

国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

情報研究系

有田 正規 研究室

生命ネットワーク研究室



2023.11.18



きょうは遺伝研

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ました。

- **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卉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春の写真で一部入替）



研究方針

共同研究重視です。学生は留学させます。理研CSRSのチームもあるため、希望者はCSRS研究生として横浜で研究実施します。24年度以降はJSTの「バイオものづくり」事業に大きく関与します。

DDBJについて：

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

連絡先： arita@nig.ac.jp

2023 -24スタッフ構成

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）

技術補佐員 パク・ジェヒョク（韓国）

技術補佐員 補充予定

学生D3：ドゥアー・ザカリア（シリア）

ボローニャ大と共同で長寿ゾウガメのメタゲノムを解析しています。理研CSRS研究生。

学生D1：アミア・ラキモフ（カザフスタン）

熊本大と共同でハダカデバネズミの解析をしています。今度シンガポールに短期滞在予定。

学生D1: ジェイソン・シュレシンジャー（米国）

CSRS研究生で、薬用植物クララのゲノム解析をおこなっています。

秘書： 榎、村形、山本

国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

情報研究系

川本 祥子 研究室

系統情報研究室



2023.11.18



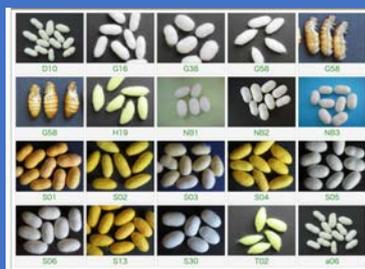
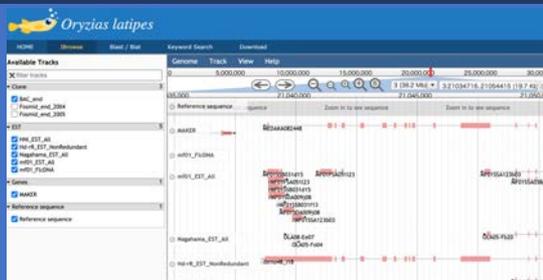
きょうは遺伝研

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。





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JBIFF



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



国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

情報研究系

黒川 顕 研究室

ゲノム進化研究室



2023.11.18



きょうは遺伝研



ゲノム進化研究室 (黒川研究室)

A Formation of the Earth

How did Earth form and differentiate?

Are Earth-like planets rare?

Where did Earth's water come from?

What was the Hadean Earth environment like?

How is the deep interior connected to the surface?

What were the critical ingredients for starting life?

B Origin of Life

What was the first life like?

What was the last common ancestor of Earth-life?

C Evolution of the Earth-Life System

How did complex life arise?

How is the genetic code wired to the environment?

D Bio-Planets in the Universe

What does Earth-life teach us about the search for life in the universe?



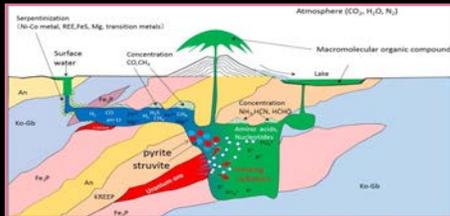
<https://www.youtube.com/c/冥王代生命学の創成>

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)



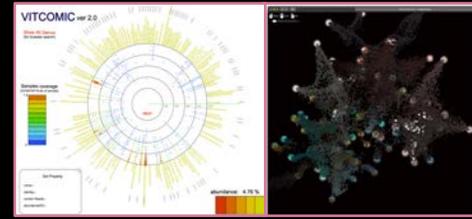
地球・生命の起源

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

国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

情報研究系

森 宙史 研究室

ゲノム多様性研究室



2023.11.18



きょうは遺伝研

ゲノム多様性研究室

Genome Diversity Laboratory

准教授 森 宙史

Hiroshi Mori

連絡先: hmori@nig.ac.jp

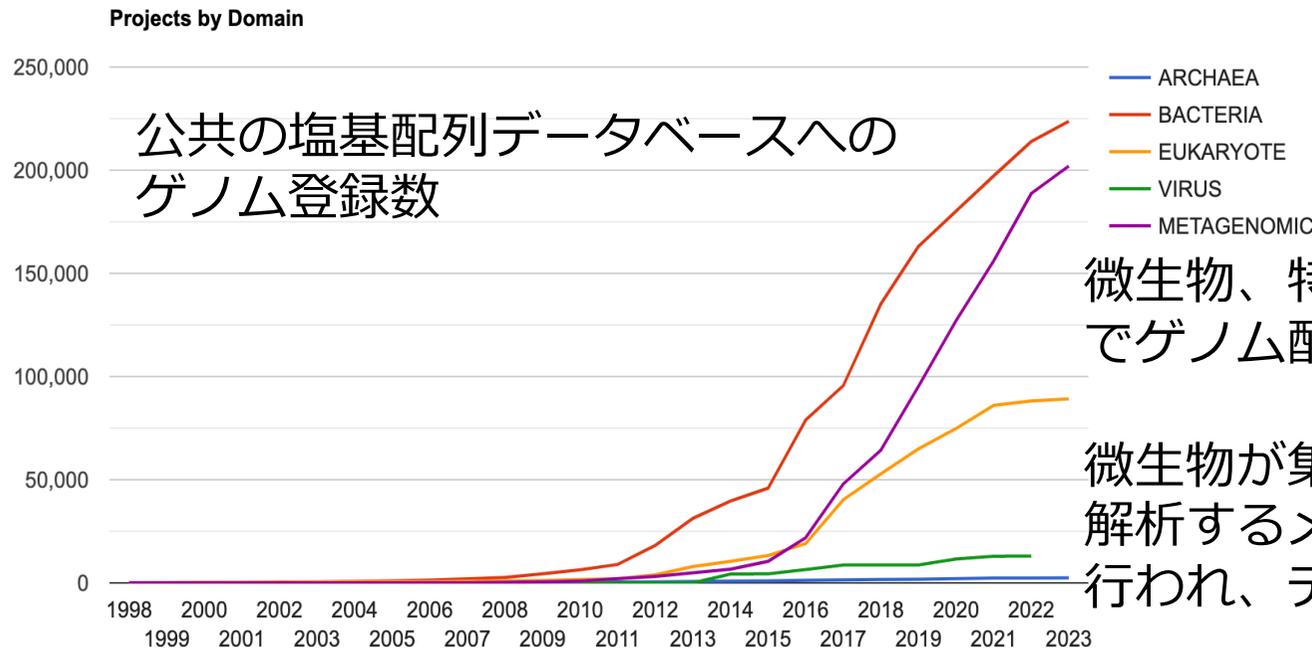
2021年度にできた新しい研究室です。

メンバー: D2学生1名

Webページ: <https://www.genome.id>

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）



微生物、特にBacteriaは著しいスピードでゲノム配列データが蓄積している。

微生物が集まった微生物群集を解析するメタゲノム解析も盛んに研究が行われ、データが蓄積している。

バイオインフォマティクスの技術を用いてメタゲノムからゲノム配列を再構築して解析する

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

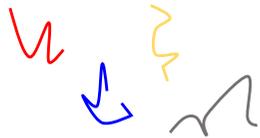
古代DNA (ancient DNA)解析の流れ

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



DNAシーケンシング

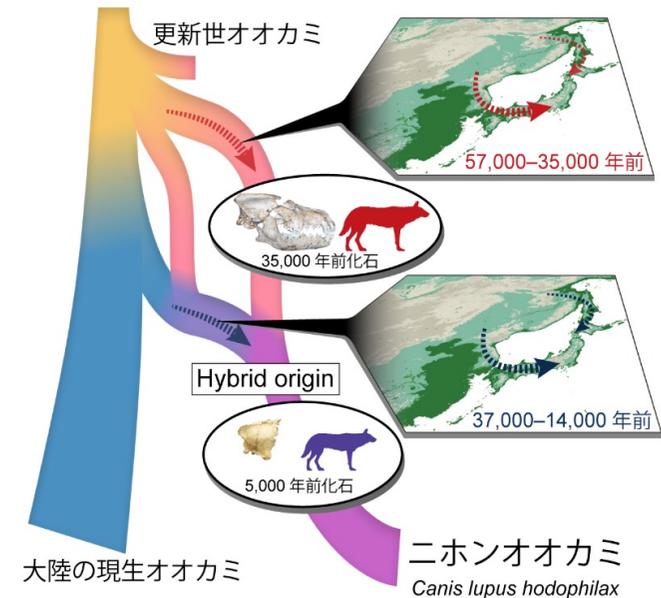
TogoTV (© 2016 DBCLS TogoTV)

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



ニホンオオカミの起源の解明



Curr. Biol. 2022

国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

情報研究系

中村 保一 研究室

大量遺伝情報研究室



2023.11.18



きょうは遺伝研

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
MarTak1 v5.1

Genome Browser

Gene Nomenclature

Analytical Tools

Utility Tools

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" (Jabe, Matsumoto, Chung, Sakamoto, et al. *BioRxiv*, 2020).

Archive *Felis catus* 2

Keyword Search

Our cat

Name	Senza
Breed	American Shorthair
Sex	Female
Genome sizes	20 sequences (19 chromosomes + 1 unplaced) 2.49 Gbp in total

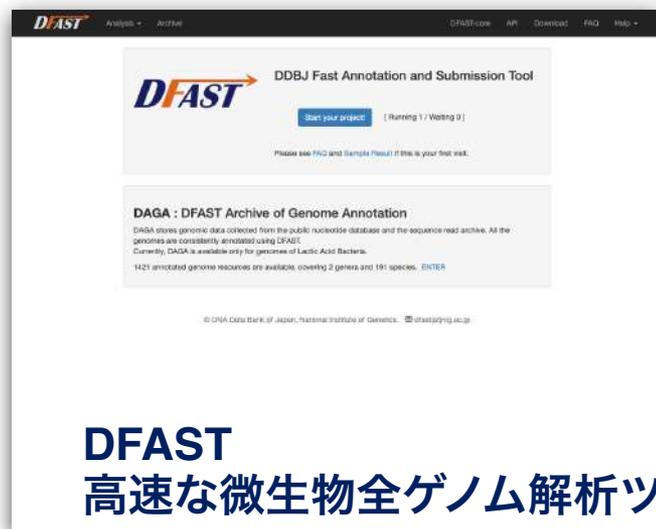
Assembly and annotation version

Citation

Inquiries

Felis catus

イエネコゲノムデータベース



DFAST Archive of Genome Annotation

DBJ Fast Annotation and Submission Tool

Start your project [Running 1 / Waiting 0]

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.

1421 annotated genome resources are available, covering 2 genera and 191 species. [ENTER](#)

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



国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

ゲノム・進化研究系

北野 潤 研究室

生態遺伝学研究室



2023.11.18



きょうは遺伝研



研究内容

本研究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。

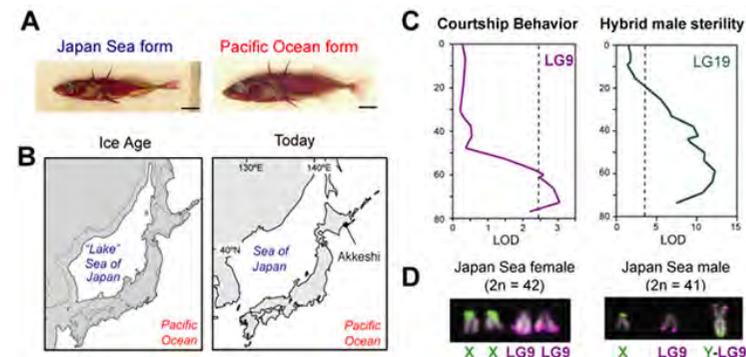
自分なりにとても気に入っている論文はどれも当初の予定通りではなく、予想外の展開が複数あったものです。今、論文を読み返してみても、自分自身や共同研究者の一喜一憂が思い出されます。予想外の結果というのは自然界が我々に何かを語りかけている瞬間で、実は以外に多いはずなのですが、出会ってもその重要性に気づかなかったり忙しいことを言い訳に目をつぶってしまうことが圧倒的に多いと思います。自分とは異なる考え方を受け入れ、いつもオープンな気持ちで予想外との出会いを待ち受けている姿勢が必要だと常々感じています。

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。

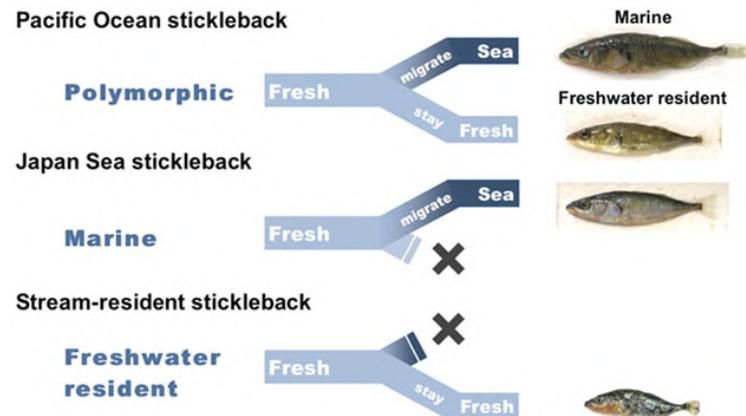
1.種分化の遺伝機構

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。



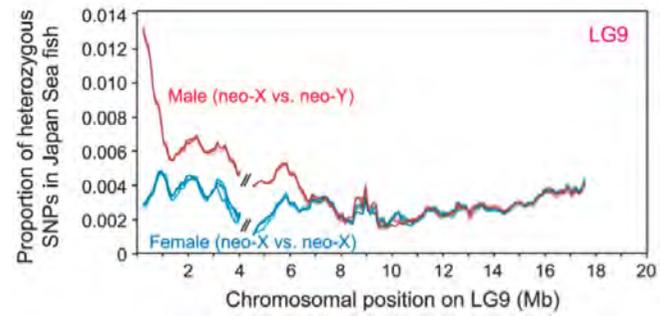
2.新規ニッチへの進出の遺伝機構

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すことから、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

人為的環境変化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られ考えられます。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](#)

Copyright © Ecological Genetics Laboratory - Kitano Lab. All rights reserved.

国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

ゲノム・進化研究系

工樂 樹洋 研究室

分子生命史研究室



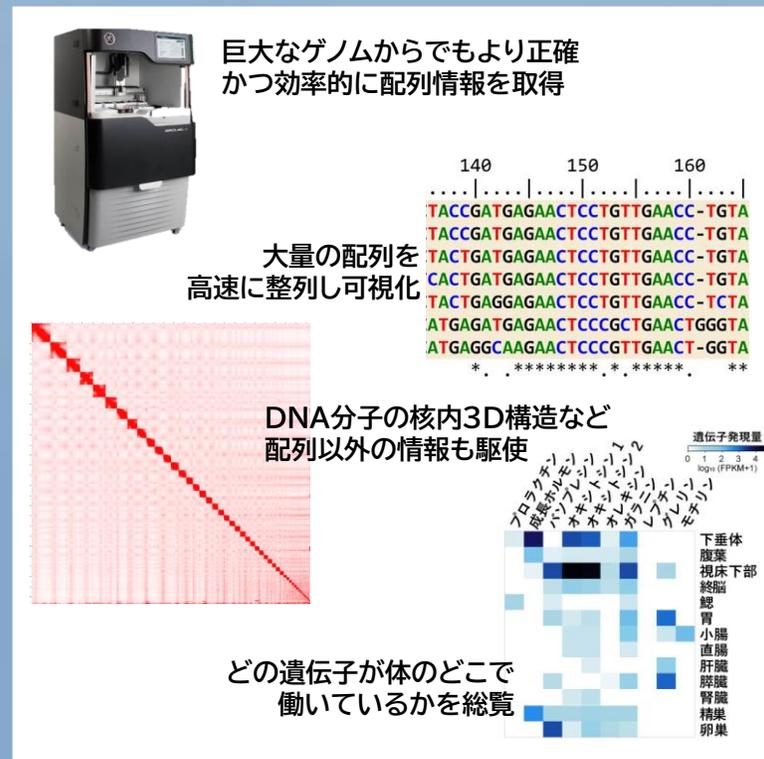
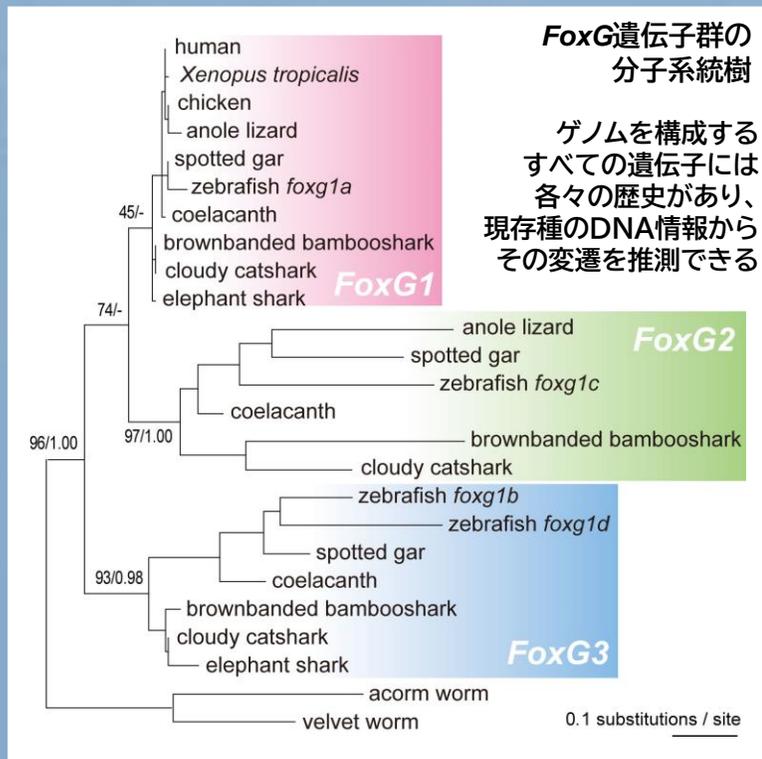
2023.11.18



きょうは遺伝研

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

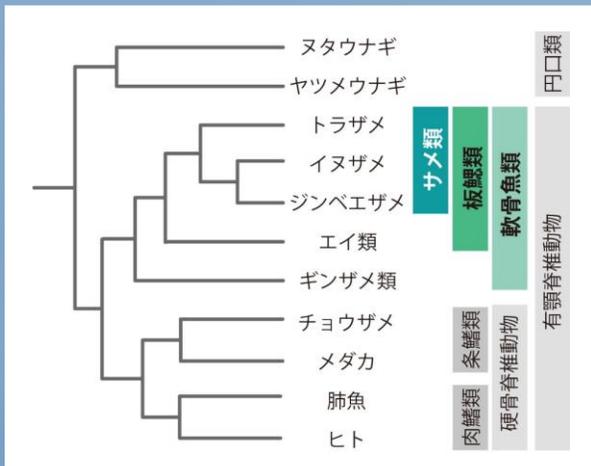
ゲノムDNAを読み取り過去にいつ何が起きたのかを解釈

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？



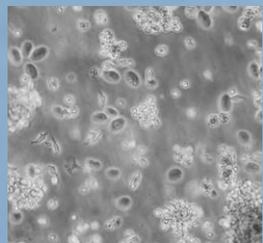
ちなみに、最大の魚類ジンベエザメは胎生
(卵ではなく赤ちゃんを産む)です

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

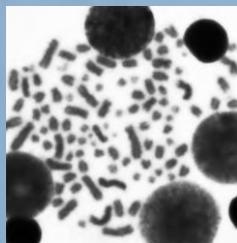
哺乳類との意外な共通点

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め
一部は胎生で、卵黄以外の栄養供給も

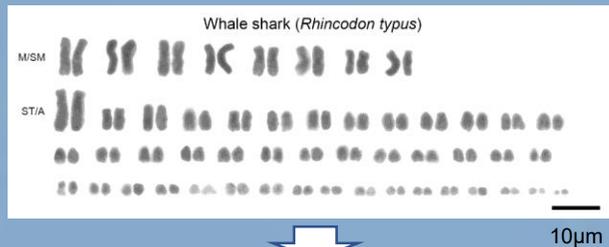
培養したジンベエザメ
のリンパ球



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



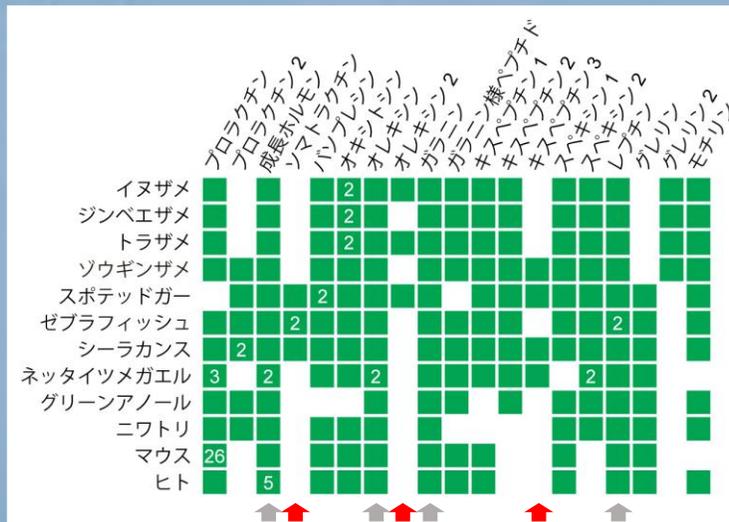
これら102本のDNA配列と対応付け、種間で比較

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

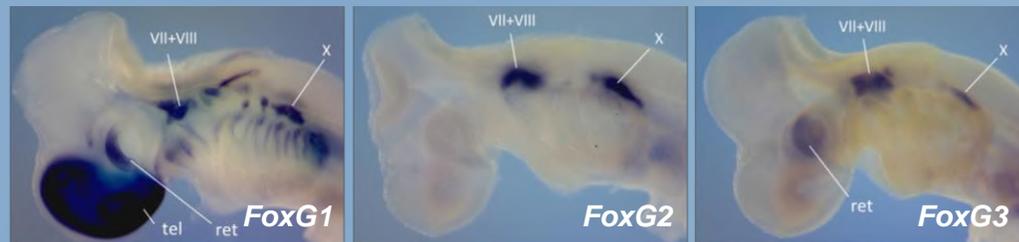


「必須」な遺伝子(◻)
→機能は種間で類似

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

国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

ゲノム・進化研究系

佐藤 豊 研究室

植物遺伝研究室



2023.11.18



きょうは遺伝研

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

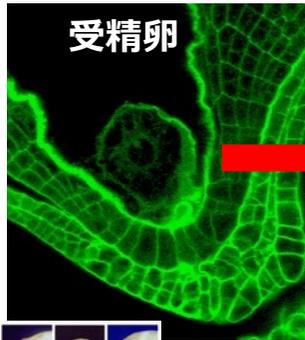
【R5年度メンバー】

教授：佐藤 豊
助教：野坂 実鈴
特命助教：吉川 貴徳

博士研究員：西山 典秀
総研大生：手塚 拓海（5年一貫のD5）

技術職員・研究補助員：数名

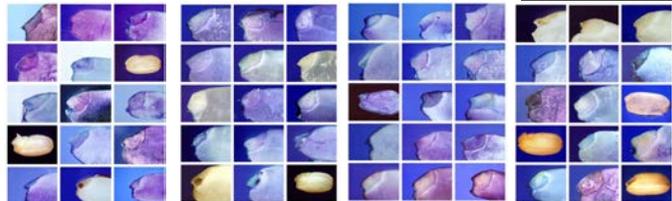
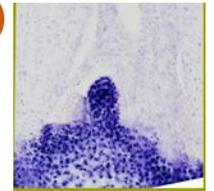
【研究テーマ1】分子遺伝学によるイネの初期発生機構の解明



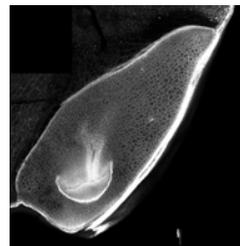
胚発生



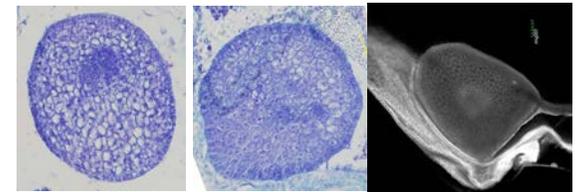
Shoot apical meristem (SAM)



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



国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

遺伝形質研究系

岩里 琢治 研究室

神経回路構築研究室



2023.11.18



きょうは遺伝研

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



教授：岩里 琢治
助教：中川 直樹
大学院生： 2名 (学振DC2 1名)
技術支援員： 3名

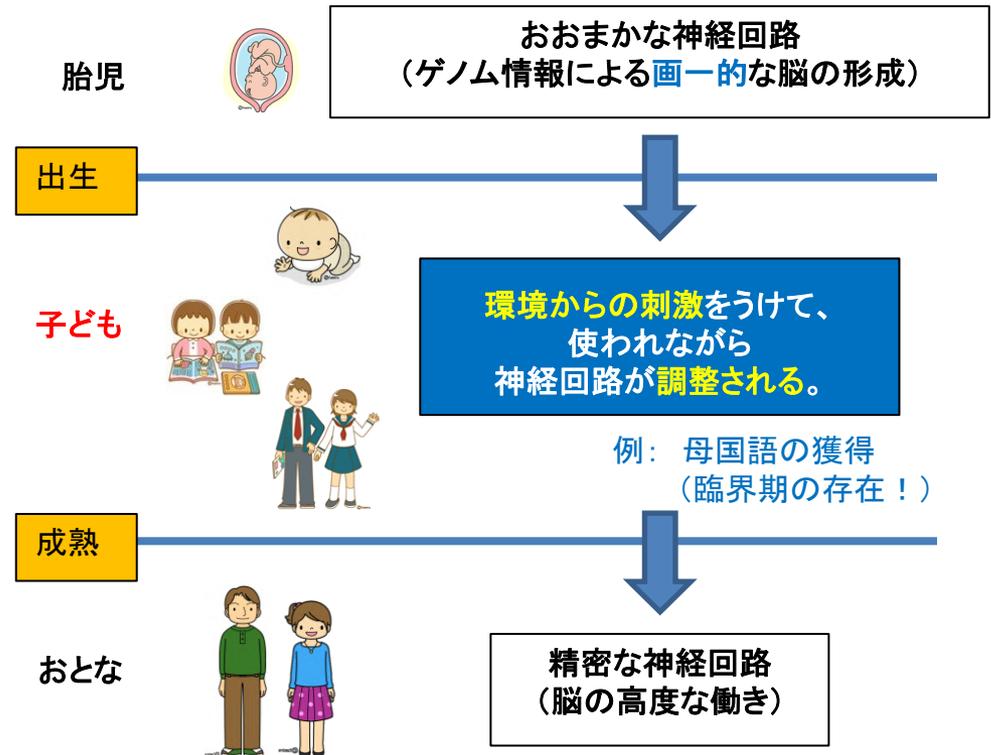
2023年11月現在



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。

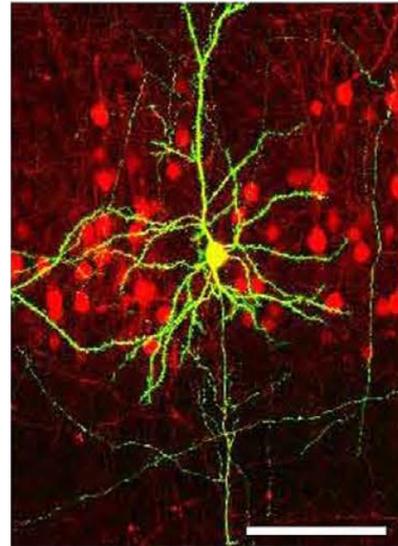


子ども期に特有の神経回路の発達を、独自手法で解析

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

Nakagawa et al., *Cell Rep.* 2023

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

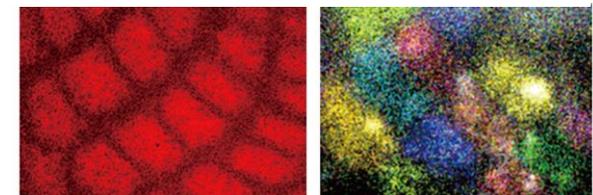
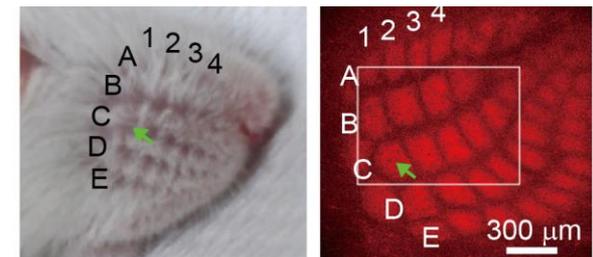
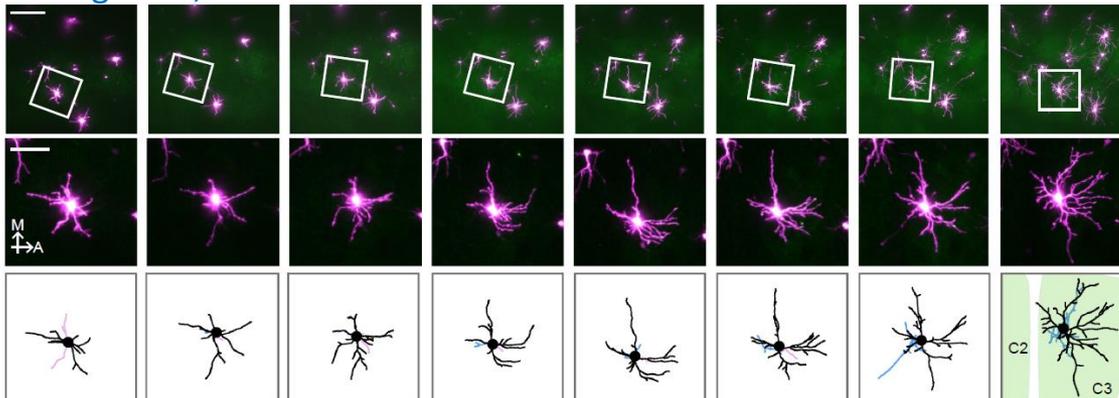
Banerjee et al., *Sci. Rep.* 2022

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

Wang et al., *eNeuro* 2023



国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

遺伝形質研究系

宮城島 進也 研究室

共生細胞進化研究室



2023.11.18



きょうは遺伝研

共生細胞進化研究室

メンバー

教授 宮城島 進也
総研大D2 辻野 大

助教 藤原 崇之
総研大D2 岡田 薫

特任助教 廣岡 俊亮
技術補佐員 富田 麗子

博士研究員 山下 翔太
技術補佐員 杉本 有為子

博士研究員 周 柏峰

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

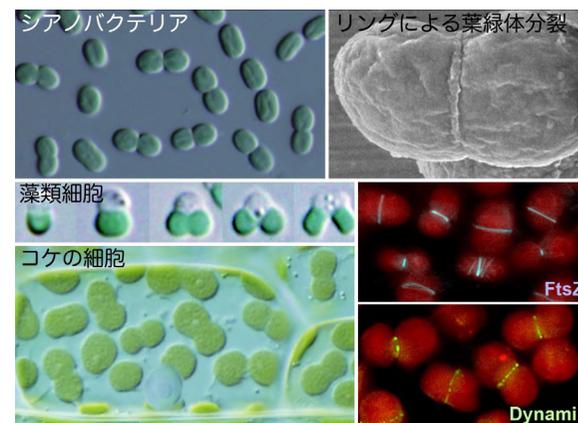
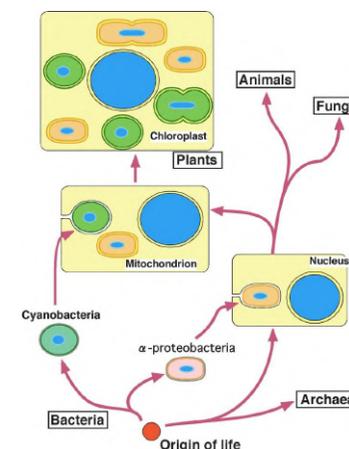
真核細胞内でエネルギー変換を行う細胞内小器官、ミトコンドリアと葉緑体は、10億年以上前にそれぞれプロテオバクテリアとシアノバクテリアが真核細胞内に共生して誕生しました。その他、真核細胞が別の細胞を取り込み、新機能を獲得する例は広く見受けられます。このような二種の細胞の世代を超えた持続的統合には、宿主細胞の分裂増殖に伴った、共生細胞の分裂・増殖の制御が必須です。本研究室では、もともと別の細胞であった宿主細胞と共生細胞がどのようにして一緒に分裂増殖するのか、そのような機構がどのように進化してきたのかを研究しています。

これまでにかわったこと

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**. 19, e2210665119.

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.

国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

遺伝形質研究系

野々村 賢一 研究室

植物細胞遺伝研究室



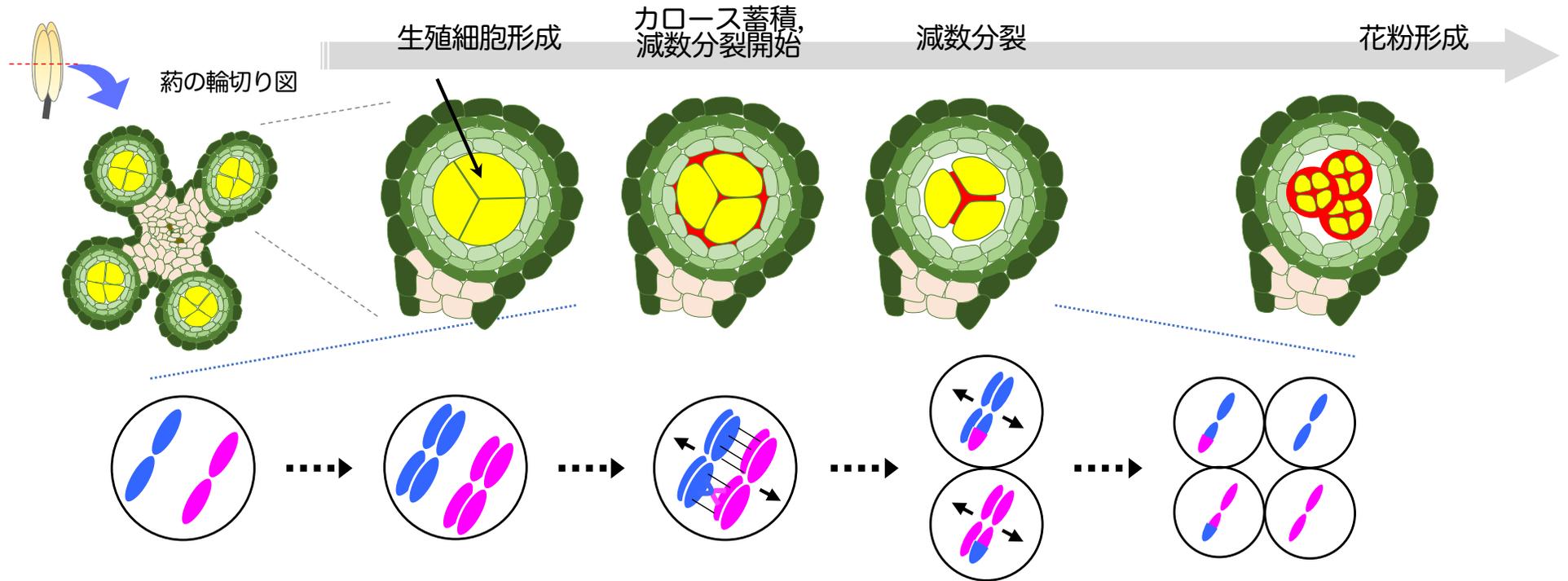
2023.11.18



きょうは遺伝研

植物細胞遺伝研究室（野々村研究室）

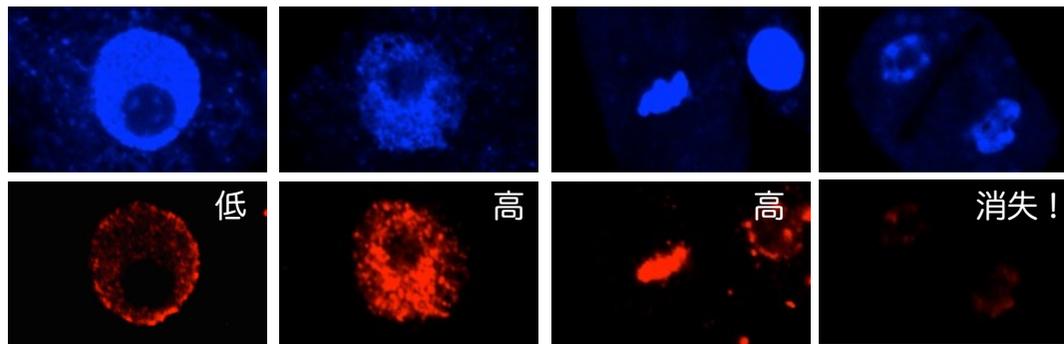
植物の生殖細胞形成に必要な遺伝子群と染色体動態に関する研究



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

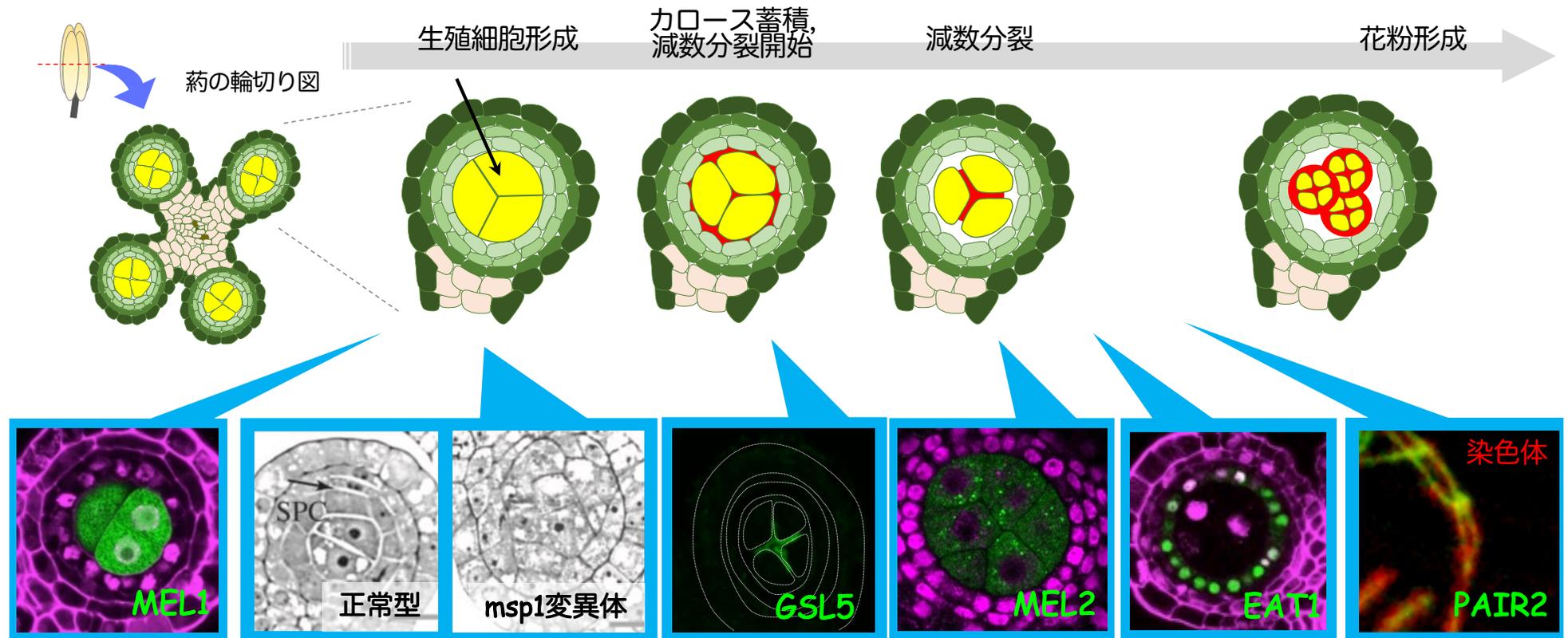
減数分裂染色体
(DAPI)

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

国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

遺伝形質研究系

澤 斉 研究室

多細胞構築研究室



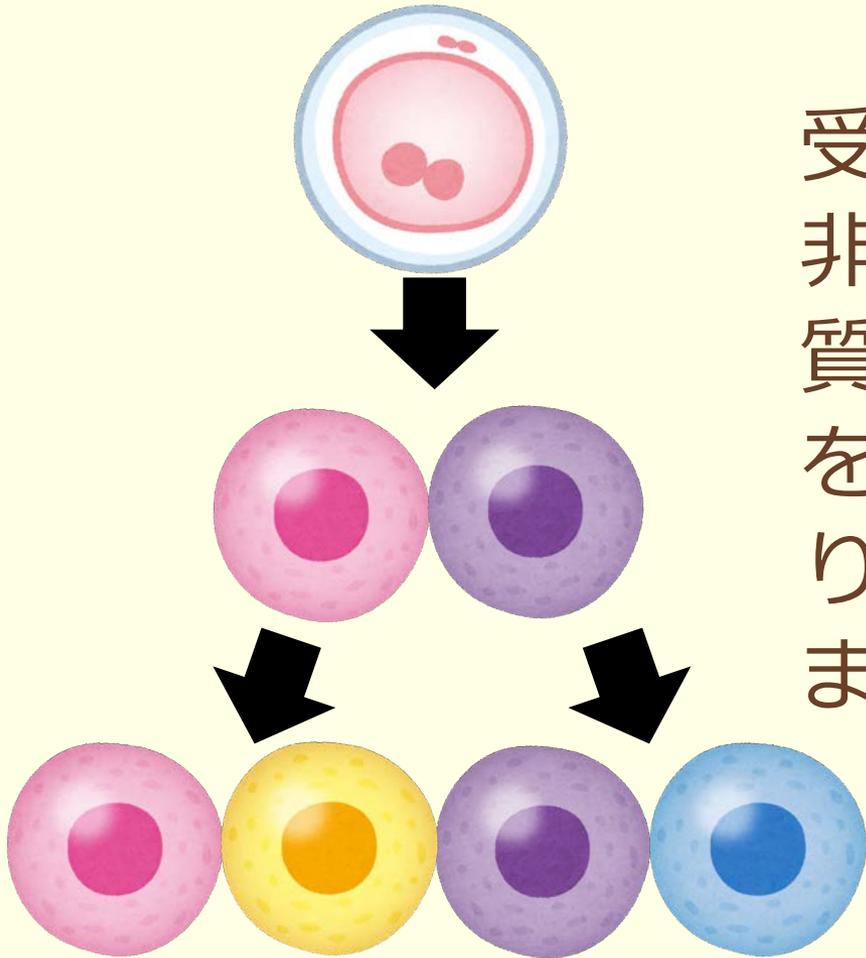
2023.11.18



きょうは遺伝研

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



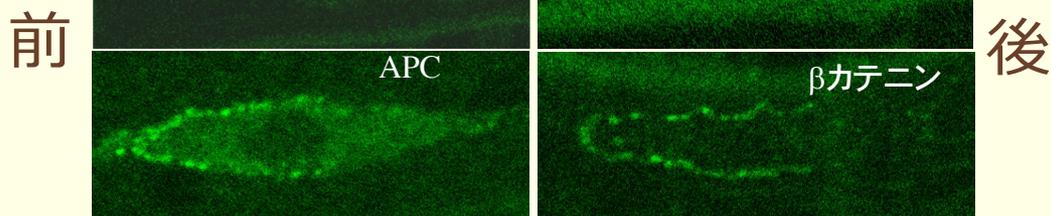
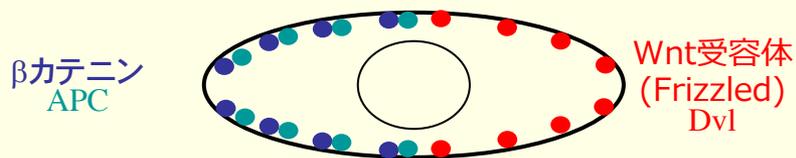
受精卵や幹細胞など細胞は非対称に分裂し、異なる性質（運命）を持った娘細胞を作り出します。これにより多種多様な細胞が作られます。

研究室
ホームページ



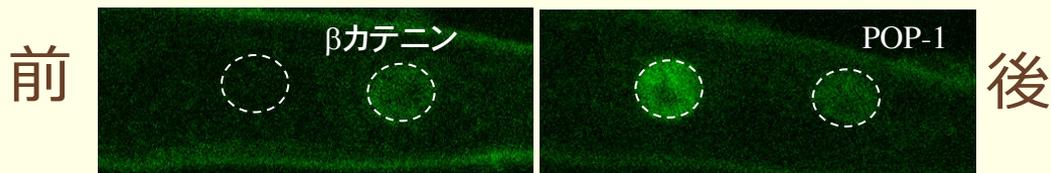
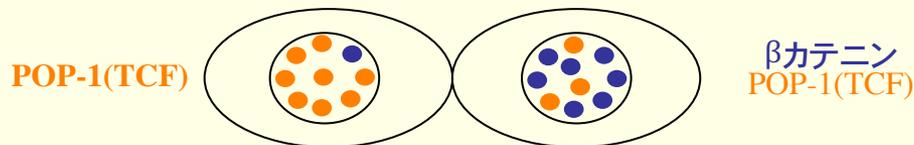
非対称細胞分裂機構

細胞分裂前



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。

細胞分裂後



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。

国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

遺伝形質研究系

米原 圭祐 研究室

多階層感覚構造研究室



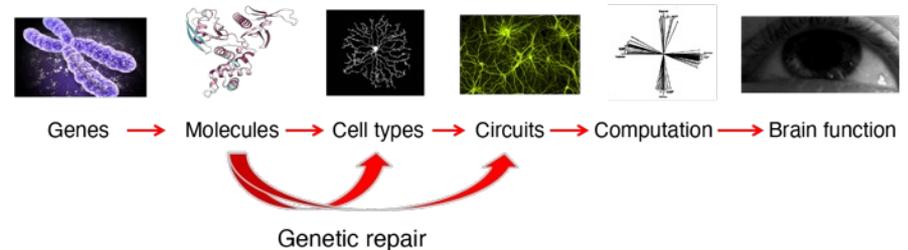
2023.11.18



きょうは遺伝研

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。



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。

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)

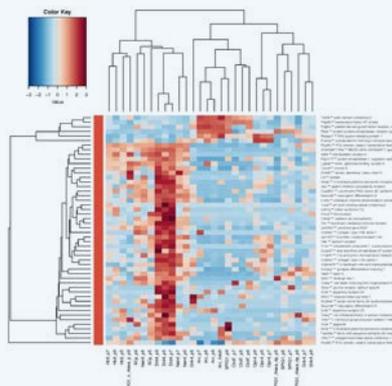
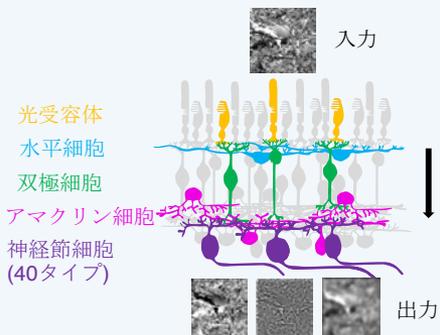
大学院生1名、技官1名、テクニシャン3名、事務員1名

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

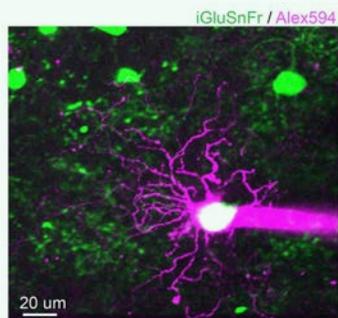
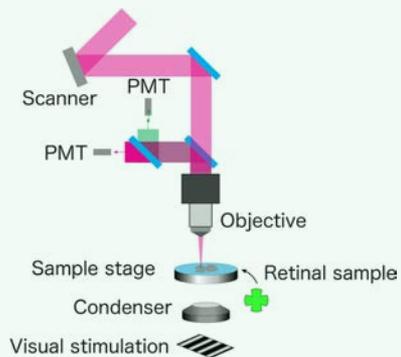
マウスやサルの視覚神経回路の発達や情報処理、疾患、環境適応の統合的理解

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

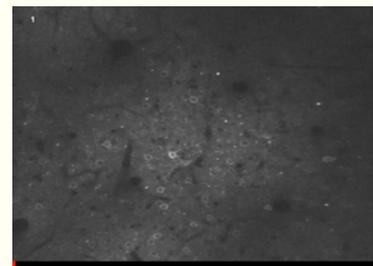
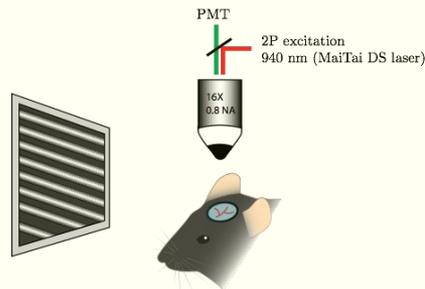
2光子顕微鏡を用いて
網膜の活動を捉える



Matsumoto et al.,
Curr Biol 2019

1細胞電気生理により
シナプス入力の統合を理解する

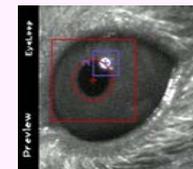
生体2光子イメージングで
覚醒マウスの脳活動を捉える



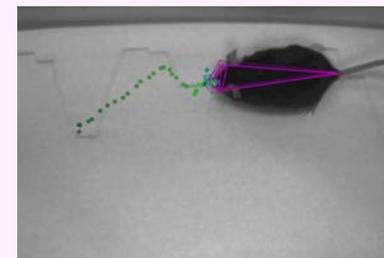
Rasmussen et al.,
Nat Commun 2020

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



DeepLabCut: Mathis et al.,
Nat Neurosci 2018

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

国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

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



2023.11.18



きょうは遺伝研

分子細胞工学研究室・鐘巻研究室

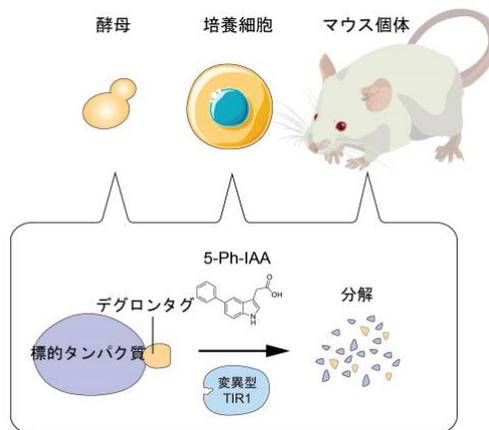
教授：鐘巻将人 博士研究員：Xiaoxuan Zhu、高橋祐人 技官：坂本佐知子
総研大学生：鳩山雄基 (D4)、Moutushi Islam (D3)、Atabek Bektash (D2)
企業研究員：北本直美 技術補助員：鈴木智子、高橋まゆみ 秘書：古瀬寿美子

研究テーマ

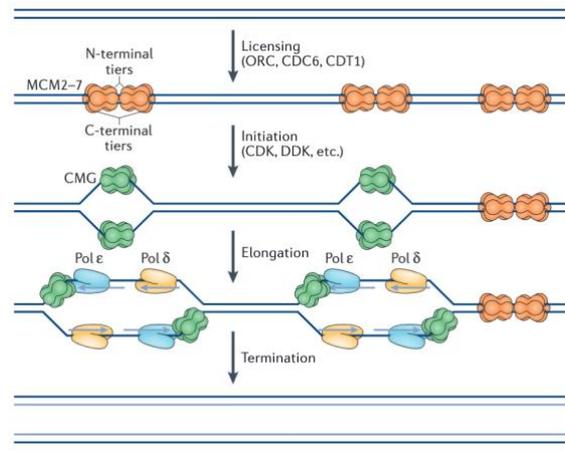
ヒト細胞の DNA 複製機構を研究しています。また、研究遂行に必要なオーキシンドグロン法 (AID) 法などの遺伝工学技術を開発しています。

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、多くの場合はロ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、オーキシンドグロン (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。そこで、AID2 技術等の最新の遺伝学技術とゲノミクス解析を組み合わせ、ヒト細胞ゲノム上のどこから DNA 複製が開始し、どのように制御されているかを明らかにしようとしています。

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/>

近年の主要論文

Hatoyama Y and *[Kanemaki MT](#). The assembly of the MCM2–7 hetero-hexamers and its significance in DNA replication. **Biochemical Society Transactions**, 51, 1289-1295, 2023.

Saito Y, Santosa V, Ishiguro K and *[Kanemaki MT](#). MCMBP promotes the assembly of the MCM2–7 hetero-hexamers to ensure robust DNA replication in human cells. **eLife**, 77393, 2022

*[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

国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

遺伝メカニズム研究系

木村 暁 研究室

細胞建築研究室



2023.11.18



きょうは遺伝研

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

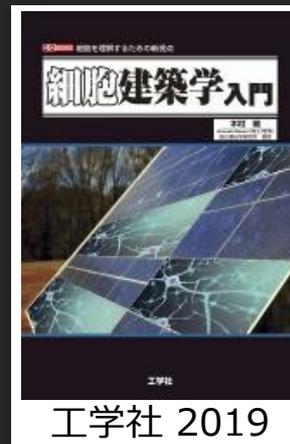
② 多様性を理解する

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

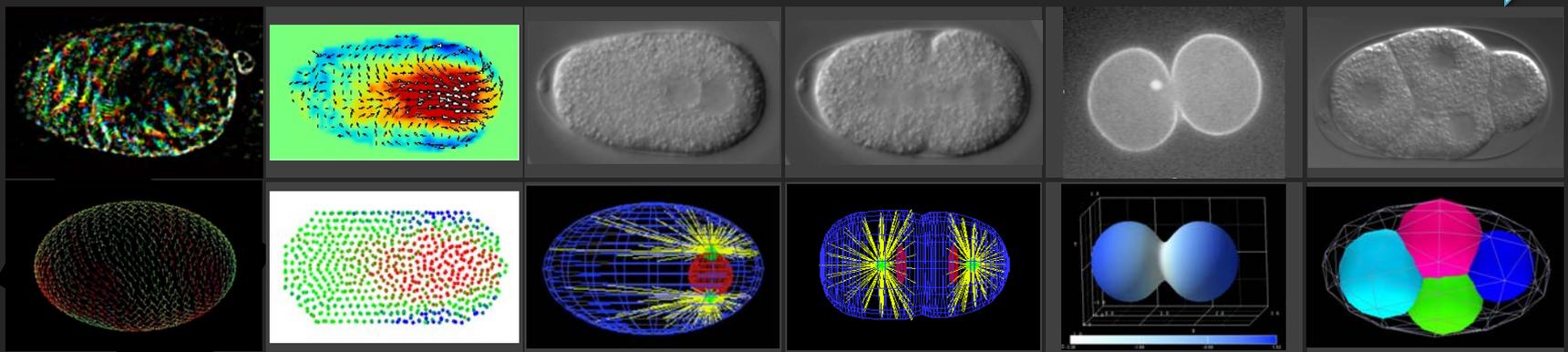
細胞質流動の研究： 発生、逆転、多様性を細胞とモデルで再現

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

国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

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



2023.11.18



きょうは遺伝研

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??



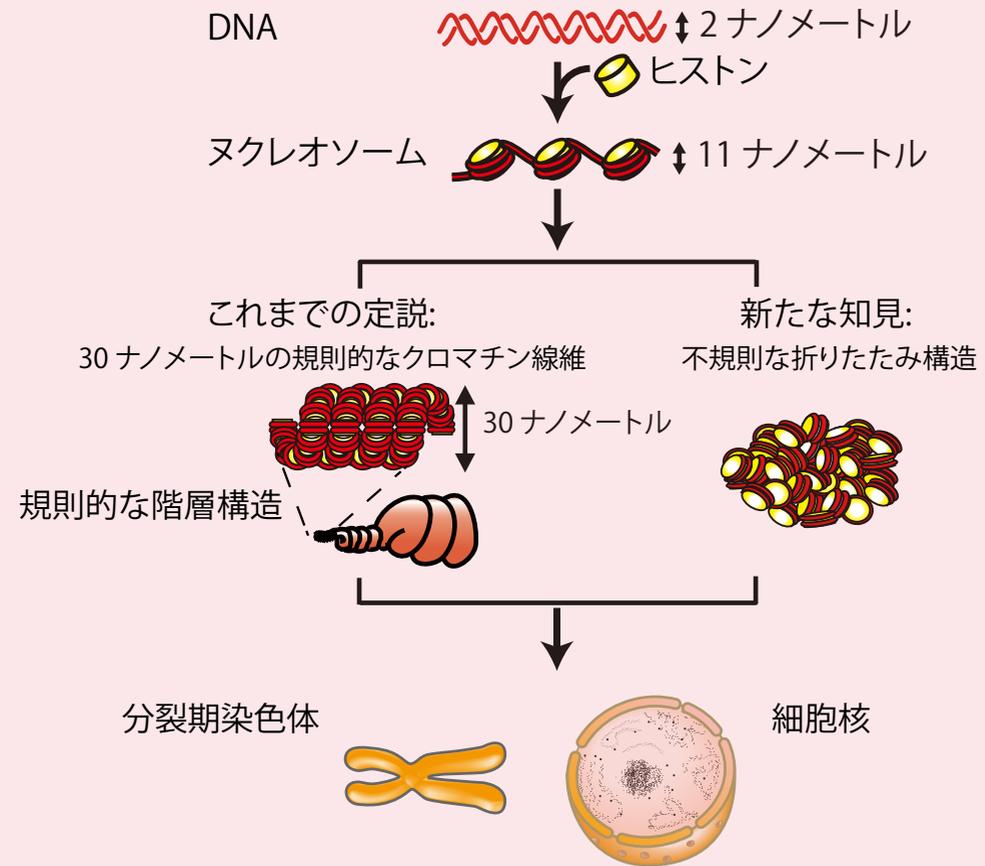
教授 前島 一博 (kmaeshim@nig.ac.jp)
助教 井手 聖・日比野 佳代

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

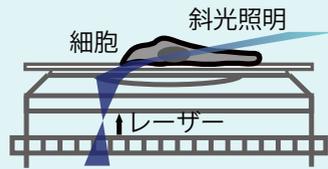
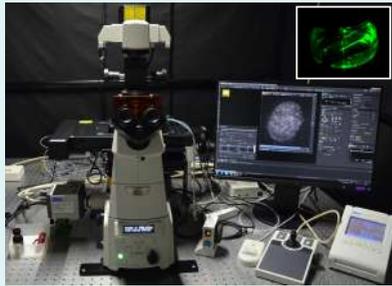
教科書の"ゲノム収納モデル"は正しいの？



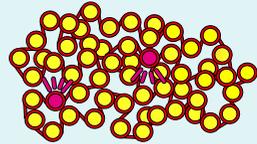
"ゲノムDNAは不規則に折り畳まれ、ゆらゆら動いている"という従来モデルとは全く合わない証拠を沢山つかんできました。

超解像ライブセルイメージング

核内1分子顕微鏡

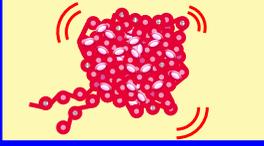


ヌクレオソームに目印をつける



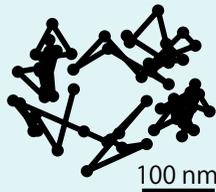
構造を調べる

DNAの塊(ドメイン)

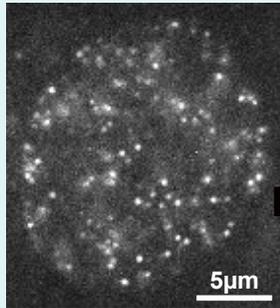


ヌクレオソーム

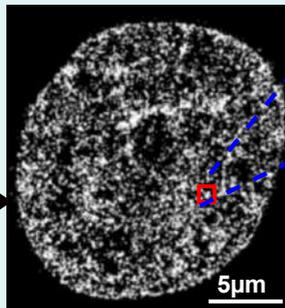
動きを調べる



1分子イメージング



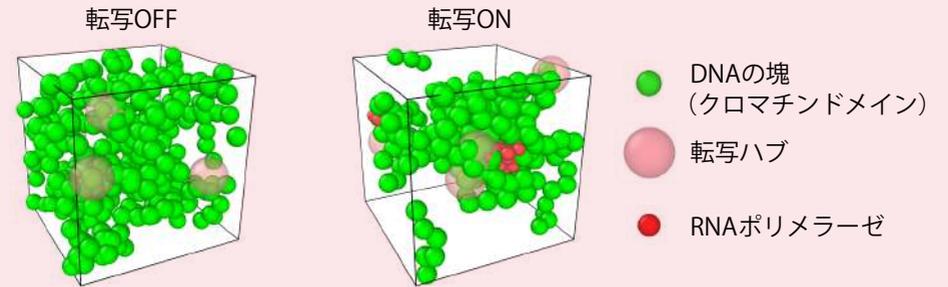
超解像顕微鏡像



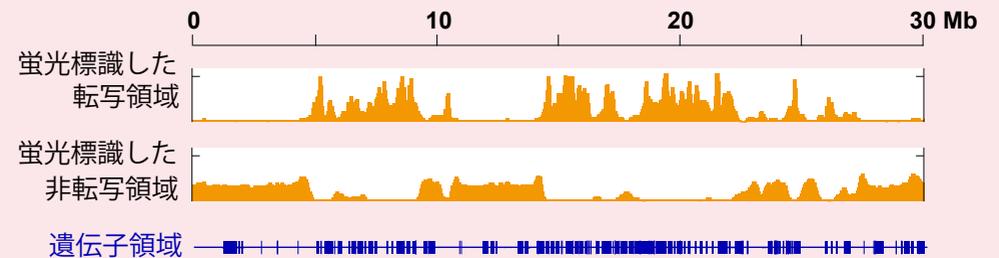
超解像・ライブイメージングで、生きた細胞の中のゲノムDNAの折り畳み構造や動きを直接観察できるようになりました。

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



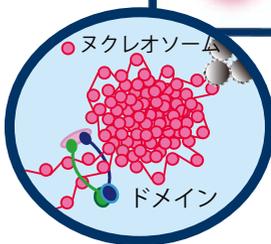
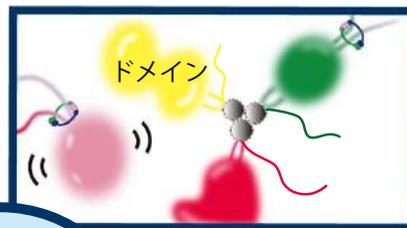
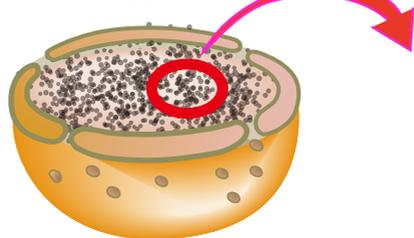
細胞の中のゲノムDNA環境をコンピュータ上で再構成して、転写因子などが遺伝情報を検索・読み出しするメカニズムを調べます。



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



- コヒーシン
- 転写複合体
- mRNA

- ・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。

国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

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



2023.11.18



きょうは遺伝研

染色体生化学研究室

村山泰斗 准教授

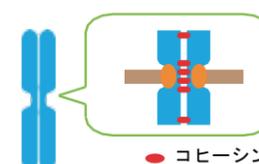
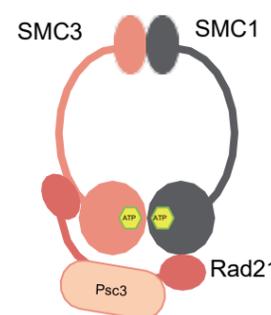
連絡先 : ystmurayama@nig.ac.jp

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。

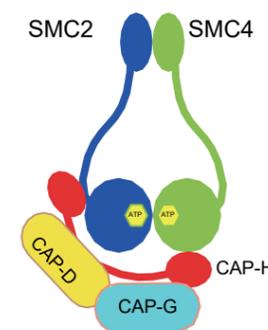


コヒーシン



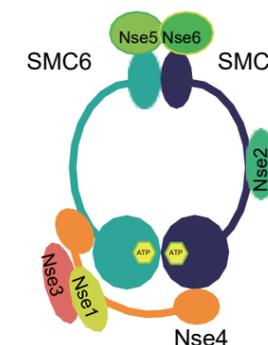
染色体接着

コンデンシン



染色体凝縮

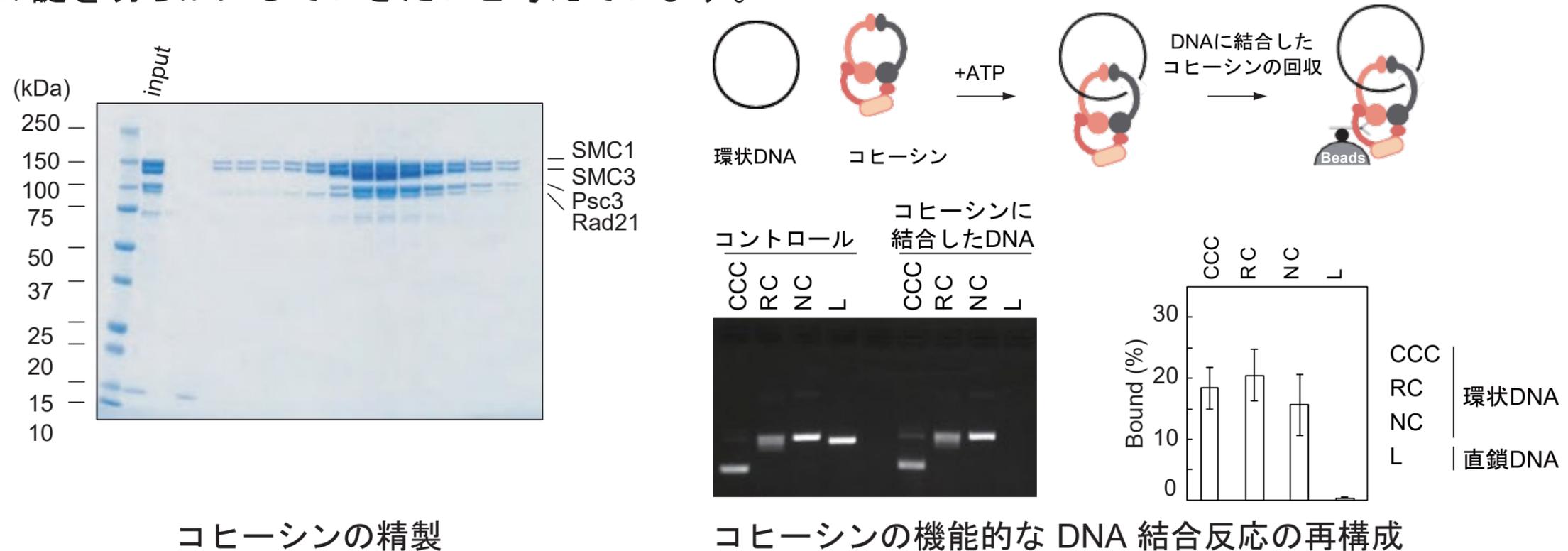
Smc5/6 複合体



DNA 複製?
相同組換え?
染色体分配?

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

国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

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



2023.11.18



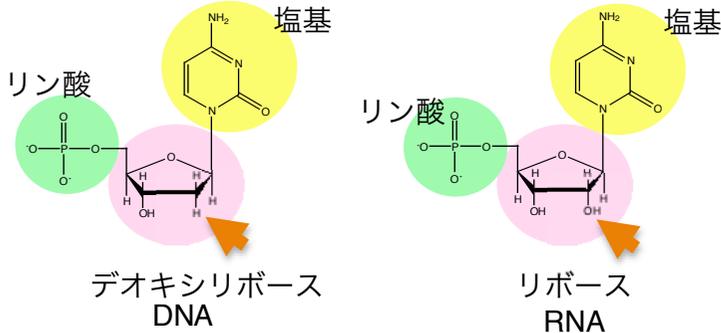
きょうは遺伝研



教授1、助教1、ポスドク1、大学院生1、技術職員1名

RNA生物学：RNA修飾（エピトランスクリプトーム）の意義と分子機構の解明

キーワードはRNAです



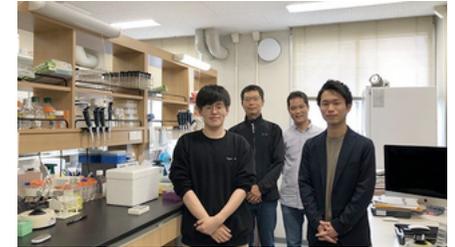
RNAはDNAと非常に良く似た構造ですが、リボースの2'位がOHであり、これがRNA分子の柔軟性に繋がっています

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

体験入学、研究室見学歓迎です
一緒に研究する仲間を探しています

現在進めている主な研究テーマ：

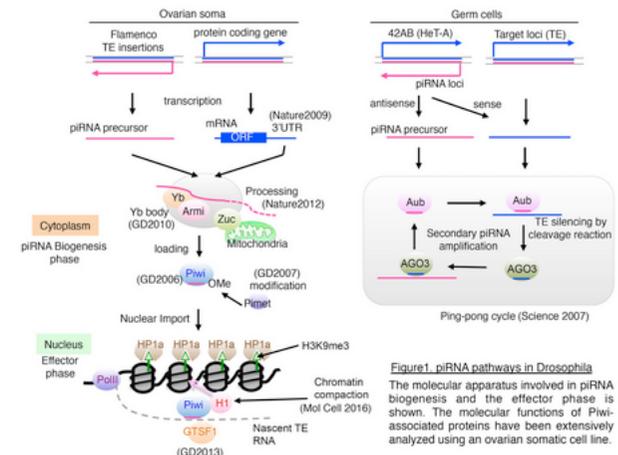
RNA修飾(エピトランスクリプトーム)の生体機能解明



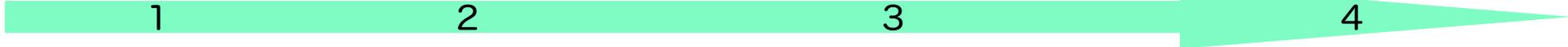
リボンはRNAを花は塩基修飾をイメージしています。

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、生殖能に必須な塩基修飾とその仕組みを見いだしています。
(Kaneko et al. under review)

RNA分子が担うトランスポゾンの抑制メカニズム



私たちの研究の主なストラテジー



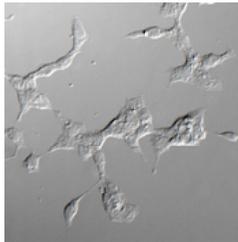
1
ハエ個体や
培養細胞を使って

2
生物にとって重要な
因子を発見し

3
発見した因子の機能やそれを支える
メカニズムを追って

4
個体や細胞内でどんなことが
起こっているかを想像する

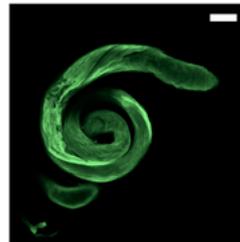
ハエ個体



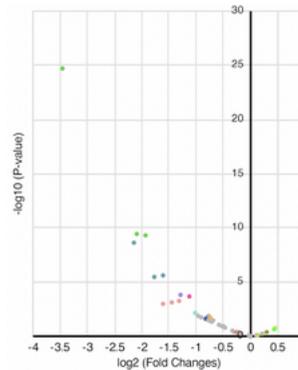
培養細胞

遺伝子操作

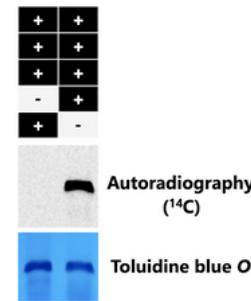
遺伝学的
発生学的
アプローチ



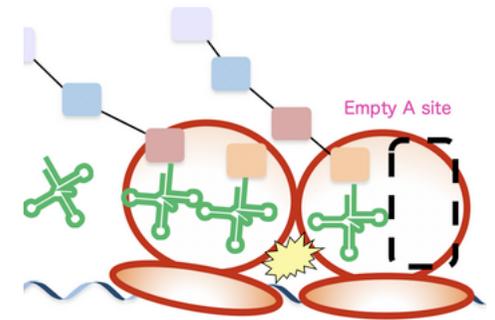
NGS解析



生化学・分子生物学



機能モデルの提唱



きれいなデータを出すことをモットーにしています（そのための技術を磨きます）

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 a neurodevelopmental 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)
Yorkie drives supercompetition by non-autonomous induction of autophagy via bantam microRNA in Drosophila.
3. Nagata R, Akai N, Kondo S, Saito K, Ohsawa S, Igaki T.
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)

国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

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



2023.11.18



きょうは遺伝研

島本研究室 物理細胞生物学 国立遺伝学研究所

個体発生の初期に起こる細胞内ダイナミクスの研究から生命の神秘に迫る！

主な研究テーマ：

- ・ 染色体分配装置が細胞内に正しく組み立てられるしくみ
- ・ DNAを格納する核の構造・物性とゲノム動態制御のしくみ

最近の発表論文（抜粋）：

1. Tanaka et al. Transition to the structurally vulnerable nuclear state is an integral part of mouse embryonic development. *bioRxiv*. (2023)
2. Fukuyama et al. Morphological growth dynamics, mechanical stability, and active microtubule mechanics underlying spindle self-organization. *Proc Natl Acad Sci U S A*. (2022)
3. Takagi et al. Mechanically distinct microtubule arrays determine the length and force response of the meiotic spindle. *Dev Cell* 49, 267-278 (2019)



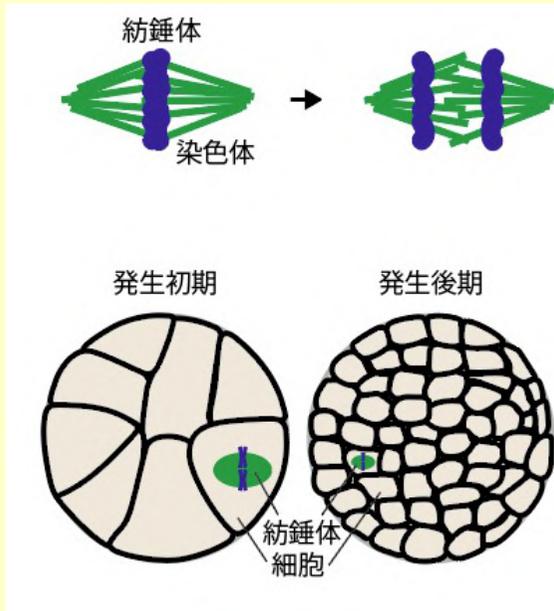
ラボメンバー：

島本勇太 (PI、准教授)
斎藤慧 (助教)
田中真仁 (ポスドク；学振PD)
田中彬寛 (ポスドク)
研究補助員 2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、微小管と呼ばれる繊維状のタンパク質が集まることで細胞に合った大きさと二極性のかたち形成されます。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

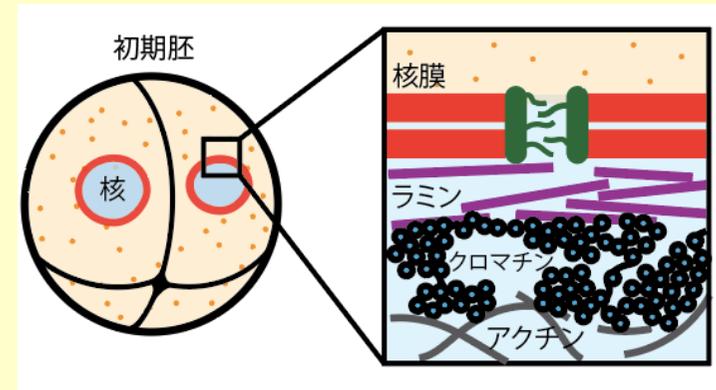
「造る」

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

初期胚核の構造とゲノム動態の関係



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と物性を変化させます。核に生じるかたちや硬さの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

国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

新分野創造センター

佐々木 真理子 研究室

遺伝子量生物学研究室



2023.11.18

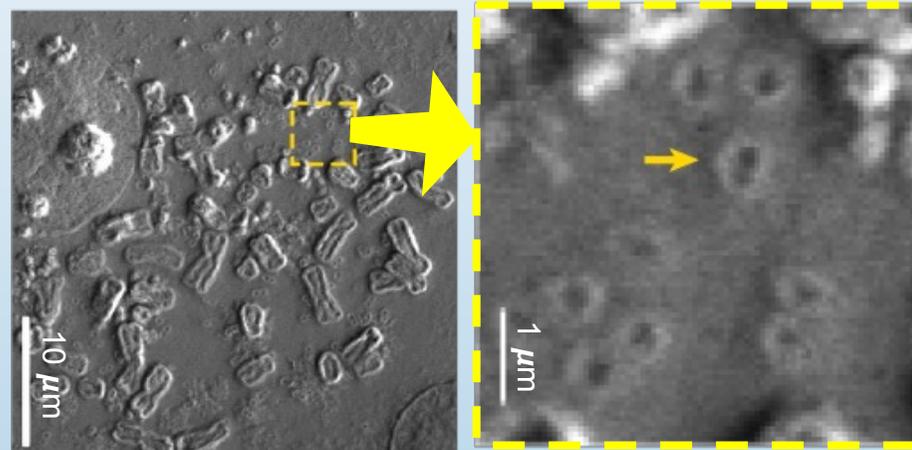
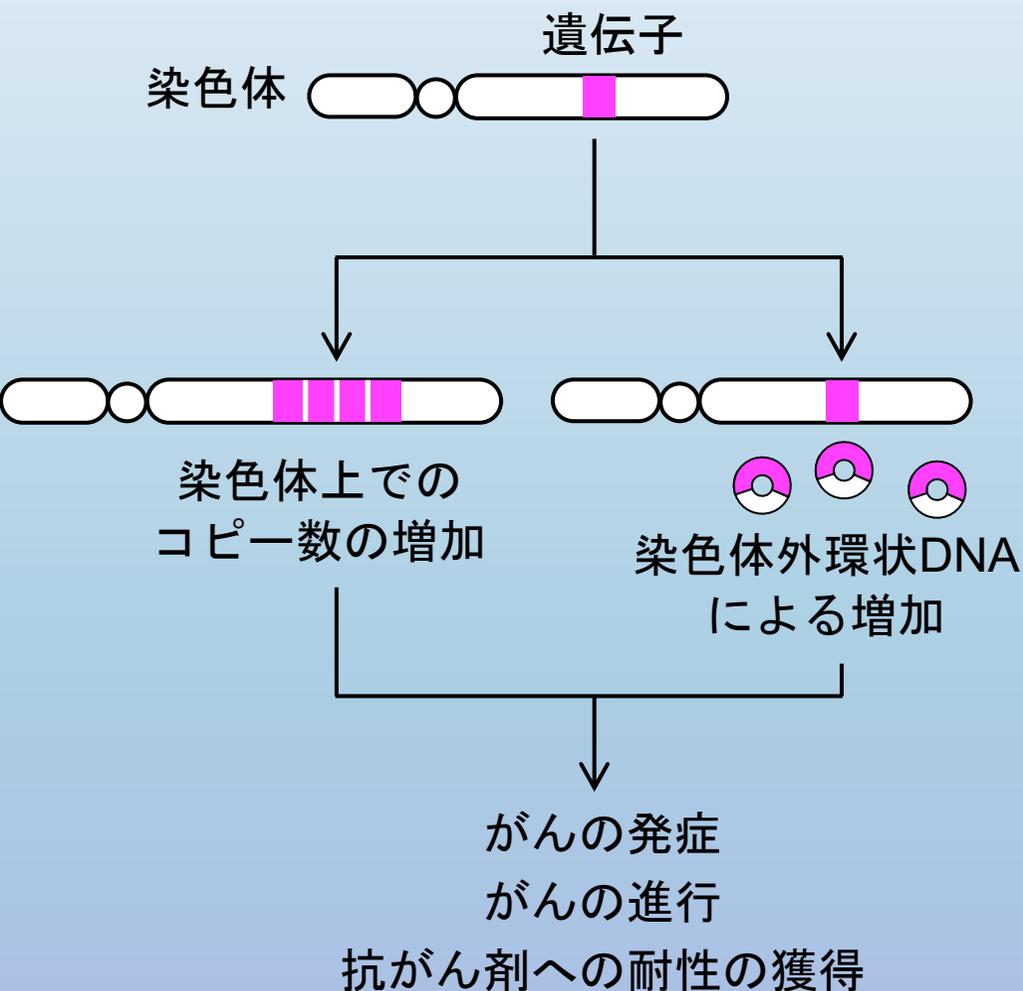


きょうは遺伝研

遺伝子量生物学研究室（佐々木研究室）

真核細胞の新しいDNAのかたち、環状DNAについての研究

遺伝子コピー数の増加



脳腫瘍の細胞において蓄積する環状DNA
(染色体標本の電子顕微鏡観察, Wu et al., *Nature* 2019より引用および変更)

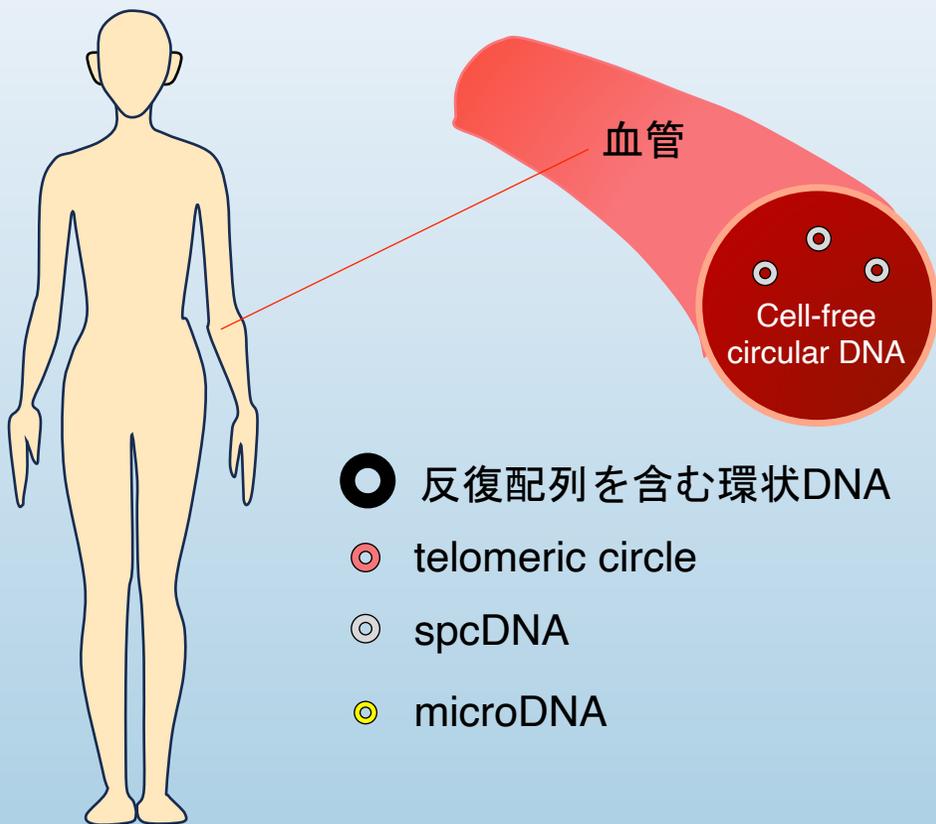
世界的に環状DNAの研究が本格的に始まっています！

がん細胞に蓄積している環状DNAはどのような分子メカニズムで生成・維持されるのか？

環状DNAができると、細胞内でどのような変化が起こり、がん化につながるのか？

真核細胞の新しいDNAのかたち、環状DNAについての研究(その2)

正常細胞で産生される環状DNAについての研究



正常細胞が産生する環状DNAは、どのようなメカニズムで生成されるのか？

これらの環状DNAは、ジャンクDNAなのか、細胞内で重要な機能を発揮するのか？

ヒト以外の生物(出芽酵母など)で産生される環状DNAの研究も行っています。

染色体上で起こるDNAコピー数変化機構とそのインパクトを明らかにする研究も行っています。



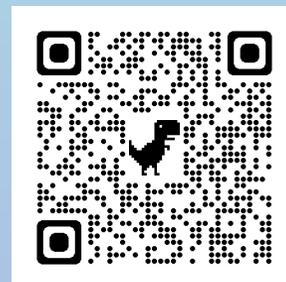
2023年4月に発足した新しいラボです！

メンバー (計5名)

准教授：佐々木 真理子

技術補助員：3名、事務員：1名

連絡先: m_sasaki@nig.ac.jp



Lab Homepage

国立遺伝学研究所
オンライン
公開講演会
2023

新分野創造センター

山道 真人 研究室

理論生態進化研究室



2023.11.18

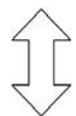


きょうは遺伝研

理論生態進化研究室

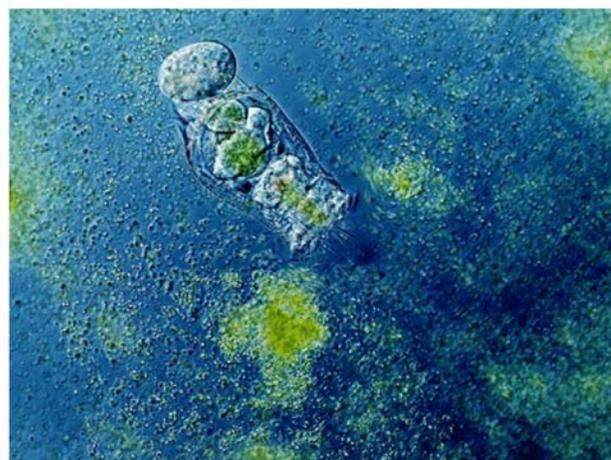
生物は環境の変動に対応して、柔軟に表現型を変化させていきます。そのような環境への迅速な適応が、個体数の減少や絶滅を防ぐことも起こり得ます。私たちの研究室では、数理モデル解析・培養実験・メタ解析を組み合わせ、迅速な進化や表現型可塑性といった形質の変化が個体数変動・群集構造に及ぼす影響と、進化と生態の間に働く複雑なフィードバックを研究しています。種内の遺伝的多様性と、生物群集内の種多様性の相互作用・類似性を調べることによって、生物多様性の包括的な理解を目指しています。

$$\Delta \bar{z} = h^2 \sigma^2 \left. \frac{\partial \ln w(z, \bar{z})}{\partial z} \right|_{z=\bar{z}}$$



$$\frac{dP}{dt} = P(eaN - d)$$

$$\frac{dN}{dt} = N(r - aP)$$



メンバー

准教授：山道 真人

特任研究員：柴崎 祥太

技術補佐員：青野 眞由美

過去のメンバー

特任研究員：川口 也和子

修士院生：森田 慶一

学部生：遠藤 智也・小泉 伊知郎

客員教員：Peter C. Zee, 伊東 啓

理論生態進化研究室

最近の研究

- Yamamichi M, Letten AD, Schreiber SJ (in press) Eco-evolutionary maintenance of diversity in fluctuating environments. *Ecology Letters*
- Yamamichi M, Gibbs T, Levine JM (2022) Integrating eco-evolutionary dynamics and modern coexistence theory. *Ecology Letters* 25: 2091-2106.
- Yamamichi M (2022) How does genetic architecture affect eco-evolutionary dynamics? A theoretical perspective. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 377: 20200504.
- Yamamichi M, Letten AD (2021) Rapid evolution promotes fluctuation-dependent species coexistence. *Ecology Letters* 24:812-818.
- Yamamichi M, Kyogoku D, Iritani R, Kobayashi K, Takahashi Y, Tsurui-Sato K, Yamawo A, Dobata S, Tsuji K, Kondoh M (2020) Intraspecific adaptation load: A mechanism for species coexistence. *Trends in Ecology & Evolution* 35: 897-907.

