さまざまな生物のゲノム情報解析と

データベース・ツール構築

大量遺伝情報研究室

- ₹中村保一教授
- ≨ 谷澤靖洋 助教
- ≆望月孝子 研究員
- ୬ 坂本美佳 研究員
- 豪 坂本直子 技術補佐員
- ቇ林史 技術補佐員
- ☀ 高田裕志 技術補佐員
- ♥ Dauyey Kaisar, D3 学生・OIST派遣・魚類ゲノム進化
- ¥Hanjie Mao, D3 学生・ネコ遺伝病因子解明
- ቇ藤澤貴智 研究員 (DDBJ・データベース部門長)
- ☀浅野さとみ 研究員 (DDBJ&先進ゲノム支援)



大量遺伝情報=ゲノムオーダーの生命情報解析を専門とする研究室です。研究室主宰 (PI) の中村はこれまで1998年に世界で初めて全ゲノムが決 定された独立栄養生物である藍藻シネコシスティスを皮切りに、2000年には世界初の高等植物シロイヌナズナの全ゲノム配列決定、その後種々 の植物、藍藻、根粒菌等の全ゲノム解析に関わりました。現在は更に幅をひろげ昆虫を対象とした解析や、2020年には最新技術を用いてイエネ コ(アメリカンショートへア種)の染色体レベルのゲノム配列を決定しました。また、国際塩基配列データベース連合体 INSDC の一員である日 本DNAデータバンク DDBJの運営にも関わっています。ゲノム解析やゲノムデータベースの構築、ゲノムデータ解析の効率化など、広く生命情報 の基盤情報の蓄積と再利用の促進をテーマとした研究を展開しています。



Press release

https://www.nig.ac.jp/nig/ja/2022/12/researchhighlights_ja/pr20221116.html

赤シソの高精度なゲノム配列情報を決定 ~デジタル育種に向けた基盤情報を取得~

DNA Research 2022 Nov 16 DOI:10.1093/dnares/dsac044

Press release

https://www.nig.ac.jp/nig/ja/2020/05/research

イエネコ(アメリカンショートへア種)の

~ゲノム獣医療への応用を目指して~

highlights_ja/pr20200522.html

高精度な全ゲノム解読に成功

BioRxiv Posted May 19, 2020.

DOI:10.1101/2020.05.19.103788



Felis catus

(イエネコ)



🗪 京都大学 MONASH University

Press release

https://www.nig.ac.jp/nig/ja/2017/10/research highlights_ja/20171006.html

陸上植物の祖先の特徴をもつ苔類ゼニゴケの 全ゲノム構造を解明

Cell 5 October 2017

DOI:/10.1016/j.cell.2017.09.



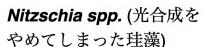
Gryllus bimaculatus

(コオロギ)









(ゼニゴケ)





Best Practices for Comprehensive Annotation of Neuropeptides of Gryllus bimaculatus

フタホシコオロギ神経ペプチドの包括的な アノテーションのためのベストプラクティス Insects 25 Jan 2023

DOI: 10.3390/insects14020121

highlights ia/pr20220430.html 光合成を止めた藻類の100年の謎解く

https://www.nig.ac.ip/nig/ia/2022/05/research

全ゲノム解読に成功 ―「植物 – 光合成 = 動物」ではない― Science Advances 2022 8, eabi5075 DOI:10.1126/sciadv.abi5075



https://marchantia.info/



https://cat.annotation.jp/



https://dfast.ddbj.nig.ac.jp/