

文部省

# 国立遺伝学研究所要覧

NATIONAL INSTITUTE OF GENETICS

## 1995

GGATCCCAGCCTTTCCCCAGC  
 CCGTAGCCCCGGGACCTCCGC  
 GGTGGGCGGGCGCCGCGCTGCC  
 GGCGCAGGGAGGGCCTCTGGT  
 GCACCGGCACCGCTGAGTCGG  
 GTTCTCTCGCCGGCCTGTTCC  
 CGGGAGAGCCCGGGGCCCTGC  
 TCGGAGATGCCGCCCCGGGCC  
 CCCAGACACCGGCTCCCTGGC  
 CTTCTCGAGCAACCCCGAGC  
 TCGGCTCCGGTCTCCAGCCAA  
 GCCC AACCCCGAGAGGCCGCG  
 GCCCTACTGGCTCCGCTCCC  
 GCGTTGCTCCCGGAAGCCCCG

TGGTTGCAGCTGCACAGGTAGGCACGCTGCAGTCTTTGCTGCCTGGCGT  
 TGGGGCCAGGGACCGCTGTGGGTTTGCCTTCAGATGGCCCTGCCAGCA  
 GCTGCCCTGTGGGCTGGGCTGGGCTGGGCTGGCTGAGCAGGGCCC  
 TCCTTGGCAGGTGGGGCAGGAGACCTGTAGGAGGACCCGGGGCCGAGG  
 CCCCTGAGGAGCGATGACGGAATATAAGCTGGTGGTGGTGGGCGCCGGC  
 GTGTGGGCAAGAGTCCGCTGACCATCCAGCTGATCCAGAACCATTTTGTG  
 GACGAATACGACCCCACTATAGAGGTAGCCTAGCCGCCCGCCCTCCAGGTG  
 CCAGCAGCTGCTGGGGCGAGCCAGGACACAGCCAGGATAGGGCTGGCT  
 GCAGCCCCCTGGTCCCTGCATGGTGTGTGGCCCTGTCTCTGTCTCTC  
 TAGAGGAGGGGAGTCCCTCGTCTCAGCACCCAGGAGAGGAGGGGGCATG  
 AGGGGCATGAGAGGTACCAGGGAGAGGCTGGCTGTGTGAATCCCCCAC  
 GGAGGTCTGAGGGGGTCCCTGAGCCCTGTCTCTGAGGATTCCTAC  
 CGAAGCAGGTGGTCATTGATGGGGAGACGTGCCTGTTGGACATCCTGGA  
 TACCGCCGGCCAGGAGGAGTACAGCCCATGCGGGACCAGTACATGCGCA  
 CCGGGGAGGGCTTCTGTGTGTGTTTCCCATCAACAACCAAGTCTTTT  
 GAGGACATCCACCAGTACAGGTGAACCCCGTGAAGCTGGCCCGGGAGCCC  
 ACCCCGCACAGGTGGGGCCAGGCCGGTGCCTCAGGCAGGGGGCTCCTG  
 TCCTCTCTGCGCATGTCTGGATGCCGCTGGCCCTGCAGCCCCGTAAGC  
 AGTCTCGCTTTCCACCTCTCAGGGAGCAGATCAACCGGTGAAGGACTC  
 GGATGACGTGCCATGGTGTGGTGGGAAACAAGTGTGACCTGGCTGCAC  
 GCCTGTGGAATCTCGGCAGGCTCAGGACCTCGCCCCGAAAGCTACGGCATC  
 CCTACATCGAAGCCTCGGCCAAGACCCCGCAGGTGAGGCAGCTCTCCAC  
 CCCACAGCTAGCCAGGGACCCCGCCCGCCCGCCAGCCAGGGAGCAGC  
 ACTCACTGACCTCTCCCTTACACAGGGCAGCCGCTCTGGCTCTAGCTC  
 CAGCTCCGGGACCTCTGGGACCCCGGGACCCCATGTGACCCAGCCGGCC  
 CCTCGACTGTAGTCTCCGGGACCGCAGGGCAGTGAAGGAGCCGAGGG  
 CCGGGGTCTGGGCTCACGCCCTGCAGTCTGGGCCGACACAGCTCCGGGG  
 AAGGGGAGGTCTTGGGGAGAGCTGCCCTGAGCCAGGGCCGGAGGGGTGA  
 CCCTGGGGCCCGCCCTCTTGTCCCCAGAGTGTCCCAGGGCACCTGTT  
 GGTCTGAGCTTTAGTGGGGCTACTGGGGACAGGGCCGTAGCTGAGTCG  
 AGAGCTGGGTGACGGGTGGTCAAACCTGGCCAGACCTGGAGTTGAGGAG

AACCTGAGATTTATAATGCTATATGACTTATTTTCCAAGATTAAAAAGCTT  
 CATTAGGTTGTTTTGGATTGATAGAGCATAAGCATAATCATCCAAAGC  
 TCCTAGGCTACATTAGGTGTGTAAAGCTACCTAGTAGTTGTGCCAGTTAA  
 GAGAGAATGAACAAAATCTGGTCCAGAAAAGAGCTTGTGCCAGGGTGAAT  
 CCAAGCCCGAATAATAATAGGATTTAAGGGGACACAGATGCAATCCCAT  
 GACTCAAATCTATTAATCAAGAGAAATCTGCTCTAACTACCCCTCTG  
 AAAGATGTAAAGGAGACAGCTTACAGATGTACTCTAGTTAATCAGAGC  
 CACATAATGCAACTCCAGCAACATAAAGATACTAGATGCTTTTTCTGAA  
 GAAAATTTCTCCACATGTTCTGCCAAAACTTAAACCCGAATTTGTAG  
 AATTTGTAGTGGTGAATGAAAAGCGCAATAGATGGAATATCAGGGGATT  
 GGTATTGCTTGGACCTACCTTTCCACATAAAGAGTGTAGAAAAGATGAGA  
 TTATGTGCATAATTTAGGGGGTGGTAGAATTCATGGAATCTAAGTTTGA  
 AACCAAAAAGTAATGATAAACTCTATTCAATTTGTTCAATTAACCCCTCAT  
 CACATTTACAAAAGATTTTAGAAAATAATAAAAATATTTGATTCCAAAGG  
 TGCTATGTTAATGCTATAATGAGAAAAGAAATGAAATCTAATCTGGCTCT  
 ACCACTTATGTGGTCAAATCTGAGATTTAGTGTGCTTATTTATAAAGT  
 GGAGATGATACTTCACTGCCTACTTCAAAGATGACTGTGAGAAGTAAAT  
 GGGCCTATTTTGGAGAAAATCTTTTAAATTTGTAATATACCATAGAAATA  
 TGAAATATTATATATAATATAGAAATCAAGAGGGCTGTCCAAAAGTCTCC  
 CAAAATTTATAAATCTTTTATTTCACTGGGACAAAATTTTAAAAATGCA  
 TCTTAATGTAAGTATTGTAGAAAAGTAAAATTTAAGACATATTTAAAAAT  
 GTGTCTTGCTCAAGGCTATATTGAGAGCCACTACTACATGATTATTGTTA  
 CCTAGTGTAAAATGTTGGGATTGTGATAGATGGCATTCAAGAGTTCTTTC  
 TCTCTCAACATTTCTGTGATTTCTTAACCTTAGACTATCAATATTTAAT  
 CATAGAATGTGATTTTATGCTTCCACATTTCTAACTCATCTGGTTCTAAT  
 GATTTTCTATGCAGATTTGGAAAAGTAACTCAGCCTGCATCTGTGATAGGCA  
 CTTACGATGCAGAAAAGTCTAACATTTTCAAAGCCAAAATTAAGCTAAAAA  
 CAGTGAGTCAACTATCACTTACCGCTAGTCATAGGTACTTGAGCCCTAGT  
 TTTTCCAGTTTTATAATGTAACCTACTGGTCCATTCTTTACAGTGACA  
 TTGAGAACAGAGAGAATGGTAAAAACTACATACCTGCTACTCCAAATAAAA  
 TAAATTTGAAATTAATTTCTGATTCTGACCTCTATGTAACCTGAGCTGAT

TTAATCAACAAATCTAAACAT  
 TTATTCTTTTTCATCTGTTTAC  
 TCTTGCTCTTGTTCCACCACAA  
 TATGCTATTACATGTTCCAGT  
 GTAGTTTTTATGACAAAGAAAA  
 TTTTCTGAGTTACTTTTGTAT  
 CCCCACCCCTTAAAGAAAGG  
 AGGAAAAACTGTTTCATACAG  
 AAGGCGTTAATTGCATGAATT  
 AGAGCTATCACCTAAGTGTGG  
 GCTAATGTAACAAAGAGGGAT  
 TTCACCTACATCCATTCAGTC  
 AGTCTTTGGGGGTTTAAAGAA  
 TTCCAAAGAGTCATCAGAAGA

## 目次

はじめに	1
研究所全景	2
沿革	4
概要	6
組織	7
運営	8
構成員	10
定員及び予算	13
研究のねらいと研究活動	14
共同研究	46
科学研究費補助金	50
民間等との共同研究	51
国際交流	52
行事	53
研究を促進するための活動	54
大学院教育協力	54
総合研究大学院大学生命科学研究科 遺伝学専攻の概要	55
位置図	58

### 表紙説明：

高等脊椎動物の分裂中期の染色体には、GやRと呼ばれるバンド構造が観察されます。このバンド構造形成には、ゲノム領域の塩基組成の差が関わっていることがわかってきました。図の上段には、Rバンド領域に位置しGとC塩基に富むヒトHRAS癌遺伝子の塩基配列が、下段にはGバンド領域に位置しAとT塩基に富むヒトIL4インターロイキン遺伝子の塩基配列がそれぞれ示されています。

## はじめに

遺伝学研究所は遺伝に関する基礎的研究をつかさどり、あわせて遺伝学の指導、連絡及び促進を図ることを本務として、1949年（昭和24年）に設置され、創立以来45年になりました。11年前（昭和59年度）には大学共同利用機関に改組されました。この間、本研究所は客員研究部門を含めて15研究部門及び5研究施設を擁するまでに成長し、国内外から数多くの研究者を受け入れて共同研究の成果をあげるとともに、毎年十数件の研究集会を開催して研究交流を促進しています。さらに1988年（昭和63年）には7つの大学共同利用機関を母体とする総合研究大学院大学の開学に伴い、生命科学研究科の遺伝学専攻を担当することとなり、現在では30人を超える博士課程の学生を受け入れるに至りました。

本研究所は、創設以来積み重ねられた多くの優れた研究実績によって、我が国の遺伝学研究の中心となるとともに、世界的にも特徴のある重要な研究所として広く知られるようになりました。近年、遺伝学は急速な展開を示し、新しい考え方と研究方法を通じて、生物学に大きな変革をもたらしました。本研究所はそれに対応して研究部門を充実するとともに、DNA情報の研究と利用のための部門や実験生物保存のための部門を拡充し、国内外の研究活動の支援を図ってまいりました。私どもは、学問の流れや社会の要請を考慮しつつ、しかも主体的に研究や事業を進め、研究所の一層の発展を目指したいと思えます。皆様方の御理解と御協力をお願いする次第です。



国立遺伝学研究所長

富澤純一

# 研究所全景



土地総面積	105,312㎡
内訳	
{ 研究所敷地	96,069㎡
{ 宿舍敷地	9,243㎡
建物総面積(建面積)	11,843㎡
延面積	23,505㎡
	(平成7年6月1日現在)

- ① 本館
- ② 放射線実験棟
- ③ 特別蚕室
- ④ 研修室
- ⑤ 孵卵育雛舎
- ⑥ ファイロン温室
- ⑦ ファイロン温室
- ⑧ 堆肥舎
- ⑨ 麦温室
- ⑩ 図書館
- ⑪ 第1ネズミ飼育室
- ⑫ 内部照射実験棟
- ⑬ 遺伝実験生物保存研究棟
- ⑭ 機械棟
- ⑮ 廃棄物保管庫
- ⑯ ネズミ附属棟
- ⑰ カイコ附属棟
- ⑱ 微生物附属棟
- ⑲ 排水処理棟
- ⑳ 組換え DNA 実験棟
- ㉑ 野生イネ温室
- ㉒ 動物飼育装置上置
- ㉓ 実験圃場管理棟
- ㉔ 日長調節装置
- ㉕ 遺伝情報研究センター棟
- ㉖ 隔離温室
- ㉗ 水田温室
- ㉘ 桑温室
- ㉙ RI 実験棟
- ㉚ 中央機械室
- ㉛ ペレット温室
- ㉜ 研究員宿泊施設
- ㉝ 研究実験棟

# 沿 革

## 【組 織】

- 昭和24年6月1日 文部省設置法により文部省所轄研究所として設置。庶務部、研究第1部、研究第2部及び研究第3部の4部門で発足
- 8月10日 小熊 捍 初代所長就任
- 昭和28年1月1日 研究第1部から第3部をそれぞれ形質遺伝部、細胞遺伝部、生理遺伝部に改組
- 8月1日 生化学遺伝部設置
- 昭和29年7月1日 応用遺伝部設置
- 昭和30年9月15日 変異遺伝部設置
- 10月1日 木原 均 第2代所長就任
- 昭和35年4月30日 人類遺伝部設置
- 昭和37年4月1日 微生物遺伝部設置
- 昭和39年4月1日 集団遺伝部設置
- 昭和44年4月1日 森脇大五郎 第3代所長就任、分子遺伝部設置
- 昭和49年4月1日 植物保存研究室設置
- 昭和50年3月1日 田島彌太郎 第4代所長就任
- 10月1日 遺伝実験生物保存研究施設（動物保存研究室）設置
- 昭和51年10月1日 遺伝実験生物保存研究施設（微生物保存研究室）設置
- 昭和58年10月1日 松永 英 第5代所長就任
- 昭和59年4月12日 国立学校設置法の一部改正により大学共同利用機関に改組。遺伝実験生物保存研究センター（哺乳動物保存・無脊椎動物保存・植物保存・微生物保存・遺伝資源の5研究室）、遺伝情報研究センター（構造・組み換えの2研究室）、実験圃場設置
- 昭和60年4月1日 生理遺伝及び応用遺伝の2客員研究部門設置  
遺伝情報研究センター（合成・遺伝情報分析の2研究室）設置
- 昭和62年1月12日 日本DNAデータバンク稼働
- 昭和63年4月8日 放射線・アイソトープセンター設置  
遺伝情報研究センター（遺伝子ライブラリー研究室）設置
- 平成元年10月1日 富澤純一 第6代所長就任
- 平成5年4月1日 遺伝実験生物保存研究センター（発生工学研究室）設置
- 平成6年6月24日 遺伝情報研究センター（遺伝子機能研究室）設置
- 平成7年4月1日 生命情報研究センター設置  
（大量遺伝情報・分子分類の2研究室新設、遺伝情報分析・遺伝子機能の2研究室振替）

## 【施設】

- 昭和27年3月 別館新築
- 昭和36年9月 研究本館第1期第1次工事竣工
- 昭和38年1月 研究本館第1期第2次工事竣工
- 昭和39年3月 研究本館第1期第3次工事竣工
- 昭和43年3月 研究本館第2期工事竣工，研究本館計画完成
- 昭和46年3月 図書館新築
- 昭和47年3月 ネズミ飼育舎新築
- 昭和53年7月 遺伝実験生物保存研究施設研究棟新築
- 昭和55年5月 遺伝実験生物保存研究施設ネズミ附属棟，カイコ附属棟新築
- 昭和56年3月 遺伝実験生物保存研究施設微生物附属棟新築
- 昭和58年3月 排水処理施設新築
- 昭和59年3月 組換えDNA実験棟，野生イネ温室新築
- 昭和60年3月 実験圃場管理施設新築
- 昭和62年1月 遺伝情報研究センター棟，隔離温室，日長調節装置新築
- 3月 水田温室，桑温室新築
- 昭和63年12月 RI実験棟，中央機械室，RI排水処理施設新築
- 平成4年5月 研究員宿泊施設新築
- 平成7年3月 研究実験棟新築



研究所正門

# 概 要

## 【目的】

大学等における学術研究の発展に資するため、国立学校設置法（昭和24年5月31日法律第150号）第9条の2に基づき、遺伝学に関する総合研究を行うことを目的として設置された、大学共同利用機関である。

## 【共同利用】

全国の大学の教員その他の者で、研究所の目的たる研究と同一の研究に従事する者の利用に供するとともに、共同研究を行う。

## 【大学院教育】

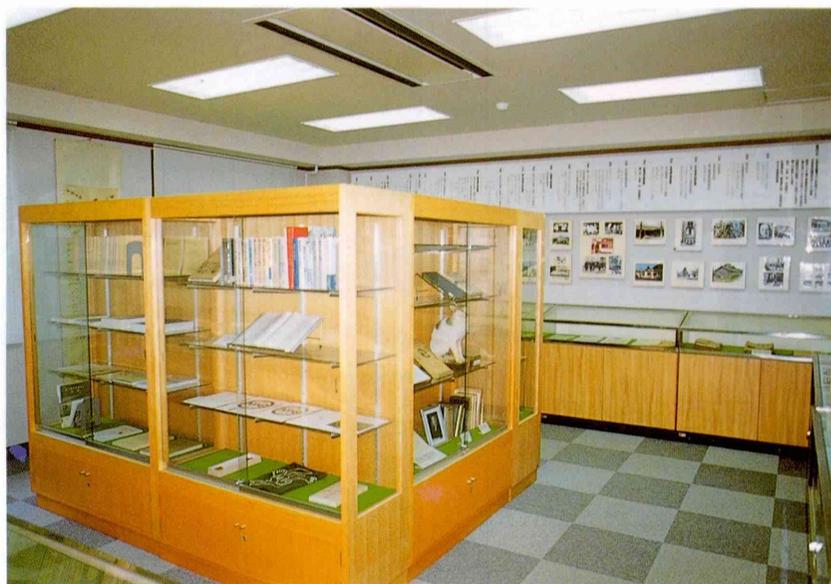
大学の要請に応じ、当該大学の大学院における教育に協力する。

## 【国際交流】

遺伝学分野で国際的な学術交流を活発化するため、研究者の交流や国際シンポジウム等を開催する。

## 【運営】

大学共同利用機関の研究所として円滑な運営を行うため、研究所の事業計画その他の管理運営に関する重要事項について、所長に助言する評議員会を置くとともに、共同研究計画に関する事項その他の研究所の運営に関する重要事項で、所長が必要と認めるものについて所長の諮問に応じる運営協議会を置く。また、所長の求めに応じ必要な事項について調査・検討を行うため、所内に各種委員会を置く。

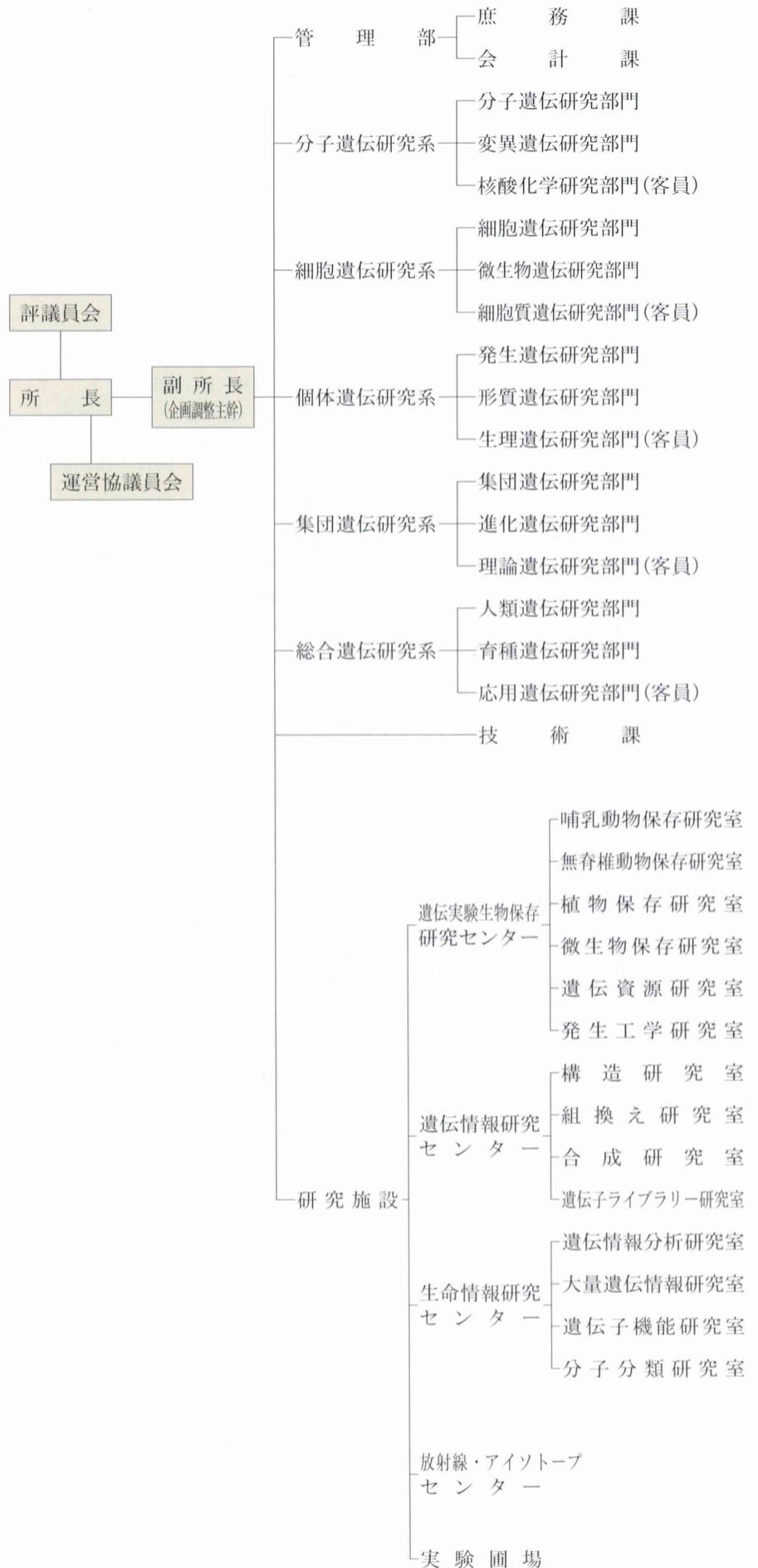


資料室

# 組 織

## 【組織図】

(平成7年4月1日現在)



# 運 営

## 【評議員会】

研究所の事業計画その他の管理運営に関する重要事項について、所長に助言する。

### 評 議 員 (五十音順)

大 崎 仁  
日本学術振興会理事長

大 澤 省 三  
㈱生命誌研究館顧問

加 藤 延 夫  
名古屋大学長

京 極 好 正  
大阪大学教授 (蛋白質研究所)

○菅 野 晴 夫  
㈱癌研究会癌研究所名誉研究所長

杉 村 隆  
東邦大学長

高 浪 満  
㈱かずさ DNA 研究所長

竹 内 郁 夫  
岡崎国立共同研究機構長

田 中 隆 莊  
広島市立大学長

豊 島 久真男  
大阪府立成人病センター総長

◎長 倉 三 郎  
㈱神奈川科学技術アカデミー理事長

野 島 庄 七  
東京大学名誉教授

野 村 達 次  
㈱実験動物中央研究所長

濱 井 修  
東京大学教授 (文学部)

平 紗 多賀男  
大阪府立大学長

松 原 謙 一  
大阪大学細胞生体工学センター長

三 浦 謹一郎  
学習院大学生命分子科学研究所長

宮 本 美沙子  
日本女子大学長

毛 利 秀 雄  
岡崎国立共同研究機構基礎生物学研究所長

山 縣 弘 忠  
近畿大学教授 (生物理工学部)

## 【運営協議委員会】

共同研究計画に関する事項その他の研究所の運営に関する重要事項で、所長が必要と認めるものについて、所長の諮問に応じる。

### 運営協議員

#### 所 外 (五十音順)

石 和 貞 男 お茶の水女子大学教授 (理学部)

磯 野 克 己 神戸大学教授 (理学部)

大 石 道 夫 通産省工業技術院  
生命工学工業技術研究所長

○岡 田 益 吉 筑波大学名誉教授

郷 通 子 名古屋大学教授 (理学部)

高 木 信 夫 北海道大学教授  
(大学院地球環境科学研究科)

武 部 啓 京都大学教授 (医学部)

花 岡 文 雄 大阪大学教授  
(細胞生体工学センター)

日 向 康 吉 東北大学教授 (農学部)

堀 田 康 雄 奈良先端科学技術大学院大学教授  
(バイオサイエンス研究科)

#### 所 内 (編成順)

石 浜 明 教授 (分子遺伝研究系)

◎瀬 野 悍 二 教授 (分子遺伝研究系)

堀 内 賢 介 教授 (細胞遺伝研究系)

杉 山 勉 教授 (個体遺伝研究系)

廣 瀬 進 教授 (個体遺伝研究系)

原 田 朋 子 教授 (集団遺伝研究系)  
(太 田)

池 村 淑 道 教授 (集団遺伝研究系)

今 村 孝 教授 (総合遺伝研究系)

沖 野 啓 子 教授 (総合遺伝研究系)  
(森 島)

中 辻 憲 夫 教授 (遺伝実験生物保  
存研究センター)

五 條 堀 孝 教授 (生命情報研究  
センター)

◎印は会長、○印は副会長を示す。

## 【各種委員会】

所長の求めに応じ必要な事項について調査検討する。

### 委員会名 委員長

系統保存委員会	沖野啓子 (森島)
DNAデータ研究利用委員会	池村淑道
組換えDNA実験安全委員会	廣瀬進
予算委員会	堀内賢介
施設整備委員会	今村孝
将来計画委員会	石浜明
セミナー委員会	齊藤成也
図書委員会	池村淑道
共通機器委員会	廣瀬進
電子計算機委員会	五條堀孝
放射線安全委員会	堀内賢介
発明委員会	舘野義男
データベース等取扱い委員会	原田朋子 (太田)
動物実験委員会	中辻憲夫
排水等処理委員会	杉山勉
実験圃場運営委員会	沖野啓子 (森島)
宿舎委員会	中辻憲夫
厚生安全委員会	河野憲司
防火管理委員会	河野憲司
宿泊施設利用委員会	沖野啓子 (森島)

### 系統保存委員会

#### 所外委員（五十音順）

岩槻邦男	立教大学教授（理学部）
岡田益吉	筑波大学名誉教授
木下俊郎	光塩学園女子短期大学教授
菅原秀明	理化学研究所ライフサイエンス研究情報室長
常脇恒一郎	福井県立大学教授 (生物資源学部)
中田篤男	福山大学教授（薬学部）
野村大成	大阪大学教授（医学部）
山根國男	筑波大学教授 (生物科学系)
山村研一	熊本大学教授（医学部）
渡辺隆夫	京都工芸繊維大学教授 (繊維学部)

### DNAデータ研究利用委員会

#### 所外委員（五十音順）

伊藤彬	財団法人癌研究所 物理部長
磯野克己	神戸大学教授（理学部）
鶴川義弘	農業生物資源研究所 DNA管理情報科長
小野新次郎	通産省特許庁 総務部特許情報課長
大井龍夫	京都女子大学教授 (家政学部)
金久實	京都大学教授 (化学研究所)
郷通子	名古屋大学教授（理学部）
菅原秀明	理化学研究所ライフサイエンス研究情報室長
高木利久	東京大学教授 (医科学研究所)
高浪満	財団法人DNA研究所長
水島洋	国立がんセンター研究所がん遺伝 情報研究センター研究部長
吉川寛	奈良先端科学技術大学院大学教授 (バイオサイエンス研究科)

### 組換えDNA実験安全委員会

#### 所外委員（五十音順）

青木久尚	日本大学教授 (国際関係学部)
大泉光一	日本大学教授 (国際関係学部)

# 構 成 員

(平成7年7月10日現在)

所 長 富 澤 純 一  
副 所 長 瀨 野 悍 二  
企画調整主幹(併)

## 分子遺伝研究系

研究主幹(併) 石 浜 明

### 分子遺伝研究部門

教 授 石 浜 明  
助 手 藤 田 信 之

### 核酸化学客員研究部門

客員教授 森 川 耿 右  
(聯蛋白工学研究所研究部長)  
客員助教授 山 岸 正 裕  
(愛知県がんセンター主任研究員)

## 細胞遺伝研究系

研究主幹(併) 堀 内 賢 介

### 細胞遺伝研究部門

教 授 小 川 智 子  
助 教 授 今 井 弘 民  
助 手 後 藤 英 夫

### 細胞質遺伝客員研究部門

教 授(併) 大 坪 榮 一  
(東京大学分子細胞生物学研究所)  
教 授(併) 山 村 研 一  
(熊本大学医学部附属遺伝発生医学研究施設)

## 個体遺伝研究系

研究主幹(併) 杉 山 勉

### 発生遺伝研究部門

教 授 杉 山 勉  
助 教 授 藤 澤 敏 孝  
助 手 清 水 裕  
助 手 服 田 昌 之

### 生理遺伝客員研究部門

教 授(併) 宗 岡 洋 二 郎  
(広島大学総合科学部)  
助 教 授(併) 奥 村 克 純  
(三重大学生物資源学部)

## 集団遺伝研究系

研究主幹(併) 池 村 淑 道

### 集団遺伝研究部門

教 授 原 田 朋 子  
(太 田)  
助 手 高 野 敏 行  
助 手 伊 奈 康 夫

### 理論遺伝客員研究部門

教 授(併) 高 畑 尚 之  
(総合研究大学院大学教育研究交流センター)  
助 教 授(併) 館 田 英 典  
(九州大学理学部)

### 変異遺伝研究部門

教 授 瀨 野 悍 二  
助 教 授 山 尾 文 明  
助 手 岸 努  
助 手 清 野 浩 明

### 微生物遺伝研究部門

教 授 堀 内 賢 介  
助 教 授 安 田 成 一 志  
助 手 原 弘 志  
助 手 東 谷 篤 志

### 形質遺伝研究部門

教 授 廣 瀬 進  
助 教 授 村 上 昭 雄  
助 手 湊 清  
助 手 山 田 正 明  
助 手 上 田 均

### 進化遺伝研究部門

教 授 池 村 淑 道  
助 教 授 齋 藤 成 也  
助 手 松 本 健 一  
助 手 天 前 豊 明

## 総合遺伝研究系

研究主幹(併) 今村 孝

### 人類遺伝研究部門

教授 今村 孝

助教授 藤山 秋佐夫

助教授 寶来 聰

助手 出原 賢治

### 応用遺伝客員研究部門

教授(併) 島本 義也

(北海道大学農学部)

助教授(併) 佐々木 裕之

(九州大学遺伝情報実験施設)

### 育種遺伝研究部門

教授 沖野 啓子

助手 平野 博之

## 遺伝実験生物保存研究センター

センター長(併) 中辻 憲夫

### 哺乳動物保存研究室

助教授 城石 俊彦

助手 小出 剛

### 無脊椎動物保存研究室

助教授 林 茂生

助手 後藤 聡

### 植物保存研究室

助手 伊藤 幸博

### 微生物保存研究室

助教授 西村 昭子

助手 金丸 研吾

### 遺伝資源研究室

助教授 山崎 由紀子

助手 藤田 昌也

### 発生工学研究室

教授 中辻 憲夫

助手 白吉安 昭

## 遺伝情報研究センター

センター長(併) 桂 勲

### 構造研究室

助教授 嶋本 伸雄

助手 永井 宏樹

### 組換え研究室

教授 桂 勲

助手 石原 健

### 合成研究室

### 遺伝子ライブラリー研究室

助教授 小原 雄治

助手 安達 佳樹

## 生命情報研究センター

センター長(併) 五條堀 孝

### 遺伝情報分析研究室

教授 五條堀 孝

助手 池尾 一穂

助手 今西 規

### 遺伝子機能研究室

教授 舘野 義男

### 大量遺伝情報研究室

### 分子分類研究室

## 放射線・アイソトープセンター

センター長(併) 定家 義人

助教授 定家 義人

## 実験圃場

圃場長(併) 沖野啓子  
(森島)

## 管理部

管理部長 河野憲司

### 庶務課

課長 佐藤 繁  
課長補佐 岩城 英一  
庶務係長 酒井 清人  
人事係長 大川 淑子  
研究協力係長 山本 勉  
共同研究係長 秋山 啓剛  
情報資料係長 大沢 正男

### 会計課

課長 田村 光男  
課長補佐 大野 修  
総務係長 八木 悟司  
経理係長 引地 光夫  
用度係長 板倉 幸男  
管財係長 滝田 公一  
施設係長 前田 佳宏

## 技術課

課長 三田 旻彦

### 動物班

班長 原田 和昌  
第一技術係長 深瀬 与惣治  
第二技術係長 榊原 勝美

### 機器班

班長 原 雅子  
第一技術係長 谷田 勝教  
第二技術係長 井出 正美

### 植物・微生物班

第一技術係長 妹尾 治子  
第二技術係長 原 登美雄

# 定員及び予算

## 【定員】 (平成7年度)

所長	教授	助教授	助手	小計	技官 (技術課)	事務職員等 (管理部)	合計
1	17(5)	19(5)	35	72(10)	18	23	113(10)

(注) ( ) 内の数は客員研究部門の教官数 (外数) である。

## 【歳出予算】

平成7年度当初 (項) 研究所

(単位: 千円)

人	件	費	774,224
物	件	費	1,554,468
合		計	2,328,692



ミシマザクラ (三島桜)

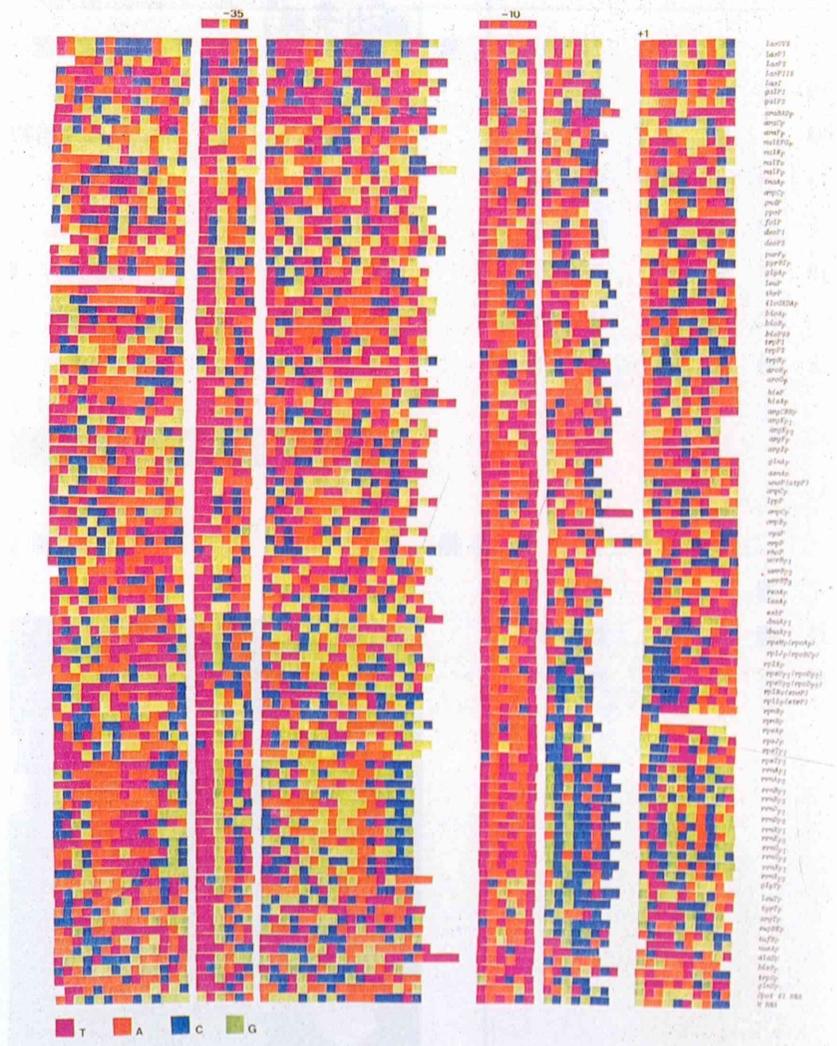
*P. × yedoensis* Matsum. cv. Mishimazakura

「ミシマザクラ」は、竹中博士 (遺伝研) が「ソメイヨシノ」の起源の研究の途中、三島市谷田城の内にあった「ソメイヨシノ」の実生から生まれた。形質的には「オオシマザクラ」に近い。枝は横に広がらず立性。竹中は育成地に因んで「ミシマザクラ」と名をつけ、大井「日本桜集」によって学名が付けられた。葉には表裏ともに短毛があり、葉柄にも毛がある。香りが僅かにある。花柱と子房には数本の毛がみられる。萼片は長卵状三角形で基部に鋸歯があって有毛。

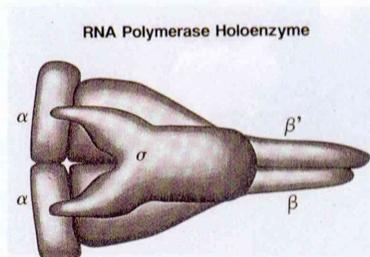
# 研究のねらいと 研究活動

1. 分子遺伝研究部門では、原核細胞、真核細胞及び動植物ウイルスにおける遺伝情報の転写とその制御の機構を分子レベルで研究している。
2. 変異遺伝研究部門では、細胞周期の制御機構や、突然変異誘発機構とそれを修復する細胞機構を分子レベルで研究している。
3. 核酸化学客員研究部門では、核酸の構造及び機能の化学的研究を基盤として、染色体の複製や発現制御機構の解明をめざしている。

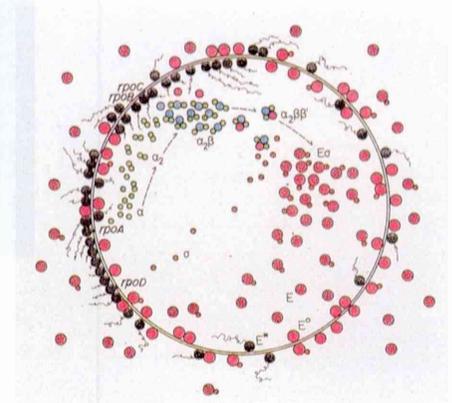
## 分子遺伝研究系



転写開始の信号プロモーターには、RNA 合成開始点上流域 DNA に共通構造がある。



大腸菌 RNA ポリメラーゼの分子構造模型



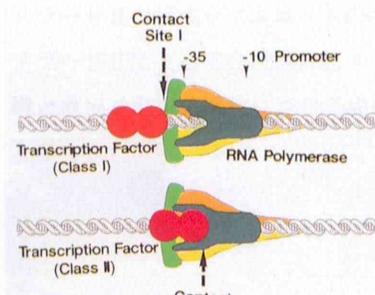
大腸菌 RNA ポリメラーゼの構造形成機構

## 【分子遺伝研究部門】

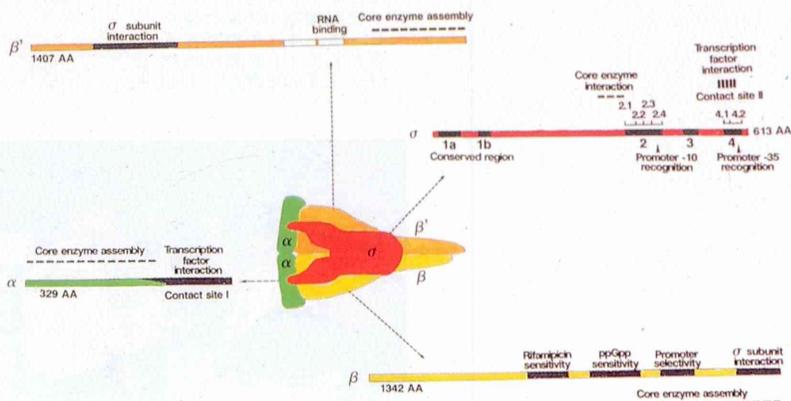
遺伝子は、細菌（大腸菌）でも数千、ヒトではその100~1,000倍もあると推定されている。ところが、そのうちで普段発現されているものは、大腸菌では数十%以下、ヒトでは、1%以下である。生物が、その生活環境に応じて、どの遺伝子を、どれ程に発現させるかを決める調節のしくみを分子の水準で理解することは、分子遺伝学の究極の目標のひとつである。分子遺伝研究部門では、遺伝子の発現が主に、遺伝子が転写されてRNAができる段階で調節されることに注目し、遺伝子間の転写順位の決定とその変換の機構の解明を目的とした研究を行っている。

- (1) 原核生物の転写制御の研究：転写装置 RNA ポリメラーゼの機能変換によって転写が制御される機構の解明を目標として、大腸菌の RNA ポリメラーゼの分子解剖や、RNA ポリメラーゼと転写因子の相互作用機構の解析が進められている。
- (2) 真核生物の転写制御の研究：真核生物の転写装置の分子の実体を解明する目的で、酵母の RNA ポリメラーゼの構成サブユニット遺伝子のクローニングと構造解析、サブユニット混合物から酵素を再構成する試みが行われている。
- (3) ウイルスの転写制御の研究：動植物ウイルスの転写と複製の制御を解明する目的で、ウイルス RNA ポリメラーゼの分子解剖による実体の解析と、感染細胞におけるその構造と機能の変動の様相が、分子の水準で解析されている。

## 分子遺伝研究系



転写因子は RNA ポリメラーゼを活性化する。RNA ポリメラーゼ分子の上に 2ヶ所、転写因子との接触部位が同定された。

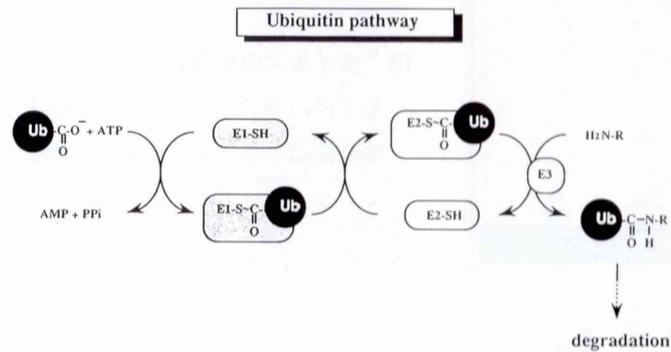


RNA ポリメラーゼの構成部品サブユニットごとに、機能地図がつくられている。

## 【変異遺伝研究部門】

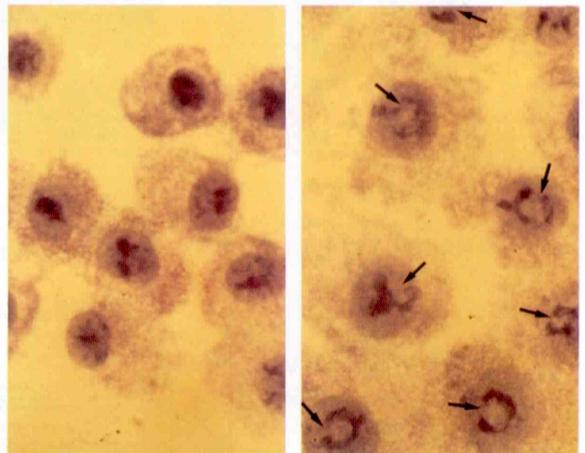
当研究部門では、動物培養細胞や酵母を材料に分子生物学の方法論を用い、細胞の増殖機構の研究を、細胞周期や染色体の構造と機能との関連で進めている。

- (1) ユビキチン代謝と細胞周期の制御：ユビキチンは76個のアミノ酸からなる真核細胞に特有な蛋白質であるが、一連の代謝を経て種々の蛋白質に結合し、蛋白質の機能修飾を行う。当研究部門では、ユビキチン活性化の最初の反応を触媒する E1 酵素の温度感受性変異株をマウス細胞から分離しているが、それらが細胞周期上多様な条件致死表現型を示すことに注目し、細胞周期進行におけるユビキチン化蛋白質の役割を解明しつつある。
- (2) 染色体 DNA の複製と安定維持機構に対するユビキチン化蛋白質の役割：ユビキチン活性化酵素 E1 の変異株の中には DNA 複製に異常を示すものがあり、しばしば染色体異常を伴う。また、G2 期に停止する変異株においては核小体の代謝異常を示すものがあり、ユビキチン化をうける蛋白質因子の役割を解明しようとしている。



## 分子遺伝研究系

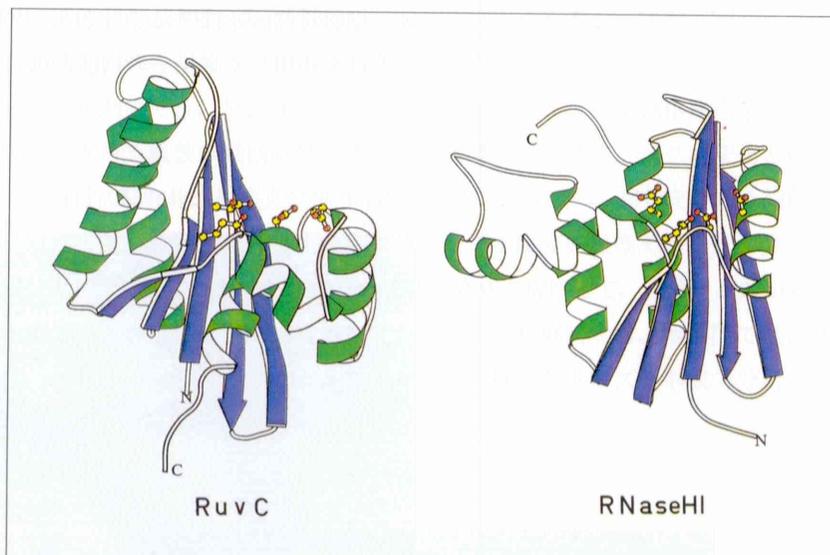
ユビキチン系の乱れにより細胞周期 G2 期に停止し、核小体に形態異常をきたした E1 変異株細胞 (右) とその正常細胞 (左)



## 【核酸化学客員研究部門】

DNA または RNA ゲノムの複製・転写・翻訳の機構とその制御が、分子論的・構造論的立場から研究されている。

本年度は、1) 細胞の増殖と分化を特徴づける遺伝子の発現制御機構、および 2) DNA ゲノムの複製・修復に関与する蛋白質や蛋白質・核酸複合体の X 線結晶構造の解析が進められている。

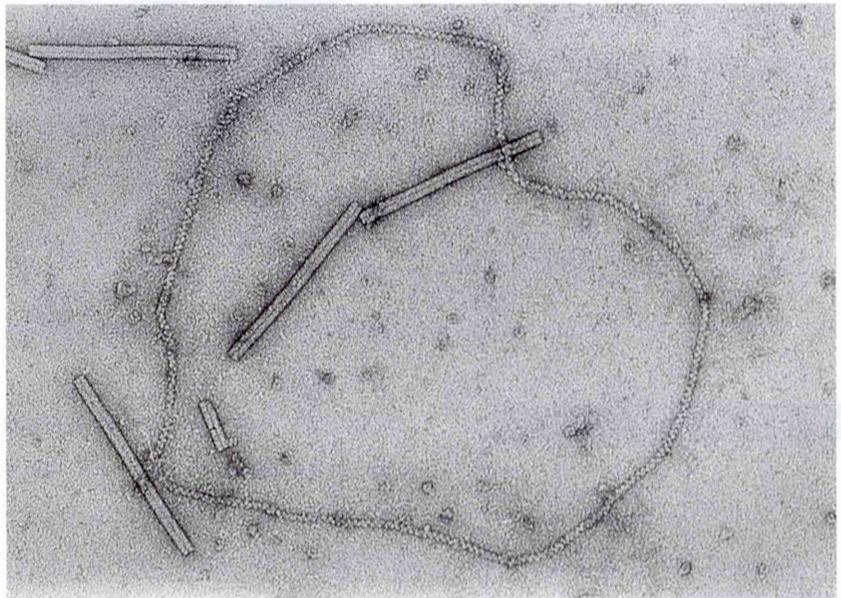


大腸菌 RuvC エンドヌクレアーゼとリボヌクレアーゼ HI の X 線結晶構造。

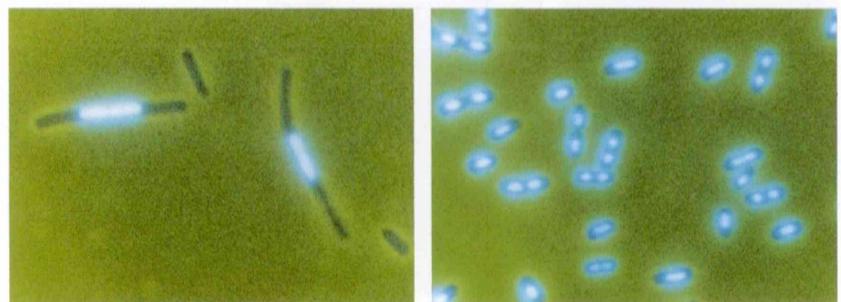
## 分子遺伝研究系

また、3) 真核生物転写装置の機能を明らかにするため、酵母の RNA ポリメラーゼ II の構成サブユニットの機能を明らかにする試みと 4) RNA ポリメラーゼ II によって合成されるメッセンジャー RNA のキャップ形成の調節機構と遺伝子発現の系路におけるキャップの機能に関する研究が行われている。

1. 細胞遺伝研究部門では、生物の種の保存と生命の維持に関わる遺伝現象を細胞生物学的に解析する。特に、両親に由来する遺伝因子の分配に関わる遺伝的組換えの機構とその制御を、関与する遺伝子の機能、染色体の構造、生体組織の成り立ちを解析することによって明らかにする。
2. 微生物遺伝研究部門では、大腸菌及びそのフェージにおける DNA 複製の開始と終結、染色体の分配、細胞分裂の機構、ペプチドグリカンの生合成、染色体上の遺伝子の配列と構造、SOS 応答の機構の解析などに関する研究を進めている。
3. 細胞質遺伝客員研究部門では、原核及び真核生物の細胞質因子を研究し、それを利用して遺伝子の機能と構造を解明しようとしている。



酵母組換え蛋白質 (Rad51) が開環状二重鎖 DNA に結合して形成されたラセン構造体。棒状の物はタバコモザイクウイルス。



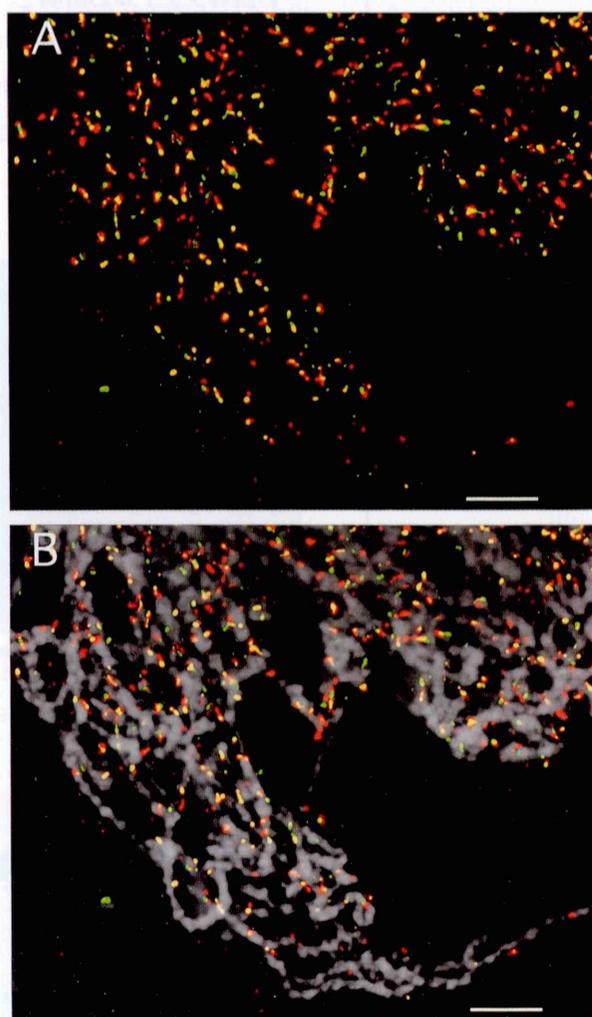
大腸菌の変異株 (左) と野生株 (右) の蛍光顕微鏡写真  
DNA と結合する蛍光色素 DAPI で染色したもの。細胞の中で青白く光って見えるのが染色体。左側の写真は、複製した染色体を娘細胞へうまく分配できなくなる温度感受性変異株 (par 変異株) で、高温では大きな染色体をもつ細長い細胞となり、同時に染色体を失った細胞を放出する。この変異株は、“大腸菌のミュータントバンク” から見出された。

## 【細胞遺伝研究部門】

遺伝的組換え機構は生物全般に共通に存在し、子孫の安定な保存と生命維持に必須な過程、例えば減数分裂や抗体産生、DNA 傷害の修復などに関わっている。

本部門では、組換え遺伝子群の機能を分子、染色体、細胞レベルで解析し、組換えの分子機構の解明を目指している。酵母を材料に用い、これら遺伝子機能の遺伝的解析や蛋白質の調製と活性の解析を進め、組換え過程での役割を明確にする。また、組換え開始領域とクロマチン構造、開始に関与する遺伝子機能の解析を行っている。植物のユリは、減数分裂期の一連の過程の細胞を分離調製でき、染色体が大きく、各ステージ特有の染色体構造を容易に観察できる。減数分裂期組換え時の染色体構造のダイナミックな変化と組換え蛋白質の局在化、組換えに伴う DNA 修復合成を調べ、組換えを行う染色体の構造と蛋白質機能の関連を解析する。動物組織での組換え蛋白質の分布、機能欠損による細胞の性質の変化や個体の変化を観察して、組換え反応が各々の臓器でどのような組織の機能を支えているかを解析する。本部門では、他に、アリ類の種分化と核型変化をテロメアの構造とキアズマ形成で分析し、染色体進化機構の考察が進められている。

### 細胞遺伝研究系



百合の減数分裂期染色体上に分布する組換え蛋白質。  
(A) 組換え蛋白質 Rad51 (緑) と Dmcl (赤) の蛍光染色。黄色は両蛋白質が同じ位置に存在することを示している。  
(B) ザイゴテン期染色体上の組換え蛋白質。

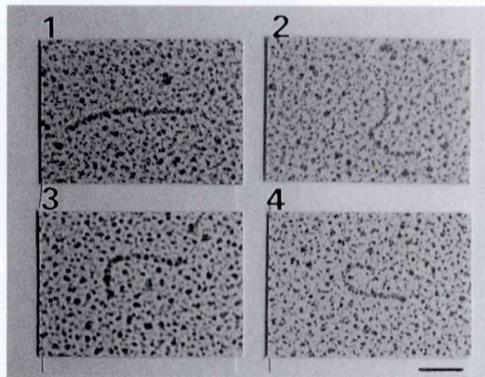
## 【微生物遺伝研究部門】

微生物遺伝研究部門では、DNA複製および細胞分裂の機構の研究を、遺伝学的、生化学的、ならびに組換えDNAなどの手法によって研究している。この目的のために、遺伝学的にも生化学的にも最も詳しく調べられている大腸菌とそのファージを用いて、つぎの4方向からの研究が進行中である。

- (1) 繊維状ファージのDNA複製に関する研究：DNA複製の調節は複製開始反応の制御を通じて行われるが、このとき重要な役割をはたすのは、DNA上の複製開始領域と種々の蛋白質の間の特異的な相互作用である。これらの反応を研究するためのモデル系として大腸菌の繊維状ファージを用い、その遺伝的変異体を利用した解析を進めている。
- (2) 大腸菌染色体の複製に関する研究：大腸菌の染色体複製は、“oriC”とよばれる245塩基対のDNA領域に依存し、ここから複製が開始される。この反応を制御する蛋白質因子の同定およびそれらの作用機構の研究を行っている。
- (3) 細胞分裂に関する研究：大腸菌の細胞分裂に関わる遺伝子とその産物、特に、細胞分裂隔壁の形成に働くペニシリン結合蛋白（PBP3）について、その構造と機能、発現、プロセッシング等を中心とした研究を進めている。
- (4) SOS 応答に関する研究：DNAに傷害が与えられた時に起こるSOS応答の誘導シグナルの解明と、SOS応答によって細胞分裂が停止するメカニズムについての研究を行っている。

以上の方向からの研究を推進することにより、細胞が整然とその構造をつくり、成長し、分裂する全過程を、分子レベルで明らかにすることを究極の目的としている。

## 細胞遺伝研究系



繊維状ファージのDNA複製にあずかる蛋白質が複製開始領域のDNAに結合することにより、折れ曲がったDNA構造が形成される。その電子顕微鏡写真。  
1. 蛋白質を加えないコントロール。(まっすぐなDNAが認められる) 2. 複製促進蛋白質が結合。 3. 複製開始蛋白質が2分子結合。 4. 複製開始蛋白質が4分子結合。(下部の横棒は0.1 $\mu$ )



## 【細胞質遺伝客員研究部門】

1. ほ乳類の発生は、他の動物では見られないいくつかの特徴がある。したがって、マウス等を用いた発生研究は必要である。マウス胚操作技術を用いてようやく発生の分子機構の解明の糸口がつかまれつつあるが、まだ不明の点が多い。発生の基本要素の一つは胚葉形成であるが、内胚葉とその誘導体である肝臓の形態形成機構について研究を行っている。このため、ES細胞を用いた遺伝子トラップ法を利用する。遺伝子トラップ法とは、プロモーターを有さないマーカー遺伝子を持つトラップベクターをES細胞に導入すると、マウス内在性遺伝子の下流に組み込まれたときにのみマーカー遺伝子が発現することを利用し、未知遺伝子の検索とその破壊マウスを作製する方法である。これまでの研究から、上記目的を遂行するためには従来の遺伝子トラップ法では2つの欠点のあることがわかった。第1は、遺伝子トラップベクターであり、複数コピーがES細胞に組み込まれたときに、上流に存在するマウス内在性遺伝子の単離が困難になることが多かった。この点を改良するために、あらかじめ loxP 配列を組み込んだ遺伝子トラップベクターを作製し、複数コピーを組み込んだ場合はリコンビナーゼである Cre を作用させることにより、トラップベクターを1コピーにし、マウス内在性遺伝子の単離の効率をあげることができるとかを検討する。第2は、内胚葉分化に関与する遺伝子のスクリーニング系の欠如である。このため、ES細胞を浮遊培養してえられる胚葉体の系を利用することを試みる。嚢胞性胚葉体は、6.5日胚の構造と類似しているため、胚葉分化に関与する遺伝子を探索できる可能性がある。嚢胞性胚葉体を形成させた後、X-gal 染色を行い、この時点でマーカー遺伝子が発現している遺伝子トラップクローンを解析していく予定である。
2. プラスミド（又は染色体）上に存在し、DNAのダイナミズムに関与する遺伝子の作用について次のような研究を行っている。
  - 1) ゲノム再編に関わる動く遺伝子（トランスポゾン）の研究。a) バクテリアの挿入因子（IS; Insertion Sequence）である IS1 及び IS3 がコードするトランスポゼースの発現に特定部位におけるフレームシフト機構が関与する。フレームシフトが起こらない場合、異なる小さなタンパク質が生ずるが、これらは IS 転移の制御に関与する可能性がある。これらのタンパク質の性質を解析することによって、ISの転移と制御の機構を追及している。最近 IS3 の転移とレトロウイルスの転移に共通の機構が存在することが明らかになりつつある。b) ISとは異なる大型のトランスポゾン Tn3 のトランスポゼースを精製しその性質を明らかにしてきた。現在 Tn3 転移の分子機構を *in vitro* で追及している。c) 植物の新規トランスポゾンを検索し、それらの構造と機能の解析を行うことによってトランスポゾンの利用による植物育種の可能性も追及している。
  - 2) プラスミド R100 DNA の細胞内における安定性に関与する遺伝子 *pem* の作用機構。 *pem* は、それを運ぶプラスミドを脱落した細胞の分裂を止める作用をするが、最近 *pem* のホモログ遺伝子が二つ染色体上に存在することが明らかになった。現在 *pem* 及びそのホモログによる細胞分裂の制御機構を追及している。
  - 3) 接合による DNA 伝達の開始と終結の機構。接合による DNA 伝達に関与する遺伝子の産物（ニッケース、ヘリケース、その他の DNA 結合タンパク質など）を単離精製しその性質を調べることによって、DNA 伝達の分子機構を解析している。

1. 発生遺伝研究部門は、単純な体制を持つ淡水ヒドラを使用し、動物発生における形態形成と、細胞分裂・分化の制御機構に関し、多角的な研究を行っている。
2. 形質遺伝研究部門では、カイコ、ショウジョウバエなどの昆虫を対象として、個体の発生・成長過程においていろいろの遺伝形質がいつどのような機構で発現するのか、遺伝子・染色体・細胞・個体レベルで研究を進めている。
3. 生理遺伝客員研究部門は、発生遺伝研究部門と協力し、ヒドラの発生制御に重要な働きをするペプチド性シグナル分子の大規模スクリーニングを行っている。



器官形成を完了したカイコの胚  
(体長：約2mm)

## 個体遺伝研究系



ショウジョウバエ後期胚におけるDNA超らせん化因子の発現。脂肪体とマクロファージに強い発現がみられる。



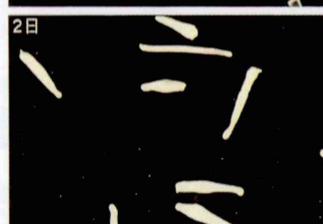
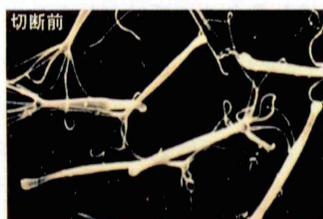
水草に付着し、えさを待つ  
日本産クビヒドラ  
(*Hydra magnipapillata*)

## 【発生遺伝研究部門】

ヒドラは単純な体制と、強い再生力を持つモデル小動物である。ヒドラの頭と足をメスで切り落とすと、5～6日で元と区別できないほど完全な新ヒドラが再生する。

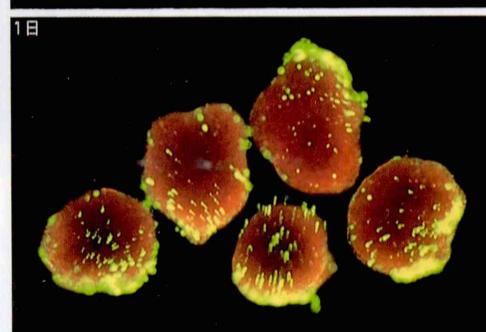
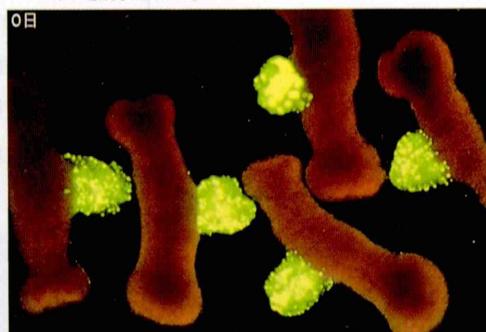
ヒドラ組織は、体の外側と内側にそれぞれ一層に並ぶ上皮細胞により構成されている。この二層を人為的に分離し、外側細胞に蛍光標識をほどこし、内側細胞と再接触すると、標識のついた外側細胞は内側組織の上に徐々にひろがりやがて完全に包み込み、その後完全なヒドラが再生する。

この外側細胞の広がり運動による上皮細胞層形成は、ヒドラの再生のみならず、動物の形態形成上、最も基本的かつ重要な過程と考え、このプロセスの詳細な研究を進めている。



ヒドラの再生

ヒドラのエピボリー。蛍光標識（緑色）した外胚葉細胞は、内胚葉の上に一層に広がり、その後再生する。

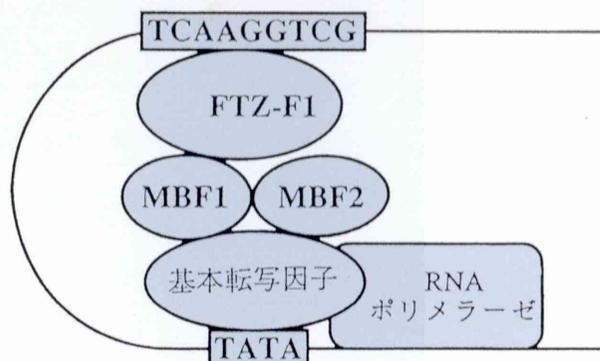


## 【形質遺伝研究部門】

高等生物の体は1個の受精卵から始まり、これが細胞分裂を繰り返し多くの細胞となり、成長とともに種々の異なった組織や器官に分化する。形質遺伝研究部門では、1個の細胞からそのような特定の機能や形態を持った組織への分化がどのような仕組みで起こるか、それら種々の形質は胚発生過程のいつ・どこで発現するか、また、成長・変態・加齢・生殖などの後胚発生過程はどのような遺伝子系によって支配されているかを究明するために、研究が進められている。

- (1) 遺伝子発現制御の研究：発生と細胞分化に伴う遺伝子発現の制御機構を解明する目的で、DNAの高次構造やホルモンが遺伝子発現に果たす役割についてショウジョウバエとカイコを用いて研究している。
- (2) 生活史関連形質の遺伝学的研究：カイコでは胚休眠性、脱皮回数、寿命などが異なる多くの系統が知られている。これらの諸系統が、光周期・気温などの外的情報とどのように係わりながら形成されて来たかについて遺伝学的解析を進めている。
- (3) 発生における母性効果の遺伝学的研究：初期発生において、卵の細胞質が発生・分化に重要な役割を果たしている。ショウジョウバエを用い、母性効果について遺伝学的研究を進めている。

## 個体遺伝研究系



ショウジョウバエ *fushi tarazu* 遺伝子の転写には核内ホルモン受容体ファミリーの転写因子 FTZ-F1、基本転写因子、RNAポリメラーゼの他にメディエーターが必要である。

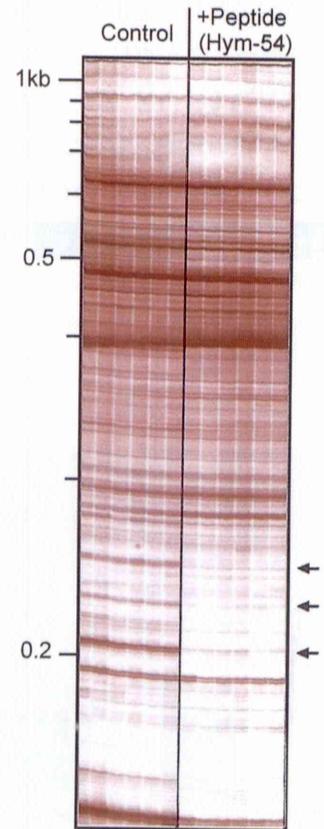
## 【生理遺伝客員研究部】

ヒドラ組織よりペプチドを抽出し、HPLC法で分離精製を行い、200種以上のペプチドを単離した。分離量は非常に少ないため、通常の活性検定を行うことはできない。そこで分離量の1/2を使用して10匹のヒドラを1日処理し、その後処理ヒドラと無処理ヒドラからRNAを抽出した。そしてDifferential Display PCR法を用い、ペプチド処理による遺伝子発現（poly(A)<sup>+</sup> RNA合成）の変化を調べた。その結果、分離ペプチドの約1/3が遺伝子発現に影響を与えるシグナル分子活性を持つことが判明した。

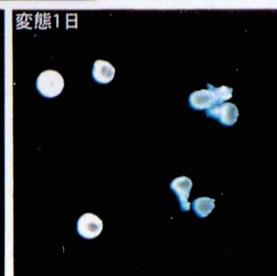
目下、活性ペプチドにつき、残りの1/2量を用い、アミノ酸配列を決定し、ついで化学合成を進めている。今までに合成した11種のうちには、カイウミヒドラの幼生変態を促進する活性をもつもの、ヒドラのRFアミド陽性神経細胞の分布様式に影響を与えるものが見出されている。

ヒドラ組織には、推定500種以上のペプチドが含まれている。今後この全ペプチドにつき、順次検索を行い、発生制御に重要な働きをするペプチドを分離し、その作用を調べる。

## 個体遺伝研究系

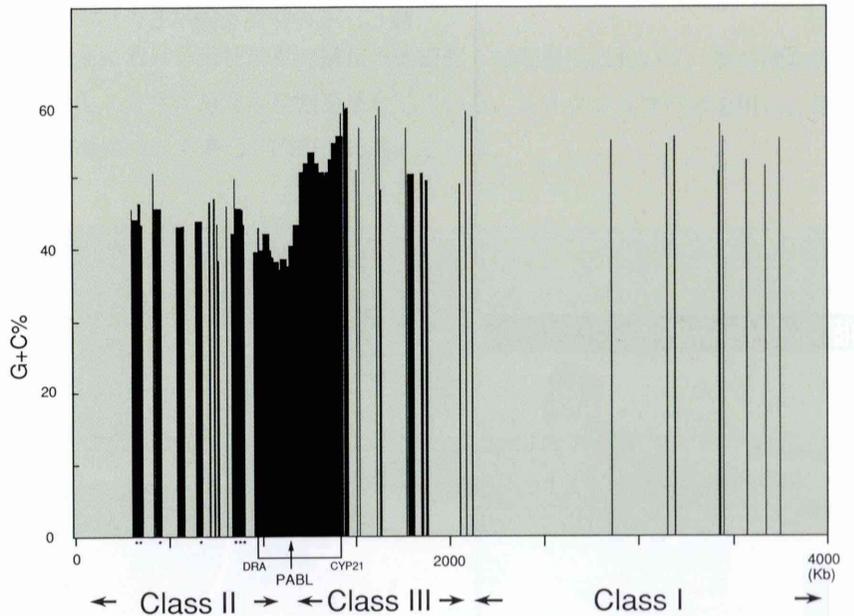


Differential display PCR法による  
遺伝子発現変化の検出



ペプチド処理によるカイウミヒドラ幼生の変態

1. 集団遺伝研究部門では、生物集団の遺伝的構造を支配する法則の探求をめざし、分子レベルにおける種内変異と進化の仕組みを確率過程として理解するための理論的研究および実験的研究を行っている。特に DNA 塩基配列の比較による各種理論モデルの検証や DNA 多型の統計分析に重点をおいている。
2. 進化遺伝研究部門では、生物進化の遺伝的機構に関する実験的ならびに理論的研究を進めている。特に、DNA の塩基配列データに基づく分子進化の研究やその解析に必要な方法論の開発、染色体進化の分子機構の研究などを行っている（下図を参照）。
3. 理論遺伝客員研究部門では、集団遺伝モデルの解析、実験データの統計的分析などの理論面に関する研究を進めている。特に中立説に関する理論の発展及びそれを検証するための実験データの分析や DNA データの比較研究を行っている。また、生物進化を研究する上で必要な関連分野の動向を調査し、進化学を支柱とした新しい学際的な分野の発展を目指している。



高等動物のゲノムを構成する GC 含量 (G+C%) の巨大モザイク構造の例。この巨大構造は染色体バンド構造と関係するが、バンドの境界構造を解明する目的で遺伝子歩行を行った MHC (HLA) 領域の GC 含量分布図で、PABL はその境界近傍に見い出した XY pseudoautosomal boundary 様配列を示す。

## 【集団遺伝研究部門】

一つ一つの個体ではなく、それが集まってできた集団（主として繁殖社会）を対象として、その内にどのような遺伝子がどんな割合で含まれるか、またどのような法則の下に遺伝的組成が変化していくかを研究するのが集団遺伝学で、種内変異や生物進化の問題とも深いかわりがある。たとえば日本人は全体として一つの集団をなし、肉体的、精神的な特徴は個人ごとに差があるが、そのかなりの部分は遺伝的なものと考えられる。集団中に、遺伝的変異がいかんして保有されるかは重要な研究課題である。集団遺伝学の研究においては実際の生物集団の調査以外に、遺伝的変異の実験的解析、数学的モデルの解析や、電子計算機に有性繁殖を行う生物集団のまねをさせる模擬実験（モンテカルロ実験）も行われる。

メンデル遺伝学に基礎をおく古典的集団遺伝学は分子レベルの集団遺伝学へと転換しつつあるが、その第一歩となったのは木村資生名誉教授の提唱した分子進化中立説であった。現在中立モデルを出発点として急速に進歩する分子生物学の知識を取り入れた、より広範な集団遺伝の確率モデルについて解析を行っている。例えば大規模な重複構造をもつ多重遺伝子族は高等生物の染色体にかなり普遍的に存在するが、重複構造のもとでは遺伝的変異の保有機構が一遺伝子座の場合とはかなり異なってくる。DNA塩基配列の比較分析により各種理論モデルの検証を行っている。一方、種内および種間に存在する遺伝的変異を実験的に解析し、その維持および蓄積機構の解明を行っている。さらに、自然選択の結果蓄積したと思われる遺伝的変異を同定し、その遺伝的解析も行っている。また、各種生物のDNA多型に関するデータが蓄積しつつあるが、遺伝子系図学に基づいて、個々のDNA多型の維持機構に関する詳細な検討を行っている。そのための統計的方法の開発も重要な研究課題である。

## 集団遺伝研究系



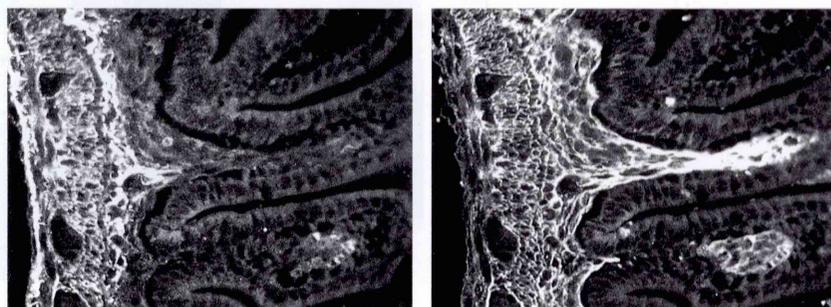
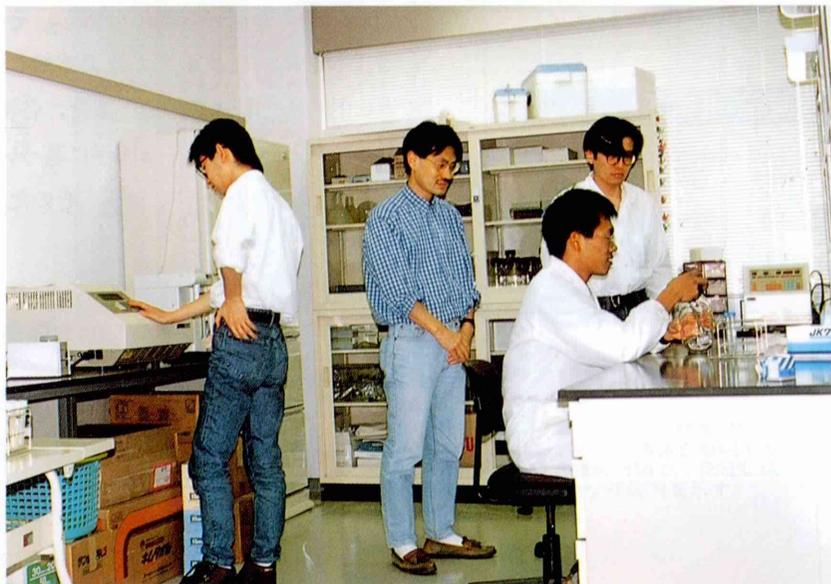
## 【進化遺伝研究部門】

生物の進化は、遺伝子（DNA）の時間的変化が根底にある。従来は異なる視点から研究される傾向にあった進化の諸分野を、総合的視点で研究することをめざしている。実験的研究と理論的研究を並行させ、遺伝子塩基配列レベルの進化と染色体レベルの進化ならびに生物機能の進化を関係づけることで、生物の進化を総合的に理解することが可能になる。

主要な研究テーマとしては以下のものがある。

- (1) 高等動物のゲノムで観察される染色体バンド構成が GC 含量の巨大なモザイク構造よりなることを明らかにしてきた。染色体バンドの機能上の意味と、それらが形成された進化機構を知る目的で、染色体バンドの境界と考えられるヒト MHC（HLA）領域の GC 含量モザイク境界の解析を行っている。現在、GC 含量モザイク境界と、DNA 複製のタイミングとの関係が明らかになりつつある。
- (2) ヒト MHC クラスⅢ領域に我々のグループが見出した、テネイン様細胞外マトリックスタンパク質や Notch 3 の機能解析を行っている。
- (3) 生物進化を記述するには、まず生物種間および遺伝子間の系統樹を知る必要があるが、系統樹を復元する方法を詳しく調べるため、コンピュータシミュレーションを用いて理論的な検討を行っている。

### 集団遺伝研究系



TN-X

TN-C

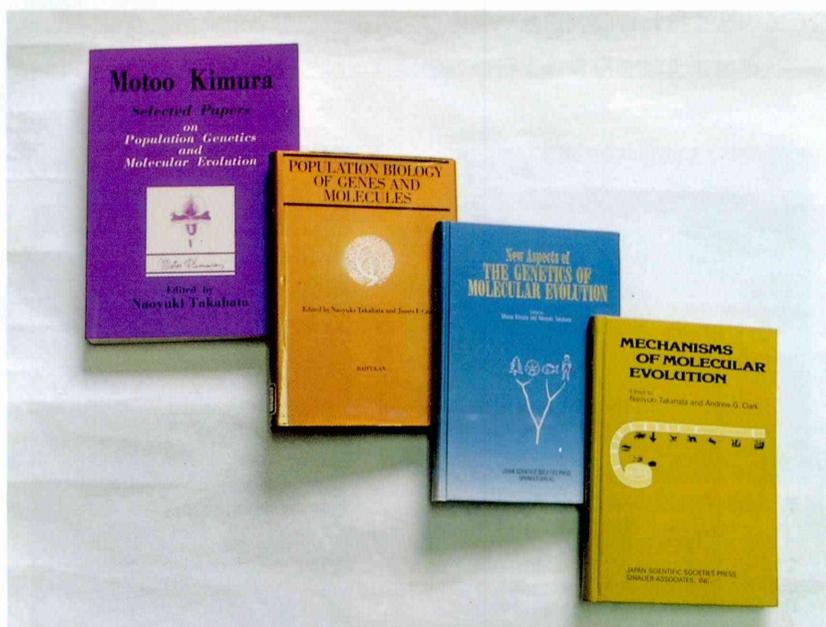
マウス小腸平滑筋及び柔突起において細胞外マトリックス蛋白質テネインファミリー（左図はテネイン-X、右図はテネイン-C）の存在様式を間接蛍光抗体法で解析。白く蛍光を発しているところが、テネインファミリーの存在している場所を示す。

## 【理論遺伝客員研究部門】

当研究部門では、分子の進化のメカニズムを探究する目的で、DNA塩基配列の比較・解析および理論集団遺伝学の研究を進めている。分子進化の中立説は、研究の展開を図る上で指導的原理を与えるものとして重要な役割をしているが、新しいデータと照らしてその一般性を検証するのも大切な課題である。特に、分子レベルの変異のうち自然選択に中立な変異の割合の推定をすることは、分子の機能的な重要性和関連して多角的に行っている。現在研究対象としている分子は、主要組織適合性抗原遺伝子群とミトコンドリアDNAである。前者は、脊椎動物の免疫系において自己・非自己の決定にあずかる主要なレセプター分子であり、その起源と進化を明らかにする研究を進めている。また、分子の進化から生物の進化を探究することも主要な課題である。特に、人類の歴史を遺伝学観点から明らかにする目的で、分子人類学的な研究を展開している。

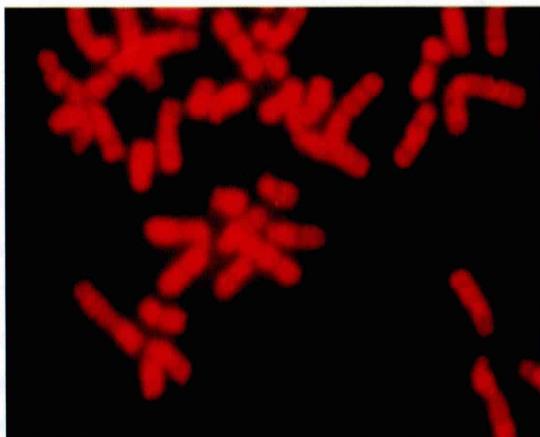
上記のほか当研究部門では、繰り返し配列について集団遺伝・分子進化的研究を行っている。ゲノム中には多重遺伝子族、トランスポゾン等の散在反復配列、短い縦列反復配列など、よく似た配列が繰り返している様な構造がよく見られる。例えばヒトゲノム中にはAluと呼ばれる長さが約300 bpの散在反復配列が50万コピー以上存在している。これらがどのようにして進化してきたかについては現在のところまだよくわかっていない。このような反復配列の進化を、集団遺伝学的モデル解析と、DNAデータの解析を組み合わせることによって研究している。反復配列の進化機構を究明することによって、その生物学的機能の有無についても知る事が出来る。

## 集団遺伝研究系



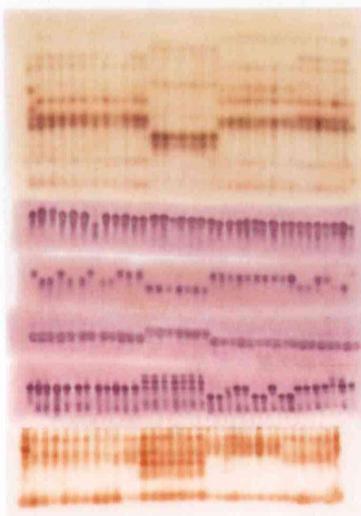
これは木村名誉教授の重要な論文を集め、高畑教授が編集して1冊の本にまとめたものである。同論文集がシカゴ大学から出版されることは、今後集団遺伝学の確率過程や分子進化について勉強しようという若い人に広く役立つものと期待されている。他の3冊は、木村博士が受賞した第4回国際生物学賞記念シンポジウム、第17回谷口シンポジウム等の機会に高畑が、J. F. Crow 博士、木村博士および A. G. Clark 博士と共編した論文集である。

1. 人類遺伝研究部門では、ヒトにおける各種の遺伝現象を、分子・細胞・  
 個体・集団の各レベルで研究し、それらを統合的に理解することをめざし  
 ている。特に物質代謝の異常や悪性腫瘍の発生に関与する宿主要因の解析、  
 細胞の増殖と分化の調節機構に係わる遺伝子変異とそれにもとづく活性タ  
 ンパク質分子の構造と合成異常、DNA塩基配列からみた日本人集団の遺伝  
 的特徴などに関して研究を進めている。
2. 育種遺伝研究部門では、有用生物に関する遺伝学的研究、特にイネを対  
 象として、進化と適応に関する諸問題や遺伝子の発現制御機構に関する研  
 究を行っている。
3. 応用遺伝客員研究部門では、医学または農学領域における遺伝学の応用  
 に関係した基礎的研究を行っている。



*in situ hybridization* 法により、  
 第21番染色体長腕にマップさ  
 れた DNA 断片は、黄色蛍光ス  
 ポットとして認識される。

## 総合遺伝研究系



アイソザイム電気泳動像。  
 野生イネの集団の多型性を調べる手段の一つ。

## 【人類遺伝研究部門】

この部門では、ヒトの正常ならびに異常形質に係わる遺伝現象を、遺伝子DNAと染色体との関連のもとに、分子・細胞・個体・集団の各レベルからアプローチして研究し、それらを統合的に理解することをめざしている。

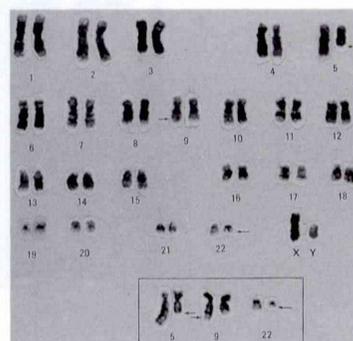
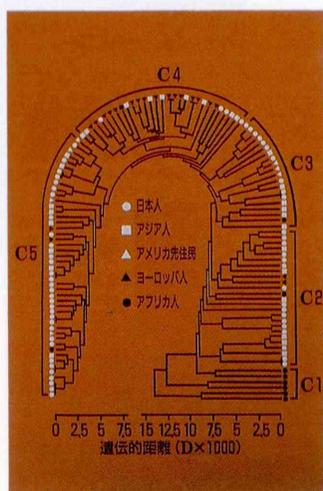
例えば、新生児150人に1人は何らかの染色体異常を持っており、その多くは精神的・身体的な発達の遅れを伴ってくる。また、単一座位の遺伝子異常による遺伝病の種類は3,000を超えるが、一生の間にそのどれかの異常を発現するリスクのあるものは新生児コホートの約1%と推定される。大多数の染色体異常と優性遺伝病の一部は、健康な親の配偶子に生じた新生突然変異によることが判っている。本研究部門では、各種のがん、白血病細胞や網膜芽細胞種などを手掛かりとして、こうした突然変異と細胞の増殖・分化の調節異常並びに腫瘍化の成因についての分子遺伝学研究を進めている。

また、分子病の遺伝要因について、ヘモグロビン、酵素などのタンパク質の構造・機能並びに合成の変異やDNAの塩基配列の上から研究している。

ヒトのミトコンドリアには約16,500塩基対からなる環状DNA（ミトコンドリアDNA）が含まれ、それは母系遺伝をする。このDNAは進化速度が極めて速いことから、ヒトでも、塩基配列に顕著な個人差がみられる。世界中のいろいろな人類集団に属する人々の、ミトコンドリアDNAの塩基配列を決定し、それらの系統関係を探る研究を行っている。さらに、古代人骨からのDNA塩基配列の解読による日本人の起源に関する研究や、遺伝病におけるDNAレベルでの変異の解明を行っている。

さらに、遺伝病理学の立場からみた日本人の特徴は何か、日本人に特に多い（または少ない）遺伝病はどれか、今日の少産少死パターンが21世紀を通して長く続き自然淘汰が緩んだ場合、日本人の遺伝的健康は将来どのように変化すると予想されるか、といった問題についても考察を加えている。

### 総合遺伝研究系



ヒト・急性リンパ性白血病細胞における染色体改変像。9番および22番相互転座にもとづく9q+および22q-（フィラデルフィア染色体）。その他5q-（5番染色体長腕欠損）などの変化がみられる。

128人の現代人のクラスター分類とその地理的分布

クラスター	各地域からのミトコンドリアDNAの系統数				
	アフリカ	ヨーロッパ	日本	アジア (日本除く)	アメリカ
C1	6	0	0	0	0
C2	1	2	18	6	0
C3	1	0	10	6	3
C4	1	18	4	9	0
C5	1	2	32	6	4
全体	10	20	62	29	7

現代人128個体のミトコンドリアDNAの塩基配列に基づいた分子系統樹。

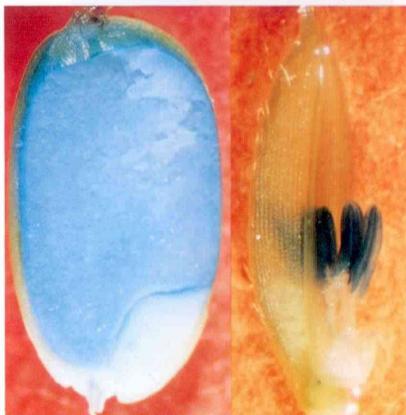
## 【育種遺伝研究部門】

当部門は人間にとって有用な生物の遺伝と育種に関する基礎研究を行ってきた。現在のスタッフは、野生イネおよび栽培イネを材料として、分子・個体・集団レベルからのさまざまな研究に取り組んでいる。研究方向は大きく次のように分けられるが、これらの進化・形態形成・遺伝子発現などの問題は、いずれも植物遺伝学はもちろん、植物育種学にとっても重要な基盤となるものである。

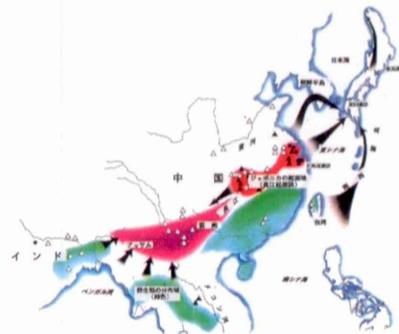
- (1) **イネの進化と適応**：世界各地から収集され当研究所で保存されている多数の野生および栽培イネ系統を用い、種々の遺伝的マーカーの変異解析を通じて、種形成や品種分化の過程を明らかにすることをめざしている。生殖的隔離の遺伝的基礎、自然選択の作用、適応的遺伝子の単離・同定など、小進化の要因解明をめざした実験的研究も進めている。他方、野生イネ自生地の継続的調査に基づく集団動態の生態遺伝学的研究も進行中である。
- (2) **植物における遺伝子発現の分子機構**：胚乳中のアミロース合成を支配する *wx* 座は古くから遺伝学的研究が盛んに行われてきた遺伝子座である。遺伝子組換えや遺伝子導入の技術を駆使して、イネ *wx* 遺伝子座の発現制御機構を分子レベルで解明することをめざしている。
- (3) **形態形成の遺伝的制御**：形態形成を遺伝子レベルで理解するには鍵となる遺伝子を同定し発育過程での階層的制御様式を明らかにする必要があるという観点に立って、花芽形成・日長反応性・浮イネ性など種々の形質に関する発育遺伝学的研究を行っている。

## 総合遺伝研究系

隔離温室



トランスジェニックイネにおける *wx* 座遺伝子のプロモーター領域の働き。このプロモーター領域は胚乳と葯（花粉）で組織特異的に機能している。

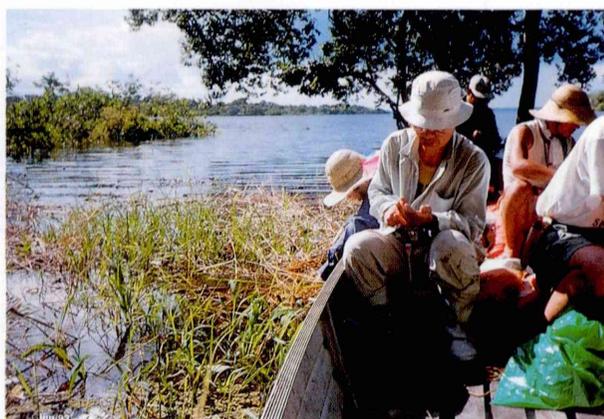


遺伝学的証拠から考えたイネの起源と伝播に関する仮説

## 【応用遺伝客員研究部門】

1. この部門では、医学領域における遺伝学の応用に関する研究として、ヒトBリンパ球系細胞における免疫グロブリン遺伝子の発現調節並びに重症複合免疫不全症候群の成因を解析している。免疫グロブリン遺伝子の再構成は、B細胞系列でのみ起こるが、再構成を終えた活性型免疫グロブリン遺伝子であっても、B細胞以外の組織細胞に移入した場合その発現はみられない。すなわち、その発現は組織特異的である。ヒト骨髓腫細胞からグロブリン遺伝子のプロモーターあるいはエンハンサー領域のオクタマー配列に結合する核タンパク質を精製し、それらが結合する領域の塩基配列を決定した。これらのタンパク質成分を使って、免疫グロブリン遺伝子の組織特異的な発現の制御機構並びにそれに関わる核タンパク質遺伝子のクローニングを進めている。
2. 農学領域における研究として現在行われているのは、植物自生集団における遺伝変異の分布と保有機構に関する研究である。この研究は、遺伝変異保有のメカニズムを明らかにするという集団遺伝学の基本的問題だけでなく、資源生物を実際に収集する際、種々の制約条件の下でいかに効率的に多様な遺伝変異を収集するか、また、その変異をできるだけ減少させずに維持するための世代更新法の検討など、実用的に重要な問題も含まれている。これらのことは、野生イネや栽培イネをその自生地で採集し当研究所で維持しつつ研究を行っている育種遺伝研究部門のスタッフが現に直面している問題であり、協力して研究が進められている。

## 総合遺伝研究系



アマゾン河の水に浮かんで生きる野生イネ



開発の進むメコンデルタで、絶滅しつつある野生イネ

このセンターは、遺伝学研究に有用な生物系統の収集保存や系統情報のシステム開発およびそれらを用いた基礎研究を行うことを目的として設立された。遺伝的特性の分析が十分行われた系統、あるいは未知の遺伝子を多数持っているであろう系統を保存することは遺伝学研究の基盤として極めて重要である。現在、哺乳動物・無脊椎動物・植物・微生物・遺伝資源・発生工学の6研究室があり、スタッフはそれぞれの材料の重要な遺伝子とその働きに関する基礎的研究を進めるとともに、系統の保存・分譲、実験系統の開発、情報のデータベース化などを行っている。



遺伝実験生物保存研究センター

遺伝実験生物保存研究センター



遺伝実験生物保存研究センターでは、さまざまな生物種について突然変異、実験系統などの遺伝資源情報を冊子にまとめ配布することで所内外の研究者にこれらの情報を提供している。

## 【哺乳動物保存研究室】

減数分裂における相同染色体間組換え機構、形態形成の遺伝的制御機構を分子遺伝学的手法とゲノム解析的手法を用いて研究している。また、野生マウス由来の遺伝子を実験用近交系マウス系統に導入して新しい遺伝学研究用系統を開発している。さらに、標準的近交系、コンジェニック系統、突然変異系統等のマウス系統の維持と分譲、凍結胚による保存を進めている。



遺伝実験生物保存研究センター

## 【無脊椎動物保存研究室】

キイロショウジョウバエの遺伝学を用いて個体発生における形態形成機構を研究している。特に転写制御因子を手掛かりにして外部形態を決定する機構について興味を持っている。また突然変異系統やキイロショウジョウバエの近縁種を多数維持して研究者に配布している。



ショウジョウバエの成虫原基。  
これは変態後、成虫の羽と胸部を形成する。後ろ半分を抗体で茶色く染色している。

## 【植物保存研究室】

イネを中心とする植物の系統保存を行っている。このうちイネは過去30年以上にわたって世界各地の自生地から収集した野生イネおよび在来の栽培品種で、他に類のない貴重な遺伝資源である。これらの材料は所内外の多くの研究者によってイネの遺伝学的解析のために利用されている。



野生イネ温室

## 【微生物保存研究室】

大腸菌の細胞分裂の温度感受性変異系統を使用し、細胞分裂の時期決定を制御する分子機構の研究を行っている。

また、大腸菌を主とする微生物遺伝系統の特性開発研究と保存事業は、国内外で高く評価されている。



微生物保存実験室

## 【遺伝資源研究室】

生命科学における知識情報の記述法に関する研究を行っている。細分化された研究分野の壁を超える「生体分子情報データベース」の構築をめざしている。

哺乳動物、無脊椎動物、植物、微生物などの生物系統に関する情報を収集し、インターネットで利用可能なデータベースを構築することによって、広く研究者に情報を提供することをめざしている。



遺伝実験生物保存研究センター

## 【発生工学研究室】

哺乳類の発生生物学と発生工学。特に、マウス胚幹細胞、生殖細胞および神経系細胞の発生と分化などについて、分子レベルから細胞、組織、個体レベルにわたる研究を行っている。



発生工学研究室セミナー

遺伝学の中で遺伝情報に関する研究の占める比重が急速に増加し、その重要性が高まる状況の中で、本研究センターは研究所内外の強い要請のもとに設置された。設立以来、遺伝情報に関する分子レベルの実験的研究を行う研究室群と、コンピュータによる情報解析の研究を行う研究室群が活動していたが、1995年4月に生命情報研究センターとして後者が独立した。現在は、実験系4研究室が、遺伝子操作技術を駆使して先端的な研究を行い、また研究所内外の研究者に対し、共同研究や試料や情報の提供等で貢献をしている。

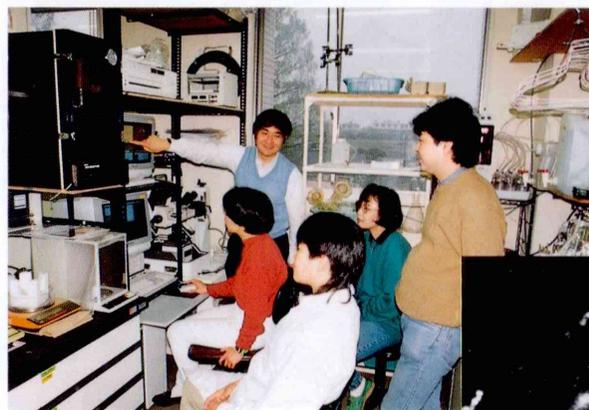


遺伝情報研究センター

## 遺伝情報研究センター

### 【構造研究室】

遺伝子の発現を目的に応じて調節するためには、DNAやRNAポリメラーゼなどの分子がいくつか集まって、特別な構造体を作らなければならない。この構造体の構成と機能を明らかにするために、独創的な技術を開発して駆使し、分子生物学的技術と併用して研究を行っている。遺伝子DNAの機能ユニット全体を固定化して、発現調節のための構造体1分子の運動をリアルタイムで追跡したり（1分子ダイナミクス）、構造体の時間的変化を化学反応として解析して、転写や翻訳の調節機能を解明している。



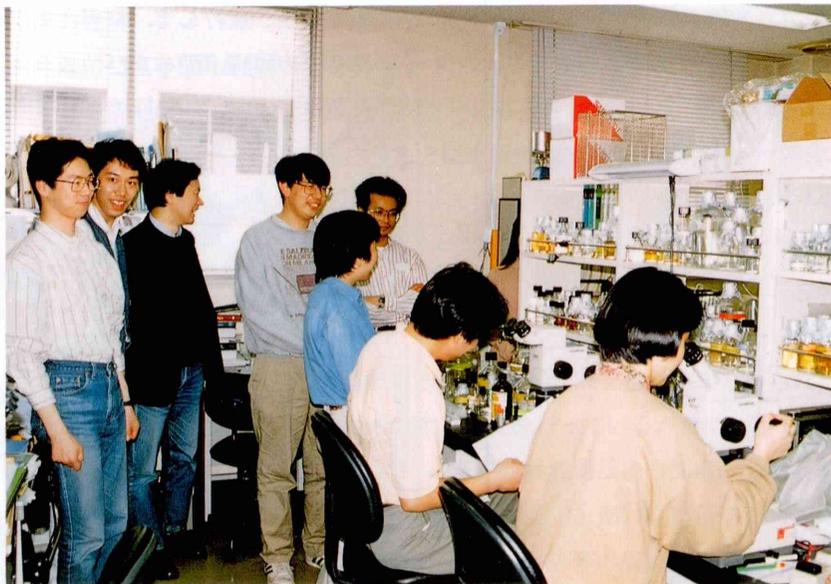
原子間力顕微鏡の前での議論

RNAポリメラーゼに蛍光色素を結合させ、蛋白質1分子を光る点として観測可能にして、顕微鏡下でDNAと結合、解離を行わせた時の運動の連続写真。



### 【組換え研究室】

発生や行動に関係する遺伝子を発見し、その働きを調べている。研究材料としては線虫 *Caenorhabditis elegans* を用い、突然変異株の分離・遺伝子クローニング・発生過程や神経系の観察・行動の測定などの実験を行って、発生のスイッチ回路や神経回路の形成・作動機構を解明しようとしている。

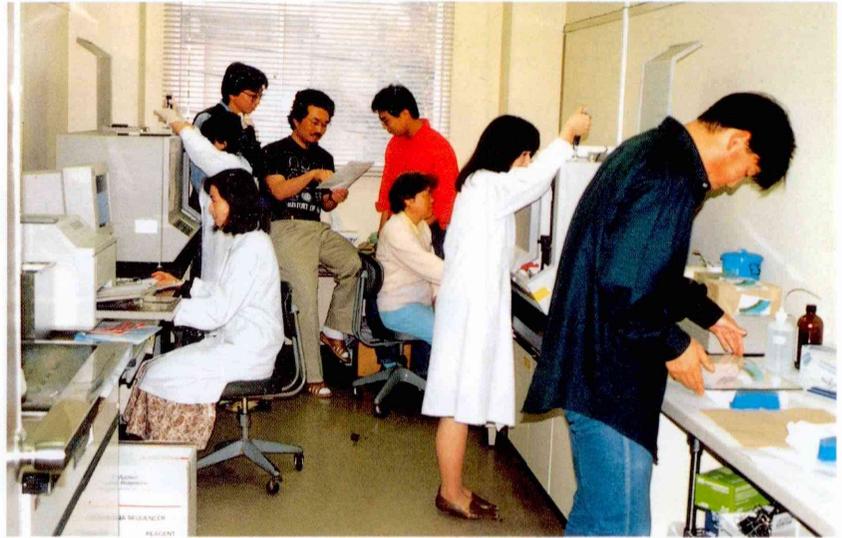


### 【合成研究室】

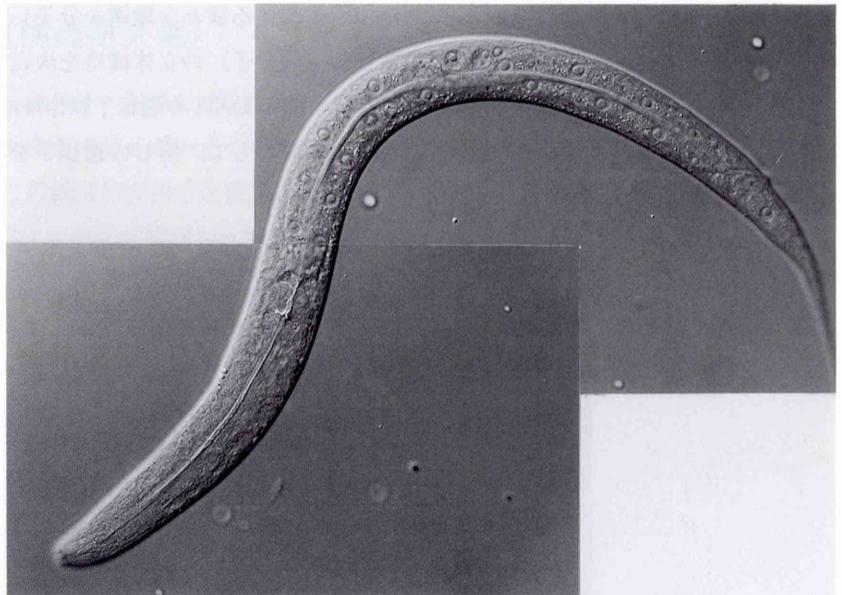
遺伝学における様々な機構を分子レベルで解明するには、生体高分子やその集合体（超分子）の立体構造を決定することが非常に役に立つ。本研究室は、人工合成の DNA や遺伝子操作技術を利用して実験材料を調製し、立体構造決定を手段として、新しい遺伝学をめざす。

## 【遺伝子ライブラリー研究室】

生物の発生、分化は遺伝子発現のネットワークとしてとらえることができる。その分子レベルの実体を総合的に理解するために、線虫 *C. エレガンス* を材料として、胚発生における全ての遺伝子の発現様式と機能を明らかにすることをめざして、遺伝子ライブラリーを利用した新しい方法論の開発と応用を進めている。並行して、世界に先がけて作成した大腸菌ゲノムの遺伝子ライブラリーの維持、配布及び情報収集も行っている。



遺伝情報研究センター



線虫 *Caenorhabditis elegans*  
組換え研究室と遺伝子ライブラリー研究室では、遺伝学の材料として世界的に有名なこの線虫を使って、研究を行っている。

DNAは、遺伝物質の本体であるとともに、遺伝情報として生命現象の基盤を規定しているものである。そして、近年の「ゲノム解析計画」の進展により、爆発的に増加しつづける大量のDNA塩基配列データは、スーパーコンピュータ等を利用した情報科学的方法によって解析される方向に進みつつある。このような「生命情報科学」の我が国における研究的拠点として、「生命情報研究センター」が平成7年4月に新設された。本研究センターは、遺伝情報に関するコンピュータによる情報解析の研究を行う4研究室から構成される。

また、これまで遺伝情報研究センターに設置されていた日本DNAデータバンク（DDBJ）は、生命情報研究センターに移設された。DDBJは、欧州および米国のデータバンクとの連携のもとに遺伝情報の収集、データベース化、管理、提供について中核的役割をはたしている。

### 【遺伝情報分析研究室】

コンピュータによるDNA塩基配列とタンパク質アミノ酸配列から得られる遺伝情報の解析及びデータベースに関する研究を行っている。特に、①DNAデータの大量情報解析と「生命の起源」当時の根源遺伝子の探索、②セリンプロテアーゼ遺伝子群の機能的領域に基づく進化、③MHC遺伝子からみたヒトの進化、④エイズウイルスやC型肝炎ウイルス等の病原性ウイルスの進化等を重点的に研究している。



生命情報研究センター

## 【大量遺伝情報研究室】

大量な遺伝情報から、遺伝子の位置や遺伝子のイントロン・エキソン構造の予測等の研究を行う。大量の遺伝情報を、高性能大型計算機等を用いて、迅速かつ効率的に処理するための種々の方法論やアルゴリズムを開発研究する。特に、これらの結果をDNAデータベースの開発改良に応用する。

## 【遺伝子機能研究室】

この研究室では、遺伝子の候補となりうるDNAの領域の生物機能を、その塩基配列を解析することによって予測する研究を行っている。主な解析方法は、問題となっている塩基配列をすでに存在している塩基配列と分子進化学的視点で比較検討することである。

現在、多くの遺伝子が複数の機能を持っていて、それぞれの機能はドメインやモチーフによって支配されているということが知られている。また、同じ遺伝子の中にあるこれらのドメインやモチーフは、それぞれ異なった進化の起源や歴史をもつことも明らかになってきている。したがって、問題となっている塩基配列を遺伝子と遺伝子の比較ではなく、ドメインとドメイン、モチーフとモチーフという単位で比較することが重要である。

塩基配列の中の新しいドメインやモチーフを発見するためには、まず最初にできるかぎり多くの類似塩基配列を一緒にアライメントし、次にそのアライメントされた配列の中から進化的に保存されている領域を探索しなければならない。それらの領域は、タンパク質に関する三次構造のデータやPROSITEのような情報を活用することによって、さらに精査される。また、タンパク質モデリングの知識や技術も、分子進化学的解析結果を、より総合的に解釈するために併用される。

同時に、DDBJ（日本DNAデータバンク）の研究事業活動にも参画しており、この活動を通して、世界の研究室から時々刻々収集される新鮮なデータを、上記研究に利用することができる。



## 【分子分類研究室】

DNA 配列情報をその特性に基づいて系統的に分類し、分子レベルでの遺伝子の系統関係を解明する。また、がん等の病気に関与した遺伝子の分類等を行い、遺伝子が増加していく過程を解明する。

### 日本 DNA データバンク (DDBJ)

現在、DNA データベースの利用によって、分子生物学のみならず、関連する広い分野の研究で、多大な成果が生み出されている。これらの膨大な DNA 塩基配列のデータベースを管理運営するために、1980年前半に DNA データバンクが欧州と米国であいついで設立された。わが国においても DNA データバンクの必要性が認識され、1986年に本研究所に遺伝情報研究センターが設立されたのにもない、『日本 DNA データバンク』(DNA Data Bank of Japan; 略称 DDBJ) が設立された。そして、1987年からは、リリースという形で本格的なデータ配布を始めた。

DDBJ は三大国際 DNA データバンクのひとつであり、欧州の EMBL データライブラリーおよび米国の NCBI / GenBank との密接な連携のもとにある。そして、3 データバンク間ではデータを交換しており、共同で国際 DNA データベースを構築している。したがって、日本の研究者は、DDBJ にデータの登録を行うと、DDBJ から国際的に統一された登録番号の発行を受けることができる。

## 生命情報研究センター



当センターは各種放射線やラジオアイソトープ（放射性同位元素）を、遺伝子の機能と構造の研究に利用するための共同利用施設として昭和63年4月に発足した。

当センターの前身は、およそ30年前に設立された放射線実験室であり、歴史的に次のように整備されてきた。昭和27年X線実験室新設、昭和31年、34年放射線実験室新增設、昭和35年照射用特別蚕室新設、昭和39年ガンマー線照射温室新設、昭和42年中性子照射室新設、昭和50年内部照射棟新設、昭和52年トレーサー棟I、II新設。昭和63年新RI棟新設。この間に備えられたX線、ガンマー線、中性子の発生装置と各種の放射線測定装置を用いて、多くの放射線遺伝学上の研究がなされてきた。近年では放射性同位元素をトレーサーとして用いた実験が多く行われるようになっている。

昭和63年度には、放射性同位元素を用いた研究のための施設を拡充する目的で新RI棟を建設した。ここでは、核酸や蛋白質の素材である化学物質を放射性同位元素で標識して細胞に取り込ませ、放射性同位元素で標識された核酸や蛋白質を分析することや、遺伝子である核酸やその素材を試験管の中で直接標識し、酵素を用いて合成、分析する研究がなされる。主に用いられる放射性同位元素は $^3\text{H}$ 、 $^{14}\text{C}$ 、 $^{32}\text{P}$ などであり、これらは弱い透過力のベータ線を放出するが極めて微量でも検出できる。このため他の方法では検出できない微量の反応も測定でき、現代の遺伝子の研究には不可欠なものである。

当センターの研究室では放射線施設の管理運営に携わることから、バクテリアを用いて遺伝子の発現制御と細胞分化について研究を行っている。

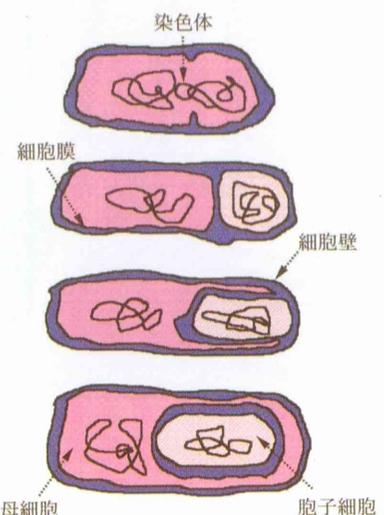
**枯草菌孢子形成の分子遺伝学：**枯草菌は細胞増殖を許す栄養源（ぶどう糖など）がなくなると、直ちに孢子を形成する。ただ一回の不等分裂によって一つの細胞の中に大小二つの細胞を作り、大きい細胞が小さい細胞を養育して孢子細胞へと導き、苛酷な条件（熱や乾燥）を克服して生き延びる。遺伝子を後世に伝える賢い方法である。

栄養源の枯渇はシグナル伝達を経て Spo0A と呼ばれる蛋白のリン酸化を引き起こす。このリン酸化された蛋白は細胞分化の開始と継続に必須の新しい転写制御因子群の誘導合成を引き起こす。新しく出現した転写制御因子群は、母細胞と孢子細胞における遺伝子の発現を制御し、二つの細胞の機能を分化させる。ここではもっとも簡単な細胞分化が観察される。

当研究室では細胞増殖とシグナル伝達の関係、試験管内転写制御系の確立、不等分裂の制御などの研究を行っている。



放射線・アイソトープセンター



枯草菌の孢子形成

母細胞

孢子細胞

実験圃場は、おもに植物関係の研究に用いられる実験植物を栽培管理しており、水田、畑、温室群と実験圃場管理棟から構成されている。また、低緯度地域から採集されたイネの系統を出穂させるための日長処理装置および外国から導入した植物を隔離栽培するための隔離温室、イネを周年栽培するための水田温室などの特徴ある施設がある。

実験圃場では、これらの施設を利用して関連研究部門の研究者の要請に基づいた実験植物の栽培、管理を通じて、それらの研究に協力している。さらに、遺伝実験生物保存研究センターの植物保存研究室の系統保存業務に協力し、イネ保存系統の種子の更新や株保存を行っている。



日長処理装置

野生イネや、熱帯の栽培イネの多くは、短日条件下で花芽が分化する性質をもつので、日本の自然条件では開花結実しない。日長処理装置は日長を自動的に調節して短日植物の開花を促進するための装置であって、野生イネを用いた遺伝実験や遺伝資源の保存のために重要である。

## 実験圃場



桑田

# 共同研究

## 【平成7年度】

研究課題	研究代表者
1 8-アジド-GTP類の合成とRNAポリメラーゼの構造・機能解析への応用	丸山徳見(徳島文理大学)
2 細胞増殖制御遺伝子の発現調節機構	松影昭夫(愛知県がんセンター研究所)
3 Q $\beta$ ファージRNA複製酵素宿主因子(HF-I)の宿主細胞内機能の研究	梶谷正行(帝京大学理工学部)
4 増殖定常期大腸菌RNAポリメラーゼの主要シグマ因子 $\delta^{38}$ (rpoS遺伝子産物)の研究	田中寛(東京大学分子細胞生物学研究所)
5 大腸菌の増殖段階移行に伴うRNAポリメラーゼとリボソームの動態の研究	和田明(京都大学理学部)
6 単純ヘルペスウイルスI型を用いたウイルスベクターの開発	小山一(徳島大学医学部)
7 細胞周期変異株を用いた核小体構築のダイナミクス	鮫島正純(東京都臨床医学総合研究所)
8 哺乳類細胞の細胞周期変異株を用いた染色体脱凝縮機構の解明	安田秀世(東京薬科大学生命科学部)
9 DNA複製期細胞核微細構造形成に関与するタンパク質の研究	矢倉達夫(関西学院大学理学部)
10 Two hybrid systemを用いた転写因子ELPに結合する因子のクローニング	丹羽大貫(広島大学原爆放射能医学研究所)
11 DNA複製開始におけるDNAルーピングおよびDNAベンディングの機能	犬塚學(福井医科大学)
12 大腸菌の2種類の翻訳開始tRNAの役割について	藤崎真吾(東邦大学理学部)
13 大腸菌の蛋白質分解酵素Prcの作用標的	西村行進(東邦大学理学部)
14 淡水産および海産ヒドロ虫類(刺胞動物門)の系統分類—幼生の変態誘引と生殖隔離の観点から—	久保田信(京都大学理学部)
15 ヒドラ解離細胞再集合塊における外胚葉、内胚葉上皮細胞選別機構	沢田康次(東北大学電気通信研究所)
16 ヒドラのペプチド性シグナル分子の単離と機能解析	渡辺一雄(広島大学総合科学部)
17 DNAから見たサンゴの系統分類	大森信(東京水産大学)
18 エピトープセレクション法による、ヒドラの細胞分化マーカー遺伝子と特異的抗体の単離	小早川義尚(九州大学理学部)
19 DNA超らせんによるウニ初期胚の転写調節に関する研究	赤坂甲治(広島大学理学部)
20 動物遺伝子の転写制御	半田宏(東京工業大学生命理工学部)
21 動物種の成長様式についての遺伝学的および生理学的比較研究	吉田高志(国立予防衛生研究所)

- 22 昆虫の個体と細胞の寿命に関する遺伝学的・細胞学的解析 岩淵喜久男 (東京農工大学農学部)
- 23 カイコガ科 (Bombycidae) における家蚕 (Bombyx mori) と野蚕 (Bombyx mandarina) の類縁関係の遺伝学的研究 藤井 博 (九州大学農学部)
- 24 コドン利用の差異に注目した生物の特異性の解析 工藤喜弘 (山形大学工学部)
- 25 高等動物クロマチン構造と染色体 GC 含量分布との関係の解析 三田和英 (放射線医学総合研究所)
- 26 染色体バンド構造と遺伝子塩基配列との関係の解析 猪子英俊 (東海大学医学部)
- 27 高等動物のS期内 DNA 複製スイッチ部位の解析 小平美江子 (放射線影響研究所)
- 28 染色体バンド構造と遺伝子塩基配列・反復配列との関係の解析 岡田典弘 (東京工業大学生命理工学部)
- 29 種の分化と遺伝子の分化に関する数理的解析 植田信太郎 (東京大学大学院理学系研究科)
- 30 塩基配列・アミノ酸配列の多重整列プログラムの開発 國藤 進 (北陸先端科学技術大学院大学)
- 31 癌細胞の増殖・浸潤過程での細胞外マトリックス糖蛋白テネイシンC・テネイシンXクロストーク機構の解明 酒井尚雄 (自治医科大学)
- 32 自己免疫疾患におけるサイトカインレセプターの構造異常の解析 中島 衡 (九州大学医学部附属病院)
- 33 造血幹細胞の増殖および単球系細胞への分化における遺伝子発現 仁保喜之 (九州大学医学部)
- 34 ヒト抗体遺伝子群の多型と発現に関する人類遺伝学的研究 松田文彦 (京都大学遺伝子実験施設)
- 35 免疫グロブリン遺伝子を用いて自己抗体を遺伝子工学的に再構成する 赤水尚史 (京都大学医学部)
- 36 ヒト染色体特異的 NotI 断片の2次元電気泳動像の確立 浅川順一 (放射線影響研究所)
- 37 DNA の2次元電気泳動法による解析 松原謙一 (大阪大学細胞生体工学センター)
- 38 Restriction Landmark Genomic Scanning (RLGS) 法を用いた、肝細胞癌特異的遺伝子変異の検索 小方則夫 (新潟大学医学部)
- 39 インターロイキン4の細胞内情報伝達経路における p47<sup>phox</sup> の役割の解析 住本英樹 (九州大学医学部)
- 40 アマゾン河流域の野生イネの生態・進化遺伝学的研究 大原 雅 (北海道大学農学部)
- 41 植物集団に発達する遺伝構造の理論的および実験的解析 米沢勝衛 (京都産業大学工学部)
- 42 ハツカネズミ  $\beta$ -グロビン遺伝子複合体の分子進化的解析 宮下信泉 (香川医科大学)

- 43 日中共同研究に基づき捕獲された野生マウス集団の補体系蛋白群の新しい変異体の変異様式の分子生物学的解析 坂井俊之助 (金沢大学がん研究所)
- 44 野生マウス系統の calreticulin 及び PDI 遺伝子多型の解析 山口 泰典 (福山大学工学部)
- 45 アジア産ハツカネズミ類における遺伝的分化および形態分類に関する研究 土屋 公幸 (宮崎医科大学)
- 46 I型糖尿病 (IDDM) モデルマウス NOD 系統における糖尿病感受性遺伝子の解析 若菜 茂晴 (実験動物中央研究所)
- 47 MHC 内の組換えに依存する毛色変異 (Rim5) の分子機構の解析 前田 正人 (社会保険三島病院)
- 48 YAC を用いたマウス第11染色体 Ts-js 遺伝子座領域の物理的地図の作成 米川 博通 (東京都臨床医学総合研究所)
- 49 大腸菌の細胞分裂における Glycyl-tRNA 合成酵素の役割 山田 優子 (自治医科大学)
- 50 大腸菌の細胞周期における AP<sub>4</sub>A とその結合タンパク質の役割 小林 恭子 (東京医科大学)
- 51 大腸菌の細胞分裂に関与する遺伝子群の解析 松澤 洋 (東京大学農学部)
- 52 深海環境 (低温, 高圧) における大腸菌の適応増殖の研究 金丸 京子 (海洋科学技術センター)
- 53 不死化遺伝子導入マウスや胚幹細胞を使った造血系初期幹細胞の増殖および分化調節機構に関する研究 中辻 孝子 (東海大学海洋学部)
- 54 中枢神経系ニューロンの移動に関する研究 永田 功 (東京都神経科学総合研究所)
- 55 レーザー切断 DNA を用いたシーケンシングに関する研究 鷲津 正夫 (成蹊大学工学部)
- 56 シトクロム P-450cam オペロン・リプレッサー (Cam リプレッサー) は DNA 上をスライドするか? 荒牧 弘範 (第一薬科大学)
- 57 線虫細胞死遺伝子 ced-3, ced-4 の作用機構 三浦 正幸 (筑波大学基礎医学系)
- 58 帰納推論法を用いた分子進化系統樹の構築 田中 博 (東京医科歯科大学難治疾患研究所)
- 59 チロシナーゼ遺伝子ファミリーの分子進化的解析 山本 博章 (東北大学理学部)
- 60 クリングル遺伝子群の分子進化的再評価と合成プライマータグによる新しい遺伝子の探索 高橋 敬 (島根医科大学)
- 61 酵母の系を用いてクローン化された線虫の情報伝達関連遺伝子の生体内機能の解析 飯野 雄一 (東京大学大学院理学系研究科)

- 62 線虫 *C.エレガンス* の *cet-1* 突然変異株  
の単離 森田清和 (北海道大学薬学部)
- 63 *Caenorhabditis elegans* ミトコンドリア  
電子伝達系酵素の発現調節機構 北 潔 (東京大学  
医科学研究所)
- 64 枯草菌の *in vitro* の転写系を用いた遺  
伝子発現制御系の解明 藤田泰太郎 (福山大学工学部)

研究会名	研究代表者	開催予定日
1 ウイルスのセントラ ルドグマ	永田恭介 (東京工業大学 生命理工学部)	7.12.18~7.12.19
2 植物ウイルスの複製 と伝播の分子機構	渡辺雄一郎 (帝京大学理工学部)	7.8.28~7.8.29
3 転写における蛋白-DNA, 蛋白-蛋白相互作用	饗場弘二 (名古屋大学理学部)	7.10.20~7.10.21
4 細胞増殖制御の分子 機構	花岡文雄 (大阪大学 細胞生体工学センター)	7.12.15~7.12.16
5 日本産アリ類データ ベース研究会	鶴川義弘 (農業生物資源 研究所)	7.5.6~7.5.7
6 ヒドラの発生生物学	小泉修 (福岡女子大学 家政学部)	7.12.15~7.12.16
7 造血幹細胞増殖分化 の機構の学際的研究	仁保喜之 (九州大学医学部)	8.2.17
8 東南アジアにおける 野生イネ遺伝資源の 現状とその保存	佐藤雅志 (東北大学 遺伝生態研究センター)	8.1.16~8.1.17
9 自然生態系を生かした 遺伝資源の保存	秋濱友也 (明治大学農学部)	7.9.21~7.9.22
10 検証:イネの起源と 進化 (日中合同研究 会)	森島啓子 (国立遺伝学研究所)	7.6.19~7.6.20
11 イネの分子遺伝学	島本功 (奈良先端科学技術 大学院大学)	7.6.15~7.6.16
12 高次機能・形態遺伝 子のポジショナルク ローニング	米川博通 (東京都臨床医学 総合研究所)	8.1.11~8.1.12
13 DNA標識を用いたリ コンビナント近交系 マウスの QTL 解析	西村正彦 (浜松医科大学)	7.7.20~7.7.21

## 【平成7年度】

国際学術研究 24,000千円

キバハリアリ類における染色体進化と種分化  
中国に分布する作物資源の遺伝的評価と開発的研究  
DNA データベースを中心とする生命情報学データベースの構築に関する研究  
真核生物組換え蛋白質の機能解析  
転写装置の分子解剖  
細胞外マトリックス蛋白質テネイシン・ファミリーの遺伝子破壊による機能解析

重点領域研究 147,700千円

分化・増殖スイッチの分子機構

核機能発現の場の構築

ユビキチン系の制御を受ける DNA 修復と誘導突然変異機構

GTP 結合蛋白質の翻訳後修飾による機能発現制御メカニズムに関する研究

ショウジョウバエの器官形成を制御する転写制御因子

昆虫の変態期にホルモンによって誘導される転写因子の制御ネットワークの解析

ショウジョウバエ気管系をモデルとしたパターン形成の研究

新しい分子系統樹作成法の開発とその応用

ショウジョウバエ種間雑種の形態・発生異常の遺伝学的解析

転写開始期の動的シグナル認識

DNA および転写因子との相互作用に関わる RNA ポリメラーゼ上の構造  
がん遺伝子導入マウス胚由来の神経系幹細胞の増殖・分化に関する研究  
新しく見出した細胞外マトリックス蛋白質のがん浸潤と転移への関与  
についての研究

アミノ酸配列のマルチプル・アラインメントからのモチーフの抽出と立体構造との対応

高等植物の染色体バンド境界領域の核内配置とその動態

核小体の G2-M 期移行による代謝と動態のユビキチン系による制御

マウス減数分裂における染色体動態と組換えのホットスポット

ヒドラ生殖細胞の特質

マウス胎仔生殖細胞の分化制御機構に関する研究

総合研究(A) 19,700千円

適応進化のメカニズムに関する分子集団遺伝学的研究

タンパク質高次構造に視点を置いた「分子構造系統学」の新展開

一般研究(A) 16,600千円

HIV と C 型肝炎ウイルスの分子進化機構の解明

一般研究(B) 29,200千円

植物遺伝子資源の自生地における保存に関する基礎研究

マウス始原生殖細胞の増殖分化調節機構及び発生工学的操作の研究

マウス減数分裂における相同染色体間組換え機構の研究

RNA ポリメラーゼの分子解剖：転写因子作用部位のマッピング

転写メディエーターの機能解析

ヒドラ細胞接着分子

血液型関連遺伝子の集団遺伝学的解析

温血脊椎動物染色体バンド境界部位の構造と機能について

DNA の進化と変異の機構

ユビキチン系における分子識別と細胞機能制御

ショウジョウバエ単一細胞破壊システムの開発とその器官形成機構解明への応用

一般研究(C) 7,400千円

細菌細胞の分裂隔壁形成の制御機構

ヒドラの再生に関する遺伝子の解析

大腸菌 RNA ポリメラーゼβサブユニットの構造と機能

大腸菌の SOS 応答における細胞増殖の制御機構

同化デンプン合成系遺伝子の単離とその機能の解明

インターロイキン4による免疫グロブリンE発現機構の解析

細胞外マトリックス蛋白質テネインファミリーの総合的解析

DNA マーカーによるサンゴの種分類と雑種検定

奨励研究(A) 4,900千円

ショウジョウバエゲノムにおけるヒッチハイキング効果の検証

拡散性シグナル因子ホモセリンラクトンの大腸菌における合成系と作用系の解析

線虫 C. elegans の神経分化や回路形成に異常を示す突然変異体の探索

タンパク質フットプリント法による転写複合体の解析

分子進化の中立仮説の統計的検定法に関する研究

試験研究(A) 31,500千円

分子進化学的方法論に基づく遺伝子機能予測法の開発

試験研究(B) 15,400千円

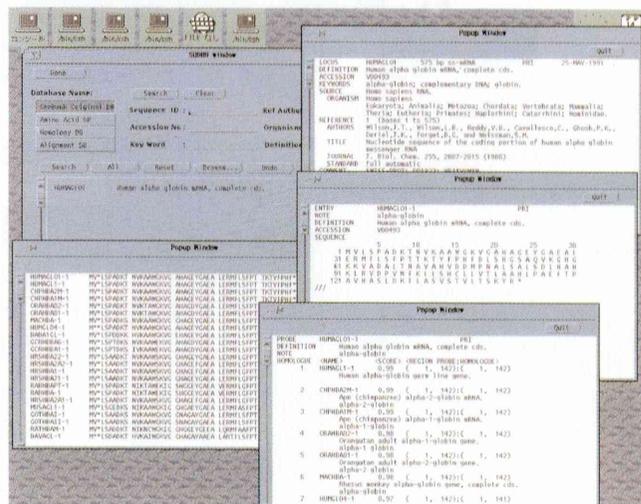
遺伝子系統樹・種系統樹データベースの開発

コンソミック・マウス系統の作成

## 民間等との共同研究

### 【平成7年度】

研究課題	研究代表者	相手方民間機関
ウイルス増殖の分子機構の研究	分子遺伝研究系 教授 石浜 明	株式会社創薬技術研究所
大量DNAデータの分子進化学的解析と遺伝子機能領域同定法の研究開発	生命情報研究センター 教授 五條堀 孝	富士通株式会社



相同性分類データベースとその検索用ソフトウェア

# 国際交流

## 【外国人研究者の受け入れ】

### 1. 文部省外国人研究員制度による受け入れ

氏名	所属	研究課題	受入教官	期間
Shokunbi, Matthew, Temitayo	ナイジェリア イバダン大学 医学部	マウス大脳皮質の発生における形質形成機構の解析	遺伝実験生物保存研究センター 中 辻 憲 夫	平7.2.1 ～8.1.31

### 2. 日本学術振興会による受け入れ

氏名	所属	研究課題	受入教官	期間
才 宏偉	中華人民共和国 北京農業大学	中国野生イネの遺伝的評価とその開発的研究	育種遺伝研究部門 森 島 啓 子	平6.6.9 ～7.6.8
Wakeley, John, R	アメリカ合衆国 カリフォルニア大学 生物学科	塩基置換モデルと自然集団の進化に関する研究	集団遺伝研究部門 太 田 朋 子	平6.9.1 ～7.8.31

### 3. 国立遺伝学研究所外国人研究員制度による受け入れ

氏名	所属	研究課題	受入教官	期間
李 豊倩	中華人民共和国 中国農業科学院 蚕業研究所	BmFTZ-F1 による Fushi tarazu 遺伝子転写活性化に必要なメディエーターのクローニングと解析	形質遺伝研究部門 廣 瀬 進	平6.4.1 ～7.4.9

## 【海外渡航件数】（平成6年度）

国名	件数
アメリカ合衆国	19
ドイツ・フランス	2
中 国	3
連 合 王 国	14
韓 国	2
そ の 他	19
計	59

## 【協定の締結】

相手機関名	協定の名称	締結年月日
中国天津市 労働衛生職業病研究所	中国北部地理区における野生小児（ハツカネズミ）の遺伝学的調査と実験動物化に関する共同研究	平成5.6.12
中国衛生部 蘭州生物製品研究所	中国主要動物地理区における野生小児（ハツカネズミ）の遺伝学的調査と実験動物化の共同研究（合作）	平成4.11.1

## 【研究所の一般公開】

科学技術週間における行事の一環として、各研究部門の展示及び学術講演を行い、学術映画を上映し、研究所の一部を公開して一般の見学に供している。



## 【公開講演会】

年1回、秋、東京で本研究所教官を講師として、一般を対象に遺伝学公開講演会を開催している。



## 研究を促進する ための活動

### 【内部交流セミナー】

研究所内における研究経過を発表し討論する会で、盛夏の時期を除き毎週金曜日に開かれる。

### 【Biological Symposia】

外国の研究者が来訪の際に随時開催し、講演討論を行う。

### 【日本遺伝学会三島談話会】

研究所及び三島市付近在住の会員で組織され、原則として月1回程度会員による研究成果発表と討論を行う。



内部交流セミナー

## 大学院教育協力

国立遺伝学研究所は、遺伝学に関する総合研究の中核として共同利用に供するとともに、研究者の養成についても各大学の要請に応じて、当該大学の大学院における教育に協力し、学生の研究指導を行うことができる（国立学校設置法第9条の2第3項、大学院設置基準第13条第2項、大学共同利用機関組織運営規則第2条第3項）。

以上の規定をふまえて、昭和59年度から全国の国・公・私立大学の大学院学生を特別研究学生として受け入れている。

# 総合研究大学院大学 生命科学研究科 遺伝学専攻の概要

## 【目 的】

総合研究大学院大学は、大学共同利用機関との緊密な関係及び協力の下に、その優れた研究機能を活用して、高度の、かつ国際的にも開かれた大学院の教育研究を行い、新しい学問分野を開拓するとともに、それぞれの専門分野において学術研究の新しい流れに先導的に対応できる幅広い視野を持つ、創造性豊かな研究者を養成することを目的とします。

遺伝学専攻は、遺伝学を基礎とする生命科学の研究と教育を通じて大学の活動の一端を担うものです。

## 【教育研究の概要】

遺伝学は、生命現象を遺伝子との関連のもとに解明する学問です。この学問は、従来から生物学の一分野にとどまらず、理学・農学・医学・薬学等の隣接分野とも深い関わりをもってきましたが、近年の分子レベルにおける遺伝学の目覚ましい発展に伴って、今日では広く生命科学の中核として重要な役割を担うようになりました。

本専攻は、母体となる国立遺伝学研究所で進められている分子・細胞・個体・集団の各研究分野およびこれらを基盤とする応用的研究分野において、遺伝学の最先端を学習させるとともに、高度でかつ独創性のある研究題目について、数多くの実験生物系統と、よく整備された DNA データベース並びに放射線・アイソトープ装置等をも活用して教育研究を行っています。

## 【教育研究の特色】

遺伝学は独創的・先端的で高度かつ学際的学問であることの特殊性から5大講座に設置する特色ある各授業科目をすべて選択性としています。また、各大講座には演習を設け、積極的な受講を促すとともに研究指導の指針としています。

さらに、母体となる国立遺伝学研究所において実施される定期的な研究活動（内部交流セミナー、Biological Symposia 等）の参加を義務づけるとともに、国立遺伝学研究所に既存する遺伝実験生物保存研究センター、遺伝情報研究センター、放射線・アイソトープセンター及び実験圃場が持つ機能、施設・設備等を十分に活用できるようになっています。

## 【大講座・教員研究指導分野の内容】

大 講 座	指 導 分 野	分 野 の 内 容
分子遺伝学	分子構造学	遺伝物質の分子構造原理を化学的・物理学的に教育研究する。
	分子機能学	遺伝物質の機能とその制御を分子水準で教育研究する。
	分子形成学	遺伝物質の形成原理と形成機構を分子の水準で教育研究する。
細胞遺伝学	細胞遺伝学	真核生物の遺伝的組換え機構、細胞増殖機構、遺伝子及び染色体を指標とした種分化の機構、細胞質遺伝因子の構造等を教育研究する。
	哺乳類遺伝学	哺乳動物に特有な遺伝機構を教育研究する。
	微生物遺伝学	原核生物の細胞分裂機構、染色体複製機構、細胞質遺伝因子の遺伝機構等を教育研究する。
個体遺伝学	発生遺伝学	動物の形態形成機構及びその基盤をなす細胞分裂・分化の機構を教育研究する。
	形質遺伝学	個体発生過程の遺伝的形質の発現機構及び遺伝と環境との相互関係について教育研究する。
	行動遺伝学	動物の行動を制御する遺伝機構を教育研究する。
集団遺伝学	集団遺伝学	集団の遺伝的構成変化の法則に関して教育研究する。
	進化遺伝学	生物進化の遺伝的機構を表現型と分子の両レベルで教育研究する。
	分子進化学	DNAや蛋白質の構造を理論的かつ実験的に解析し、遺伝子進化の過程と仕組みを教育研究する。
応用遺伝学	人類遺伝学	代謝異常や腫瘍の発生にかかわる遺伝要因をDNA及び蛋白質分子レベルの変異として実験的に解析し、ヒト・生命現象の分子遺伝学的特性と個体差に関して教育研究する。
	植物遺伝学	有用植物の進化・適応・形質発現に関する遺伝学的研究及び遺伝資源生物の収集・保存の理論と技術に関して教育研究する。

## 【入学定員及び入学者数】

年 度	平 成 元年度	平 成 2年度	平 成 3年度	平 成 4年度	平 成 5年度	平 成 6年度	平 成 7年度
入学定員	6 <sup>人</sup>	6 <sup>人</sup>	6 <sup>人</sup>	6 <sup>人</sup>	6 <sup>人</sup>	6 <sup>人</sup>	6 <sup>人</sup>
入学者数	9(1) <sup>人</sup>	5(4) <sup>人</sup>	8(3) <sup>人</sup>	11(2) <sup>人</sup>	13(1) <sup>人</sup>	8(1) <sup>人</sup>	7(2) <sup>人</sup>

( ) は女子で内数

## 【修了要件及び学位の種類】

### 1. 修了要件

3年以上在学し、本専攻で定めた授業科目について、10単位以上修得し、かつ、必要な研究指導を受けた上、博士論文の審査及び試験に合格することとする。

ただし、在学期間に関しては、特に優れた研究業績を挙げた者については、短縮することがある。

### 2. 学 位

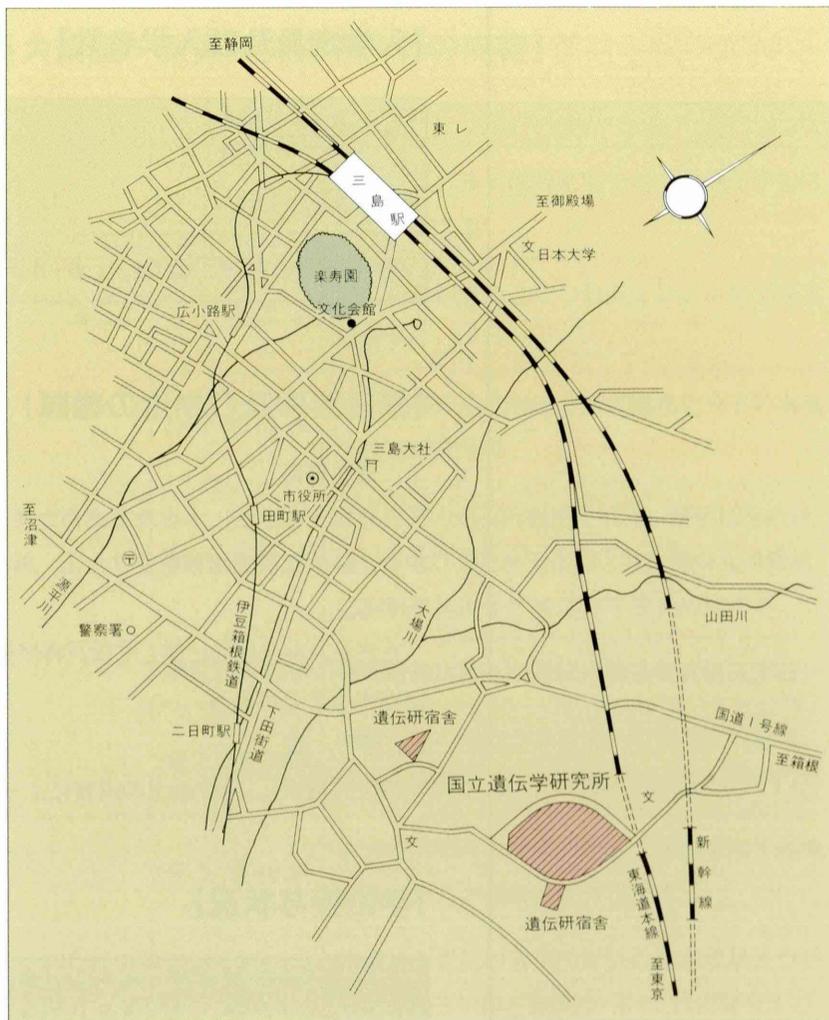
博士（理学）。学位論文の内容によっては博士（学術）が授与される。

## 【学位授与状況】

授与年度	平 成 3年度	平 成 4年度	平 成 5年度	平 成 6年度
課程博士 (理学)	6 <sup>人</sup>	4 <sup>人</sup>	9 <sup>人</sup>	7 <sup>人</sup>
論文博士 (理学)	0 <sup>人</sup>	0 <sup>人</sup>	1 <sup>人</sup>	0 <sup>人</sup>

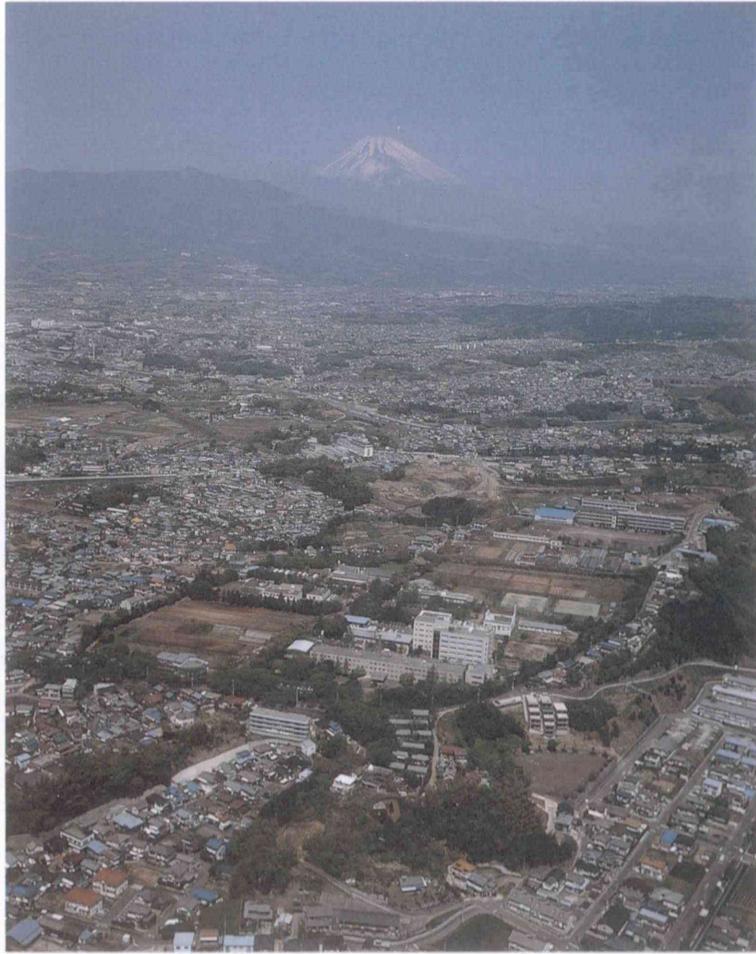


# 位置図



三島駅からの距離 約4 km  
 所要時間 バス約15分  
 タクシー約10分





---

平成7年7月 発行

**国立遺伝学研究所要覧 1995**  
**NATIONAL INSTITUTE OF GENETICS**

国立遺伝学研究所管理部庶務課  
〒411 静岡県三島市谷田1111  
TEL 0559-81-6707  
FAX 0559-81-6715

---



シンボルマークは減数分裂第一中期の分裂像を図案化したもので、「地球の歴史は地層に、生物の歴史は染色体に記されてある」(木原 均、1946)を表している。