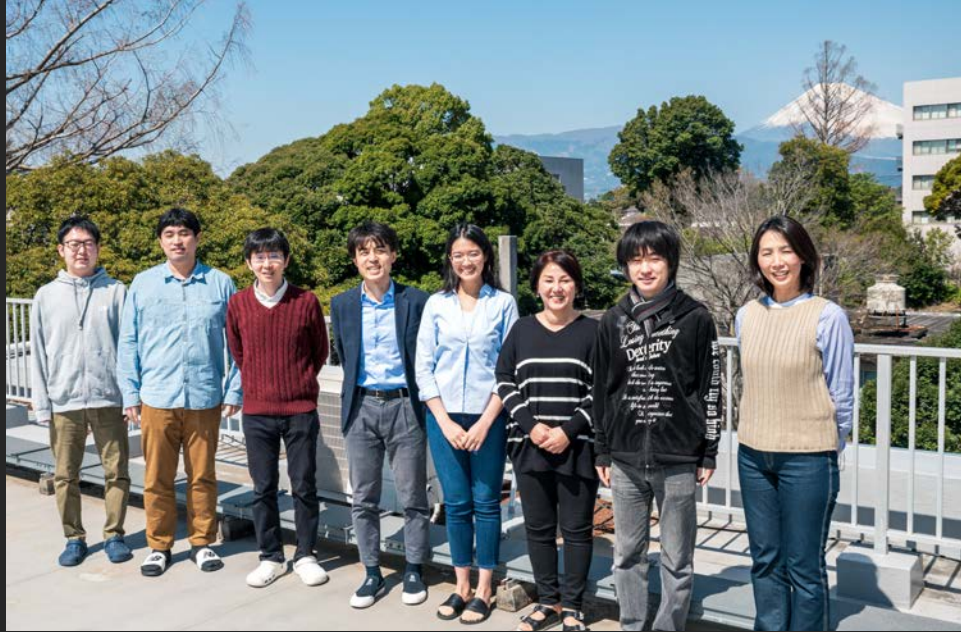
国立遺伝学研究所

ONLINE

公開講演会2022

国立遺伝学研究所 細胞建築研究室

(教授：木村暁、助教：鳥澤嵩征)



さいぼう-けんちく 【細胞建築】

[名] 建築物として捉えた細胞, またはその視点.

-学 [名] ① 細胞の形作りや間取り, 動きを担う力の計算や測定を行う学問, ② タンパク質などの分子の集団が, 一つの細胞として秩序だった振る舞いをする秘密を探り, コンピュータ・シミュレーションや試験管内での再現を目指す学問, ③ 力や秩序を担う遺伝子を同定し, それらの物質的基盤を明らかにする学問.

-研究室 [名] 国立遺伝学研究所内にある細胞建築学の研究室

細胞建築研究室の研究テーマ

①力学的に理解する

核の中央配置の研究： 力学モデルの構築、遺伝子ノックアウト実験、遠心顕微鏡による力測定

②多様性を理解する

細胞配置の研究： モデル&実細胞での卵殻変形

③自発性を理解する

細胞質流動の研究： 発生、逆転、多様性を細胞とモデルで再現

④時間変遷を理解する



細胞質流動1

細胞質流動2

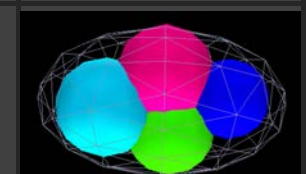
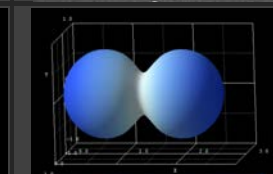
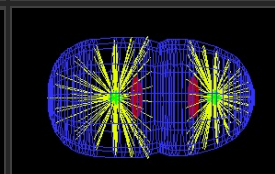
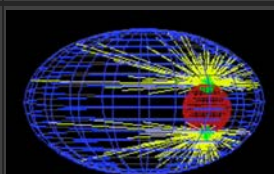
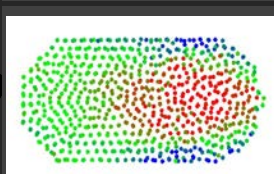
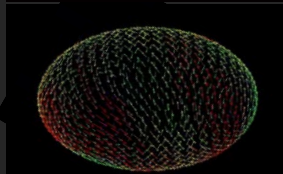
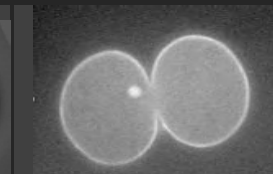
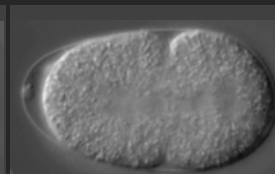
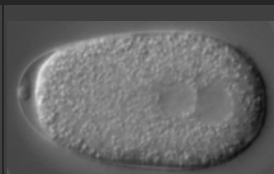
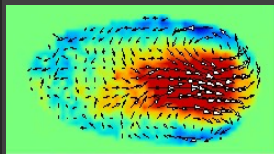
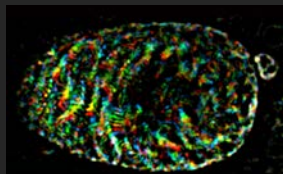
核中央化

紡錘体伸長

細胞質分裂

細胞配置

実細胞
シミュレーション



Nat Cell Biol 2017
MBoC 2020

PNAS 2011
PLoS ONE 2016

Dev Cell 2005
JCB 2007, 2016
PNAS 2011

Curr Biol 2009
MBoC 2019

PLoS ONE 2012

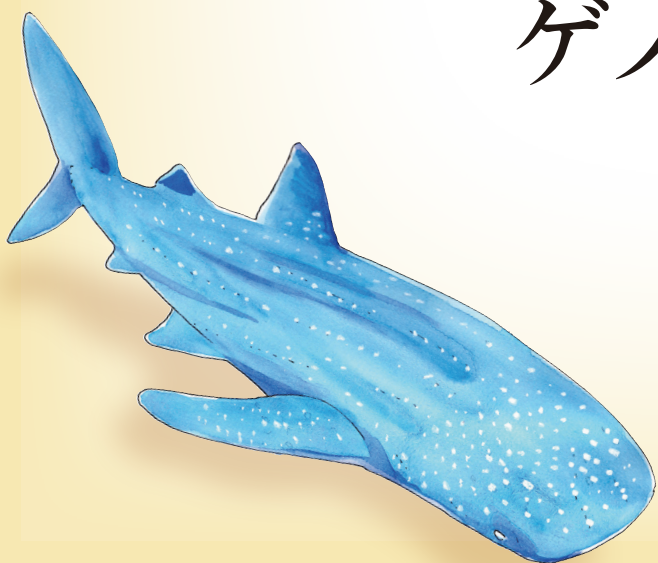
Development 2017



遺伝メカニズム研究系

前島 一博 研究室

ゲノムダイナミクス研究室



国立遺伝学研究所

ONLINE

公開講演会2022

ゲノムダイナミクス研究室 (前島研究室)



<http://maeshima-lab.sakura.ne.jp/>

全長2メートルのヒトゲノムDNAは核や染色体のなかにどのように折り畳まれているの??



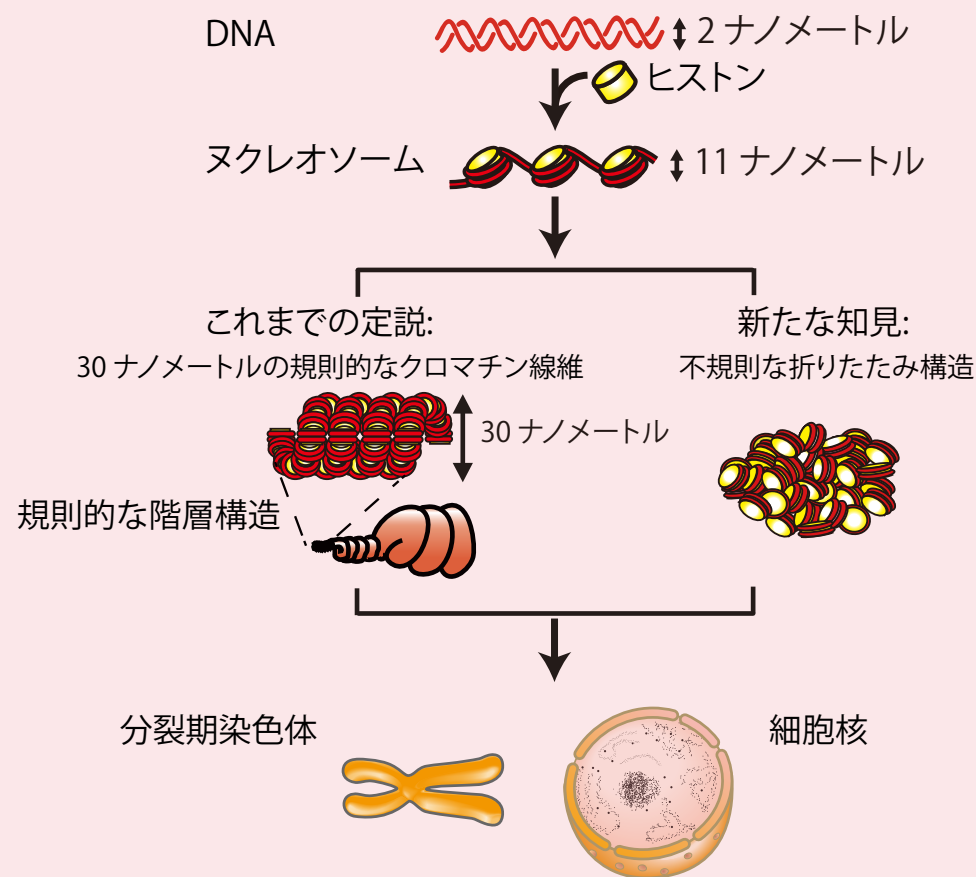
教授 前島 一博 (kmaeshim@nig.ac.jp)
助教 井手 聖・日比野 佳代

総研大・大学院生 5 名
テクニシャン 2 名

キーワード：

- 染色体・遺伝疾患・ガン・テロメアの定量細胞生物学
- 超解像イメージング・ライブセルイメージング
- クロマチン・転写因子動態の計算機シミュレーション
- ES 細胞・エピジェネティクス

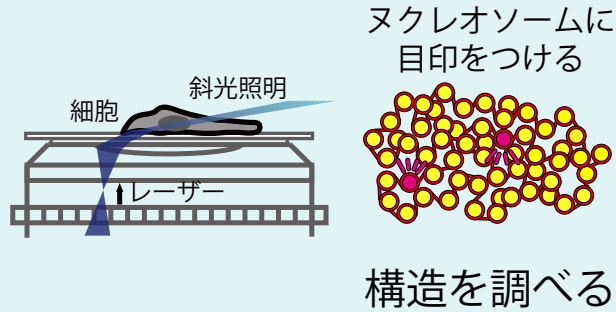
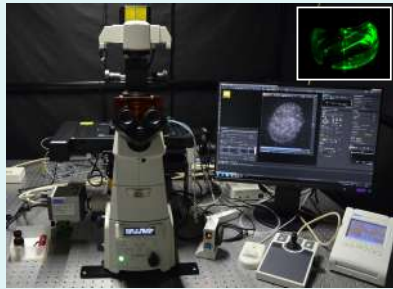
教科書の"ゲノム収納モデル"は正しいの？



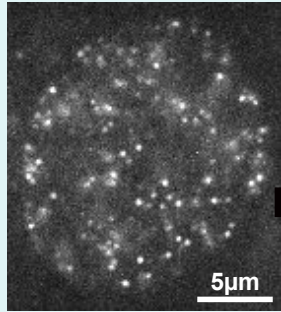
"ゲノムDNAは不規則に折り畳まれ、ゆらゆら動いている"という従来のモデルとは全く合わない証拠を沢山つかんできました。

超解像ライブセルイメージング

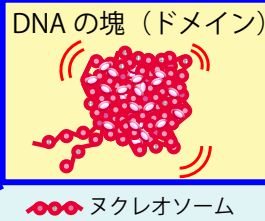
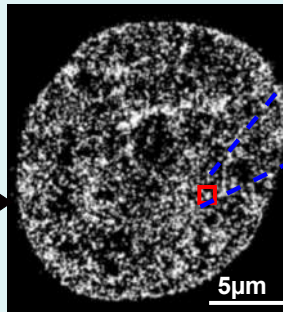
核内1分子顕微鏡



1分子イメージング



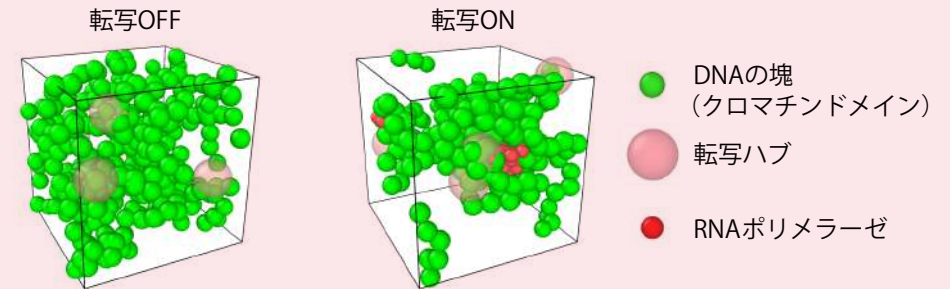
超解像顕微鏡像



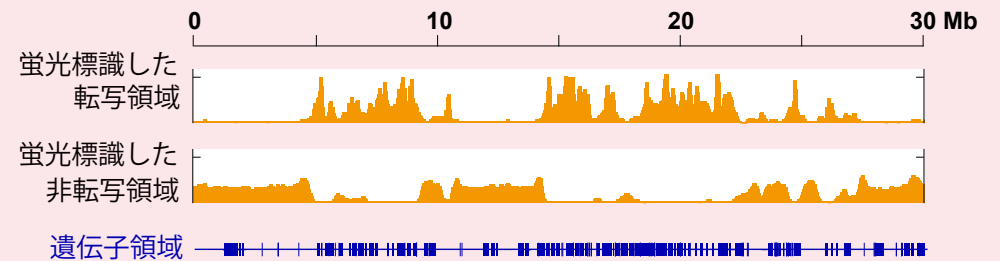
超解像・ライブイメージングで、生きた細胞の中のゲノムDNAの折り畳み構造や動きを直接観察できるようになりました。

遺伝情報の検索・読み出しのメカニズム

計算機シミュレーションとゲノム解析



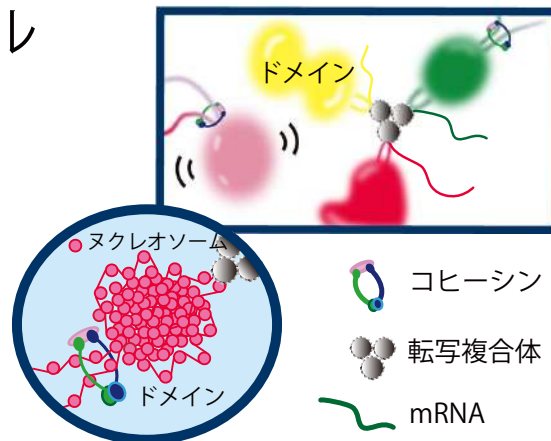
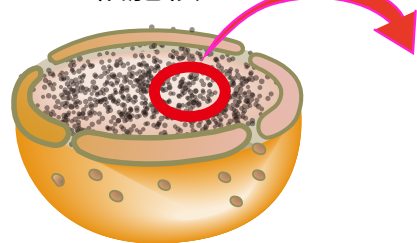
細胞の中のゲノムDNA環境をコンピュータ上で再構成して、転写因子などが遺伝情報を検索・読み出しするメカニズムを調べます。



次世代シーケンサーデータをイメージングと統合し、エピジェネティクスによりゲノム構造が制御される仕組みを明らかにします。

新しいゲノム収納モデル

細胞核



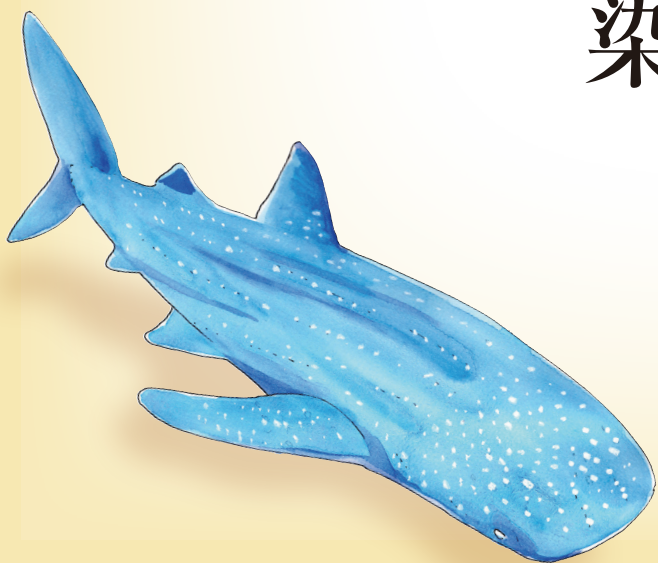
- ・ガンなどの疾病メカニズムの解明
 - ・病気の診断などへの医療応用
 - ・エピジェネティクスとゲノム構造・ダイナミクス
 - ・革新的メモリーデバイスの開発
- への展開が期待されます。



遺伝メカニズム研究系

村山 泰斗 研究室

染色体生化学研究室



国立遺伝学研究所

ONLINE

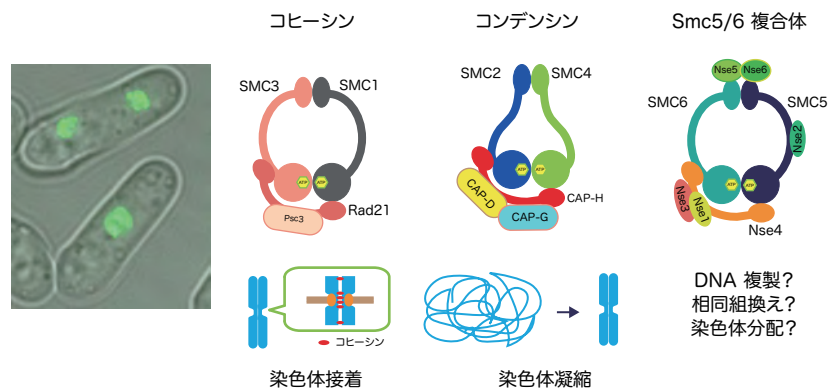
公開講演会2022

染色体生化学研究室

村山泰斗 准教授

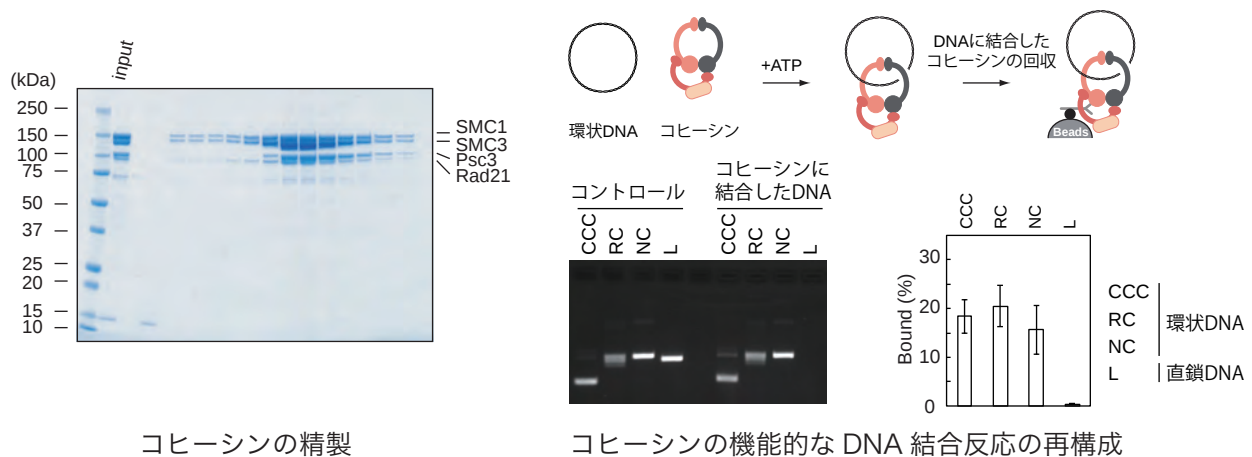
ヒト細胞では、DNA は総長 2 メートルにもなり、計 46 の染色体として分かれて存在します。細胞という僅かな空間で、全てのセットの染色体を複製し、次世代に均等に分配するという作業がいかにアクロバティックなことであるかは、想像に難くありません。

私たちの研究室では酵母をモデル生物として、細胞がどのように染色体を作り、正確な数を保ったまま分配するのかという分子機構について研究しています。特に、染色体の構造形成で中心的な役割を果たしている SMC 複合体の作動機構の解明に力を入れています。



精製タンパク質を使って染色体構造をつくる過程をチューブの中で再構成する

試験管内再構成実験は、タンパク質のメカニズム解析を行う上で、非常に強力なアプローチです。私たちは、これまでに染色体間の接着構造の形成に機能するコヒーシンを精製し、その機能的な DNA 結合反応を再構成しました。現在、一分子イメージングによって、コヒーシンの DNA 結合における動作機構を直接解析しようとしています。コヒーシンの系を主軸に、他の SMC 複合体の機能解析を展開し、染色体構造形成の謎を明らかにしていきたいと考えています。



発表論文

Murayama Y*, Samora CP, Kurokawa Y, Iwasaki H, Uhlmann F.
Establishment of DNA-DNA Interactions by the Cohesin Ring.
Cell, 172, 465-477, 2018 (*corresponding author).

Murayama Y*, Uhlmann F*.
DNA Entry Into and Exit Out of the Cohesin Ring by an Interlocking Gate Mechanism.
Cell, 163, 1628-40, 2015 (*co-corresponding author)

Murayama Y, Uhlmann F.
Biochemical reconstitution of topological DNA binding by the cohesin ring.
Nature, 505, 367-71, 2014

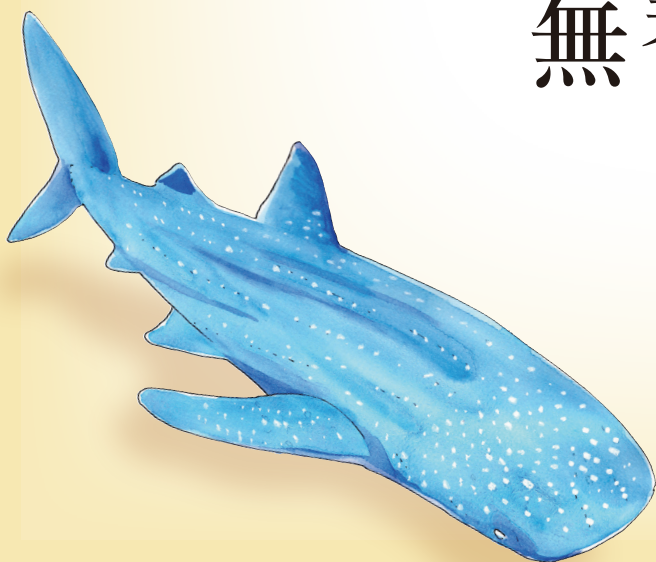
連絡先: ystmurayama@nig.ac.jp



遺伝メカニズム研究系

齋藤 都暁 研究室

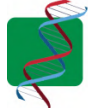
無脊椎動物遺伝研究室



国立遺伝学研究所

ONLINE

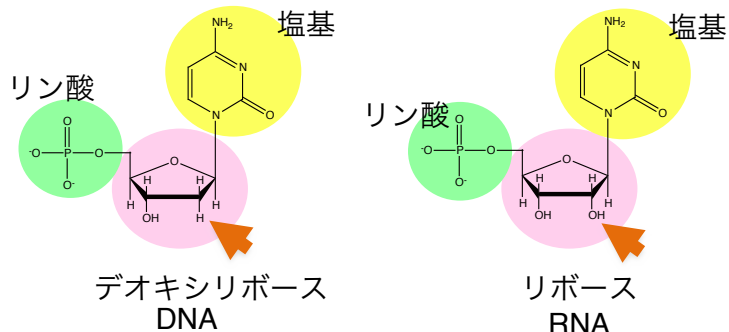
公開講演会2022



教授1、助教1、大学院生2、技術職員1名、他多数(テクニシャン)

主要テーマ RNA分子が関わる遺伝子発現制御の仕組みを明らかにする

キーワードはRNAです



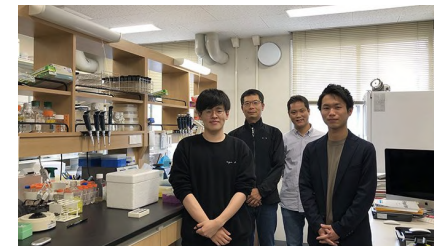
RNAはDNAと非常に良く似た構造ですが、リボースの2'位がOHであり、これがRNA分子の柔軟性に繋がっています

RNAは、、、

遺伝情報を担います。
長いRNA、短いRNAなど様々です。
複雑な形をとります。
蛋白質と一緒に協力して働くものがあります。
切られたり、つながったり、運ばれたりします。
作られた後に更に書き込みがされる場合があります。

RNAの新しい機能や仕組みを自分で見つける

新しい技術開発に繋がる可能性も秘めています
例：ゲノム編集技術(Crispr/Cas9)やRNA干渉など、

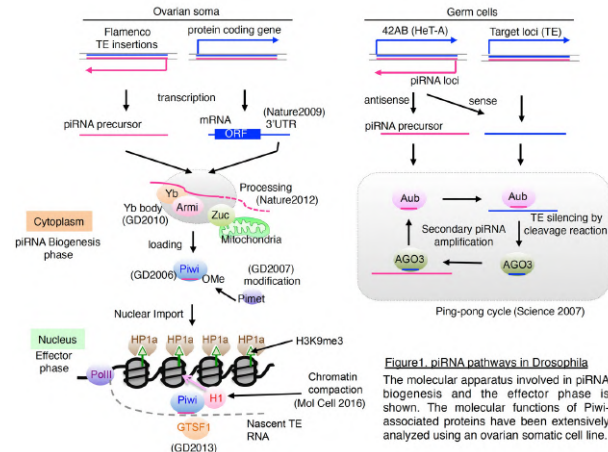


ラボメンバー：左から3番目がPIです(齋藤都暁)
email: saitok@nig.ac.jp

2022年度は体験入学(随時コース)を2名受け入れました。興味あれば気軽に連絡をお願いします。

現在進めている研究テーマ：

RNA分子が担うトランスポゾンの抑制メカニズム

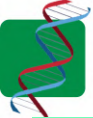


RNA修飾(エピトランスクリプトーム)の生体機能解明

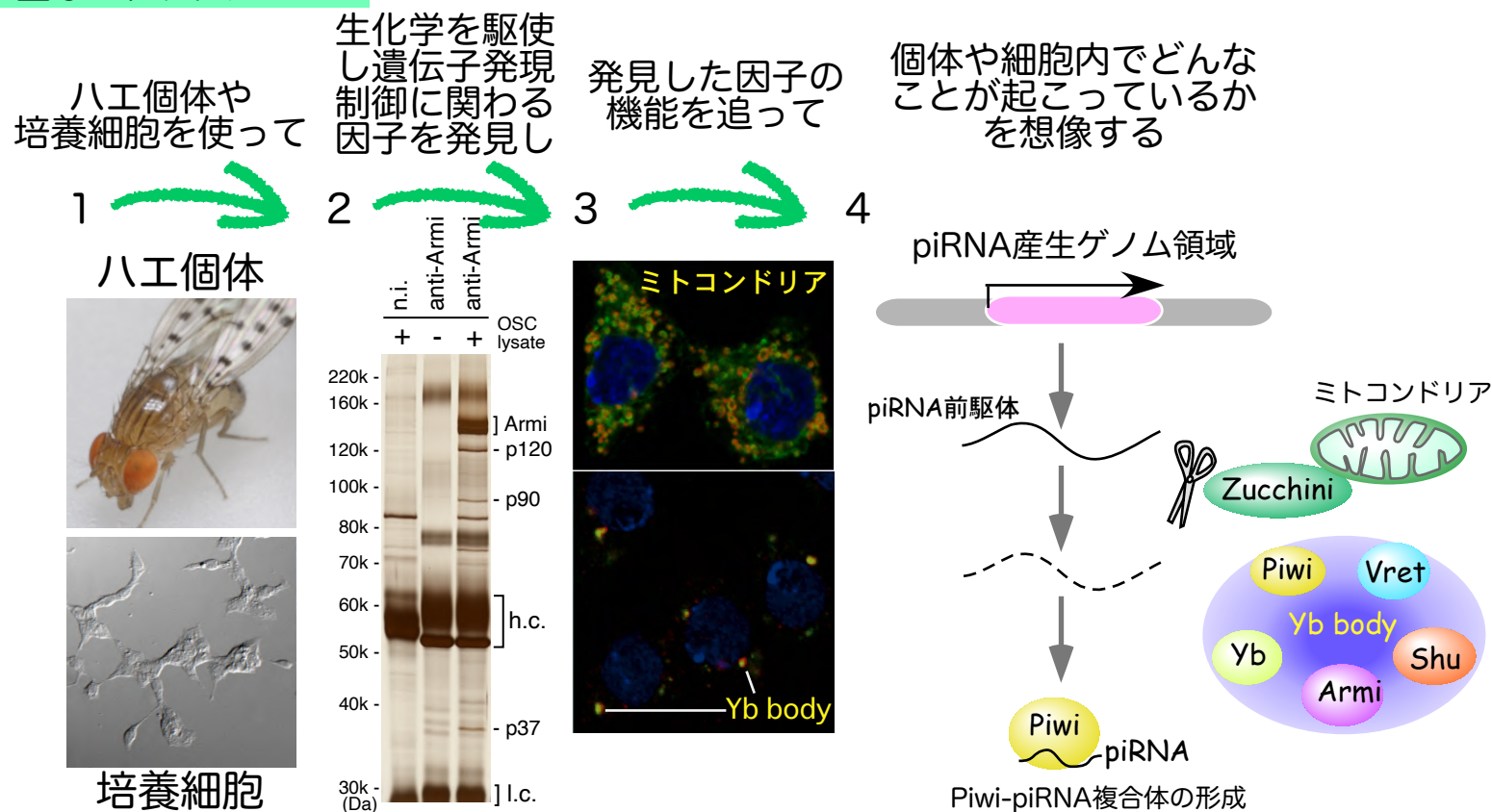


リボンはRNAを花は塩基修飾をイメージしています。

RNAは転写後に多様な塩基修飾を受けることが知られています。現在、170種程度の修飾塩基が同定されていますが、これはその修飾を担う蛋白質(酵素)もまた同様に生物には多数存在することを示唆しています。
最近、私たちはRNA修飾を担う酵素群の解析を通じて、RNA修飾の生体機能に迫っており、生殖能に必要な塩基修飾とその仕組みを見いだしています(未発表)。



私たちの研究の主なストラテジー



きれいなデータを出すことをモットーにしています（そのための技術を提供します）

発表論文：

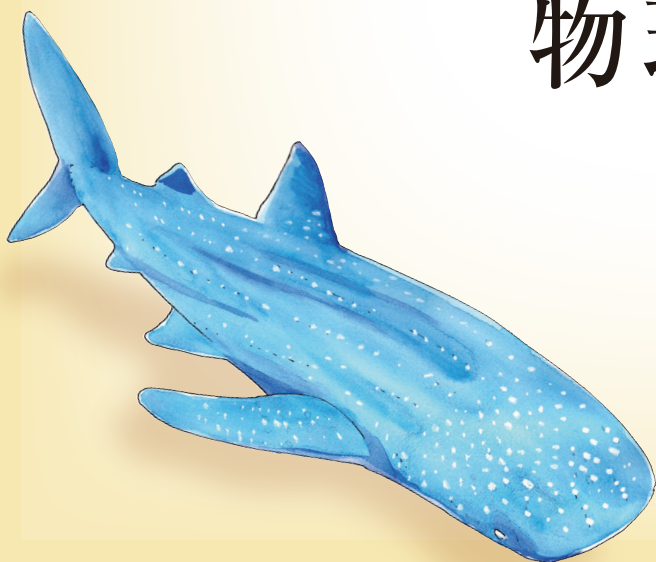
1. Lint-O cooperates with L(3)mbt in target gene suppression to maintain homeostasis in fly ovary and brain. Yamamoto-Matsuda H, Miyoshi K, Moritoh M, Yoshitane H, Fukada Y, Saito K#, Yamanaka S#, and Siomi MC#
EMBO reports e53813. doi: 10.15252/embr.202153813 (2022)
2. Amelioration of aneurodevelopmental disorder by carbamazepine in a case having a gain-of-function GRIA3 variant. Hamanaka K, Miyoshi K, Sun JH, Hamada K, Komatsubara T, Saida K, Tsuchida N, Uchiyama Y, Fujita A, Mizuguchi T, Gerard B, Bayat A, Rinaldi B, Kato M, Tohyama J, Ogata K, Shi YS, Saito K, Miyatake S, Matsumoto N.
Hum Genet. 141(2):283-293. doi: 10.1007/s00439-021-02416-7. (2022)
3. Yorkie drives supercompetition by non-autonomous induction of autophagy via bantam microRNA in Drosophila.
Curr Biol. 14;32(5):1064-1076.e4 (2022)
4. The fifth Japanese meeting on biological function and evolution through interactions between hosts and transposable elements. Ichiyanagi K, Saito K.
Mobile DNA 13;13(1):3 (2022)
5. Hamster PIWI proteins bind to piRNAs with stage-specific size variations during oocyte maturation.
Ishino K, Hasuwa H, Yoshimura J, Iwasaki YW, Nishihara H, Seki NM, Hirano T, Tsuchiya M, Ishizaki H, Masuda H, Kuramoto T, Saito K, Sakakibara Y, Toyoda A, Itoh T, Siomi MC, Morishita S, Siomi H.
Nuc. Acids Res. 49(5):2700-2720 (2021)



遺伝メカニズム研究系

島本 勇太 研究室

物理細胞生物学研究室



国立遺伝学研究所

ONLINE

公開講演会2022

島本研究室 物理細胞生物学 国立遺伝学研究所

研究テーマ：胚発生を制御する核と細胞骨格の時空間ダイナミクス

- ・紡錘体が染色体分配のために正しく組み立てられるしくみ
- ・核が構造的・物理的特性を変化させながらゲノム動態を制御するしくみ

(詳しくは次頁へ！)



ラボメンバー

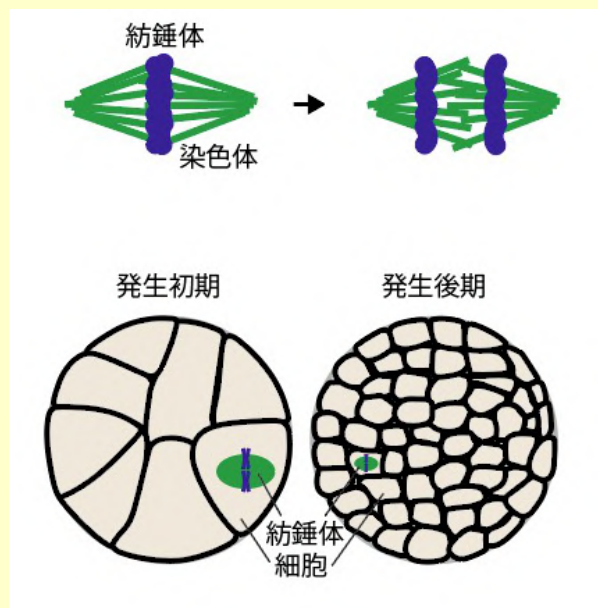
最近の発表論文（抜粋）：

1. Fukuyama et al. Morphological growth dynamics, mechanical stability, and active microtubule mechanics underlying spindle self-organization. *Proc Natl Acad Sci U S A*. (2022)
2. Mori et al. RanGTP and the actin cytoskeleton keep paternal and maternal chromosomes apart during fertilization. *J Cell Biol* 220, e202012001 (2021)
3. Takagi et al. Mechanically distinct microtubule arrays determine the length and force response of the meiotic spindle. *Dev Cell* 49, 267-278 (2019)

島本勇太 (PI、准教授)
斎藤慧 (助教)
田中真仁 (ポスドク)
研究補助員 3 名

連絡先Eメール：
yuta.shimamoto@nig.ac.jp

紡錘体の組み立て原理



染色体分配装置である紡錘体は、分子モーターが微小管を組み上げることで分裂期の細胞に合った大きさと二極性のかたちに形成されます。細胞は、鋳型も設計図もなしにどうやって紡錘体を正しく組み立てているのでしょうか？

「観る」

紡錘体が組み立てられる様子を高解像の顕微鏡で詳しく観察する。

学べる/使う技術：

- ・ 蛍光タイムラプス観察
- ・ 画像の定量解析
- ・ 機械学習コーディング

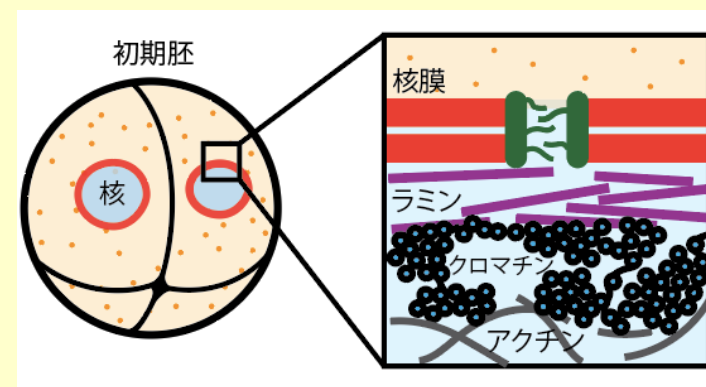
「造る」

精製した微小管と分子モーターを使って紡錘体”LEGO”を組み立てる。

学べる/使う技術：

- ・ タンパク質発現精製
- ・ 一分子イメージング
- ・ 光ピンセット
- ・ 電子顕微鏡
- ・ 高速AFM

初期胚核の構造・ゲノム動態の変化



遺伝子発現制御の場である核は、胚発生の進行に伴ってダイナミックにその構造を変化させます。核に生じる変化を制御する分子メカニズムは何でしょうか？その変化は初期胚のゲノム動態をいかに制御しているのでしょうか？

「観る」

核の形状や構成因子の局在変化を高解像の顕微鏡で詳しく観察する。

学べる/使う技術：

- ・ マウス胚のin vitro培養
- ・ mRNAインジェクション
- ・ 蛍光タイムラプス観察
- ・ 画像の定量解析

「触る」

核をナノサイズの探針で操作して構造の強靱さや力の感受性を調べる。

学べる/使う技術：

- ・ 胚の力学操作
- ・ レオロジー解析