

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構

国立遺伝学研究所

National Institute of Genetics

国立大学法人 総合研究大学院大学

遺伝学専攻

Department of Genetics, SOKENDAI

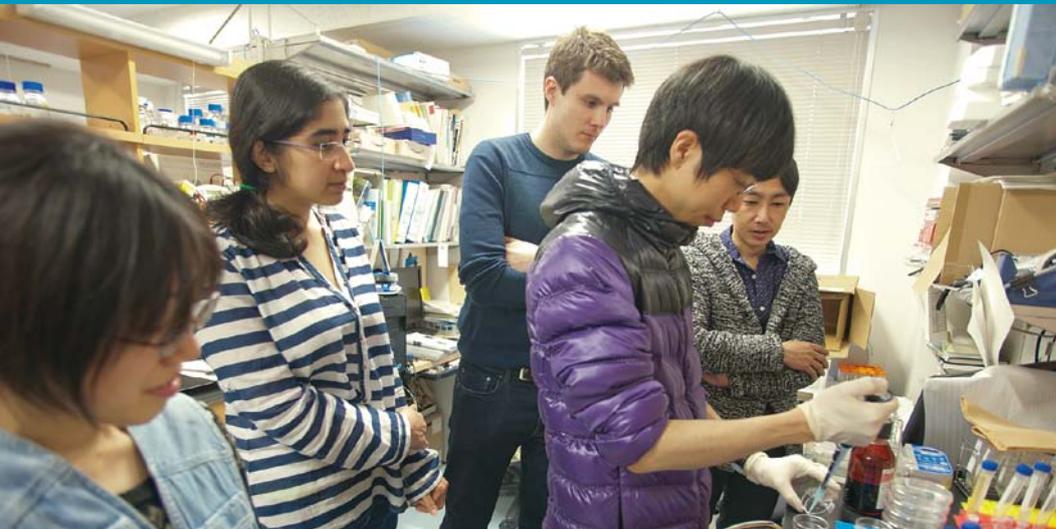
2019 要覧











国立遺伝学研究所は、遺伝学の基礎とその応用に関する総合的研究を行い、学術研究の発展に寄与することを目的として設置された大学共同利用機関\*です。  
 \*大学共同利用機関は、個別の大学では整備や維持が困難な大型装置などを有し、全国の研究者との共同利用・共同研究を推進する研究機関です。

National Institute of Genetics (NIG) was established to carry out broad and comprehensive research in genetics. NIG contributes to the development of academic research as one of the inter-university research institutes constituting the Research Organization of Information and Systems (ROIS).



*Fumio Hamada*

# Message from the Director-General

## 遺伝学と「遺伝研の役割」

DNAの二重らせん構造の発見は、遺伝学を物理学や化学も包含する自然科学全体の基礎となる学問にまで発展させました。さらには遺伝子組換え動植物の作成、DNAシーケンサー、そしてゲノム編集と急速な技術の発展・応用に伴い、遺伝学は人文・社会科学分野へも多大な影響を与える研究領域へと変貌を遂げつつあります。

国立遺伝学研究所は遺伝学に関する基礎的研究とその指導・促進を図ることを目的として1949年に文部省の研究所として発足し、本年、創立70周年を迎えました。その歴史は生命科学の爆発的な発展と重なり、分子進化の中立説、mRNAのキャップ構造の発見、DNA複製起点の同定など、数々の優れた研究業績を挙げてきました。また1984年には大学共同利用機関として学術コミュニティー全体の研究を促進する役割を担いつつ、1988年には新たに設置された総合研究大学院大学で生命科学研究科遺伝学専攻を担当し、独自の大学院教育を行うようになりました。2004年には大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構の一員として法人化され、国立情報学研究所、国立極地研究所、統計数理研究所とともに「情報」と「システム」という視点から、人類の将来的な課題にも取り組んでおります。

現在、遺伝研では約400人の様々な職種の人たちが遺伝学の先端的な研究、遺伝資源の保存と利用、遺伝情報データベースの整備と利用、遺伝学を基盤とした高度な教育と人材育成などに日々励んでおります。研究に関しては、大腸菌からイネ、マウス、ヒトに至る様々な生物を対象に、遺伝学に関する独創的な研究を推進し、世界的にも高く評価されています。研究基盤整備では、DNAデータバンク (DDBJ)、実験生物系統の分与、先端ゲノミクス推進事業などによって学術コミュニティーに貢献しています。また教育・人材育成では学生数に対する教員数の多さを活かした大学院教育を行うとともに、有望な若手研究者に新しい分野を開拓させるための将来を見据えた体制を構築しております。

研究所の果たすべき役割は、当該研究分野を発展させ、その成果を世界中の人々と分かち合い、得られた知識の社会還元を目指して努力することにあります。生命科学には無数の謎が残されており、遺伝研は世界中の研究者たちと切磋琢磨し、あるいは協力しつつそれらの謎を解き、人類の幸福に貢献していきます。皆さまの一層のご理解とご支援をお願い申し上げます。

所長 花岡 文雄

The National Institute of Genetics (NIG) was established by the Ministry of Education in 1949, just 70 years ago, for basic research in genetics, as well as its instruction and promotion. Its history has overlapped with the explosive development of life science, and we have produced many outstanding scientific achievements including the neutral theory of molecular evolution, the discovery of the mRNA capping mechanism, and the identification of DNA replication origins, among others.

Since NIG was reorganized as an Inter-University Research Institute in 1984, we have taken the role of stimulating the entire academic community as a national core center for genetics. Additionally, NIG has functioned as the Department of Genetics, SOKENDAI (the Graduate University for Advanced Studies) offering a unique postgraduate program since 1988.

Currently we have about 400 members working in research, maintenance, education and supervision. There are 34 internationally acclaimed groups in varied fields ranging from bacteria to humans, from molecules to populations, and from theory to experiments.

We also serve the scientific community in Japan and the world by providing research infrastructure, including the DNA database (DDBJ), bio-resources of various experimental organisms, and advanced genomic services.

Our role is to promote our research fields, to share our research achievements worldwide, and to introduce them to society. There are many wonders in life science and NIG is dedicated to tackling such mysteries from the genetic point of view through collaboration with international researchers and driven by new discoveries that will lead to improvements in human welfare. Your understanding and continued support of our activities is cordially appreciated.

HANAOKA, Fumio Director-General

# Contents

## 目次

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

### 国立遺伝学研究所70周年

- 10** 組織の変遷をたどる  
Evolution of Organization

- 12** 遺伝学の未来  
Future of Genetics

- 19** 概要  
Outline

- 24** 遺伝研へのアクセス  
Access to the Institute

### 遺伝研の研究活動

- 27** 研究活動  
Research Activities

- 61** 国際戦略アドバイザー／客員教授  
International Strategic Advisor / Visiting Professor

- 63** 産学連携・知的財産室  
NIG INNOVATION

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

- 65** 男女共同参画推進室  
Office for Gender Equality

- 68** ライフサイエンス統合データベースセンター  
Database Center for Life Science

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

### 共同利用・共同研究

- 72** 生命情報・DDBJセンター  
Bioinformation and DDBJ Center

- 73** 国立遺伝学研究所スーパーコンピュータシステム  
NIG Supercomputer System

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

- 75** 生物遺伝資源センター  
Genetic Resource Center

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

- 77** 共同研究・研究会  
NIG-JOINT (Joint Research and Research Meeting)

- 82** 国際交流  
International Activities

- 85** 遺伝学電子博物館  
Cyber Museum of Genetics

- 86** 総合研究大学院大学 生命科学研究所 遺伝学専攻  
Department of Genetics, School of Life Science, SOKENDAI

### 遺伝研データ

- 93** 運営  
Management

- 97** 研究教育職員・研究員・学生  
Research Staff and Students

- 101** 管理部と技術課職員  
Department of Administration and Technical Section

- 102** 沿革  
History

- 104** 2018年に発行された論文一覧  
Publications in 2018

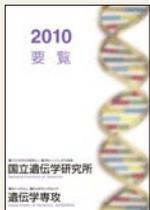
- 107** 予算／科学研究費  
Budget / Grant-in-Aid for Scientific Research

- 108** バイオロジカルシンポジウム  
Biological Symposia

- 110** 表彰・受賞歴／知的財産権  
Awards and Honors / Intellectual Property Rights

- 111** 情報・システム研究機構  
Research Organization of Information and Systems

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



2010



2011



2013



2015



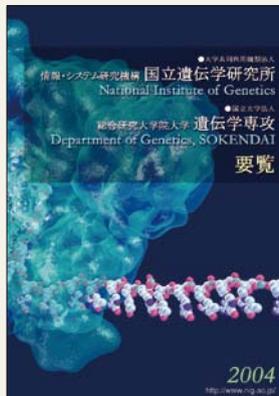
2016



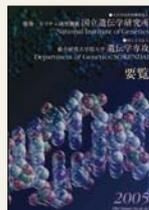
2018



2019



2004



2005



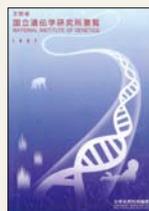
2006



2007



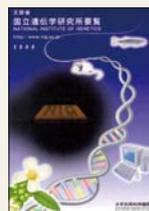
2009



1997



1999



2000



2001



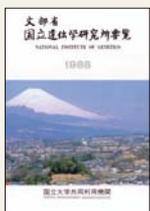
2002



2003

# 国立遺伝学研究所

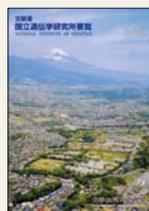
## National Institute of Genetics



1988



1989



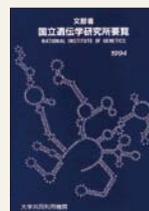
1991



1992



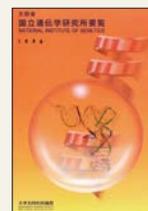
1993



1994



1995



1996



1968



1972



1974



1979



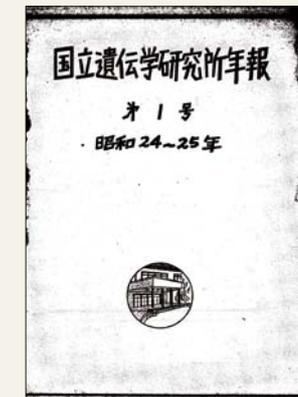
1981



1984



1986



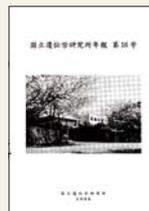
1949



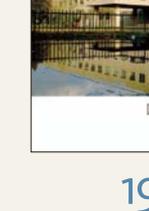
1962



1964



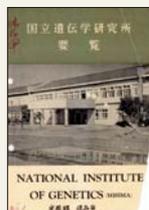
1966



1967



1952



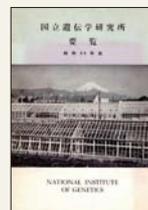
1953



1954



1956



1959



1961

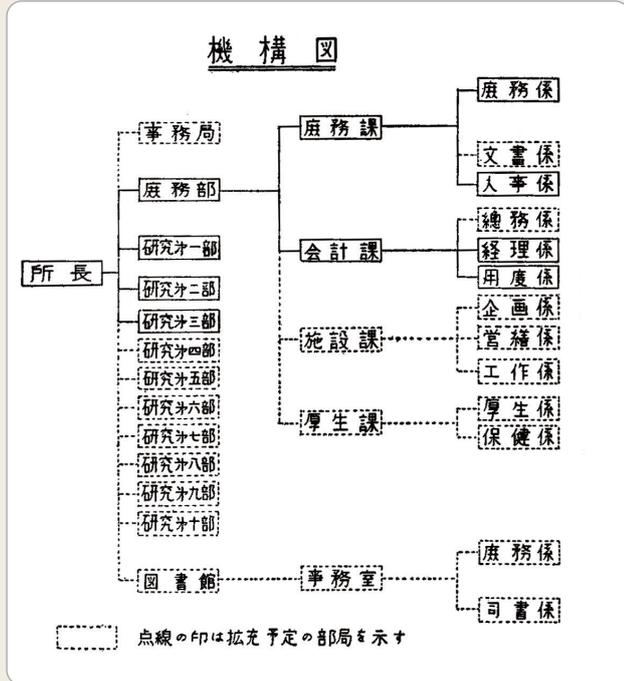


# 国立遺伝学研究所創立70年 その組織の変遷をたどる

## 70 years of NIG Evolution of its Organization

### 発足 Establishment

# 1949



遺伝学に関する総合研究機関として設置した。目的は「基礎理論の確立によつて應用的諸問題の解決に正しい據点を与え、あわせて各方面における遺伝学研究の指導連絡及び促進をはかる (年報第1号より)」

Established as a national research institute for conducting integrated research on Genetics, aiming to study principles of heredity thereby providing the theoretical basis for solving applied problems. The institute was also designed for the leadership in, as well as coordination and promotion of genetical researches in Japan. (Annual Report #1)

### ●1949年～1983年に行われた組織改編

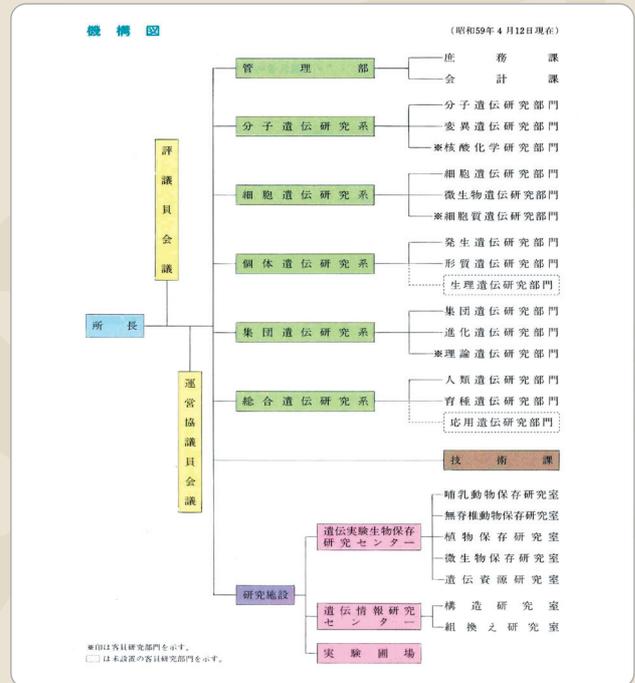
#### Expansions from 1949 to 1983

当初の3研究部 (形質遺伝、細胞遺伝、生理遺伝) に順次、生化学遺伝、応用遺伝、変異遺伝、人類遺伝、微生物遺伝、集団遺伝、分子遺伝の7研究部を加え、1969年には目標の10研究部に拡充した。

Started with 3 Departments (Morphological Genetics, Cytological Genetics, Physiological Genetics). Was expanded to 10 departments by 1969 through adding 7 Departments (Biochemical Genetics, Applied Genetics, Induced Mutation, Human Genetics, Microbial Genetics, Population Genetics, Molecular Biology).

### 改組 Reorganization

# 1984



文部省の所轄機関から国立大学共同利用機関になった。10研究部と1研究施設から成る組織を、5研究系、2研究センター、実験圃場に改組し、技術課を設置した。部長・室長・研究員という肩書きが、教授・助教授・助手になった。

Reorganized as an Inter-University Research Institute to act as a research hub for researchers of National Universities in Japan. Former 10 departments and 1 center were reorganized into 5 research departments, 2 centers, and the Experimental Farm. Technical Section was also added. Job titles were changed from Head of the Department, Head of the Laboratory and Researcher, to Professor, Associate Professor and Assistant Professor.

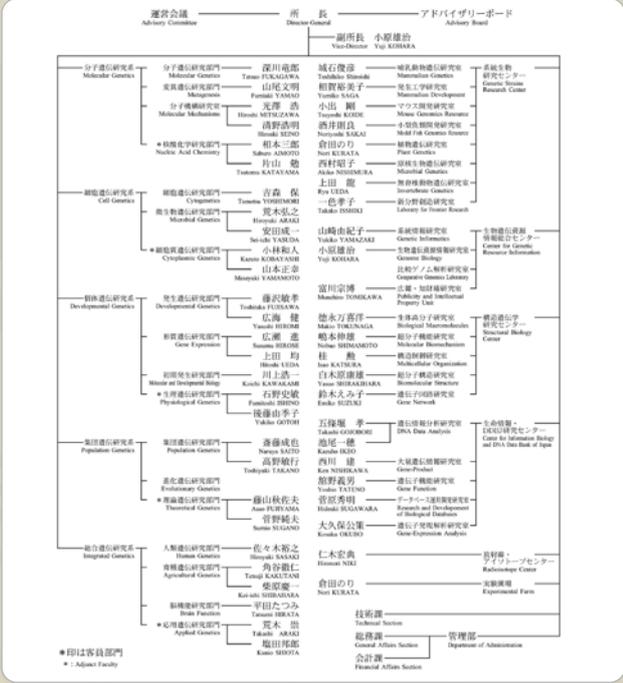
### ●1984年～2003年に行われた組織改編

#### Expansions from 1984 to 2003

総合研究大学院大学の設立に生命科学研究所遺伝学専攻として参画した(1988)。研究センターを大幅に改組・拡充した。特に、共同利用の充実のために、生命情報研究センター (1995)、系統生物研究センター (1997)、生物遺伝資源情報総合センター (1997)を設置した。研究系では、脳機能と初期発生の2研究部門を設置した(1998)。

Joined the Graduate University for Advanced Studies (SOKENDAI) as the Department of Genetics, School of Life Science (1988). Research Centers were reorganized and significantly expanded in order to enhance intellectual infrastructure and research collaborations; the Center for Information Biology (1995), the Genetic Strains Research Center (1997) and the Center for Genetic Resource Information (1997) were established. Two new divisions were added to Research Departments: the Division of Molecular and Developmental Biology and the Division of Brain Function (1998).

# 法人化 Integration into ROIS 2004



情報・システム研究機構の一員となることにより、複雑な問題を「情報とシステム」という立場から捉え、分野の枠を越えて統合的に研究。新分野の開拓を図った。

NIG became a member of the Research Organization of Information and Systems by joining forces with three other research institutes, National Institute of Informatics, The Institute of Statistical Mathematics, and National Institute for Polar Research. This new alliance enabled NIG to address complex problems from the viewpoints of "Information" and "System", and to develop new fields through cross-disciplinary research projects.

## ●2004年～2018年に行われた組織改編 Expansions from 2004 to 2018

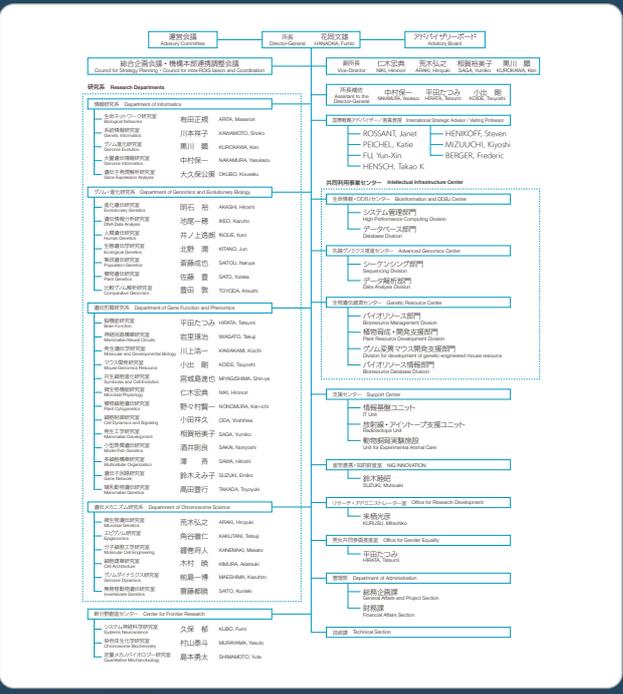
事業体制の明確化を目的に、先端ゲノミクス推進センター(2011)、生物遺伝資源センター(2012)、DDBJセンター(2012)の3共同利用事業センターを設置した。

人材と分野を同時に育成するためのインキュベーションセンターとして新分野創造センターを設置(2006)した。若手の優れた研究者が研究室主宰者(テニユアトラック准教授)として研究室を運営し、遺伝学とその周辺領域に新分野を開拓する研究をおこなう。

Three intellectual infrastructure centers were established to increase the visibility and functionality of research infrastructure: the Advanced Genomic Center (2011), the Genetic Resource Center (2012) and the DDBJ Center (2012).

The Center for Frontier Research (2006) was made as an incubation center to simultaneously develop two elements: human resources and new research fields. Promising young scientists conduct research as principal investigator (tenure-track associate professor) to explore new frontiers in genetics and related areas, taking advantage of NIG's research infrastructure and various support systems.

# 組織改編 Restructuring 2019



既存の研究系は、設置から約34年が経過した。この間の著しい生命科学の進展により、遺伝学を先導するに相応しい研究系の組織を再検討する時期に来ている。また、研究センターの多くは、共同利用事業センターの設置や生命科学の進展に伴い設置当初の目的が失われた。

そこで、大学共同利用機関の責務である、研究、共同利用事業、人材育成をより効果的に推進するために再編することとした。これにより、これからの遺伝学を先導し、そのための研究基盤を提供する国立遺伝学研究所の組織体制を研究コミュニティに明示することが可能となる。(「国立遺伝学研究所組織改編について」より抜粋)

Life science research has experienced an enormous development during the 34 years after the current research departments were established. Owing to this development, as well as the establishment of three research infrastructure centers, many of the research centers have lost the original missions they possessed at their conception. Now is the time to reconsider the organization of the institute, so that NIG can continue to play a leading role in the research on genetics.

NIG has decided to restructure its organization in order to better carry out the mission as an inter-university research institute: excellence in research, service to the research community, and fostering researchers of the next generation. This will allow NIG to present its functional structure to the research community, in leading frontiers in genetics and providing its research infrastructure. (Excerpt from "The Reorganization of National Institute of Genetics")



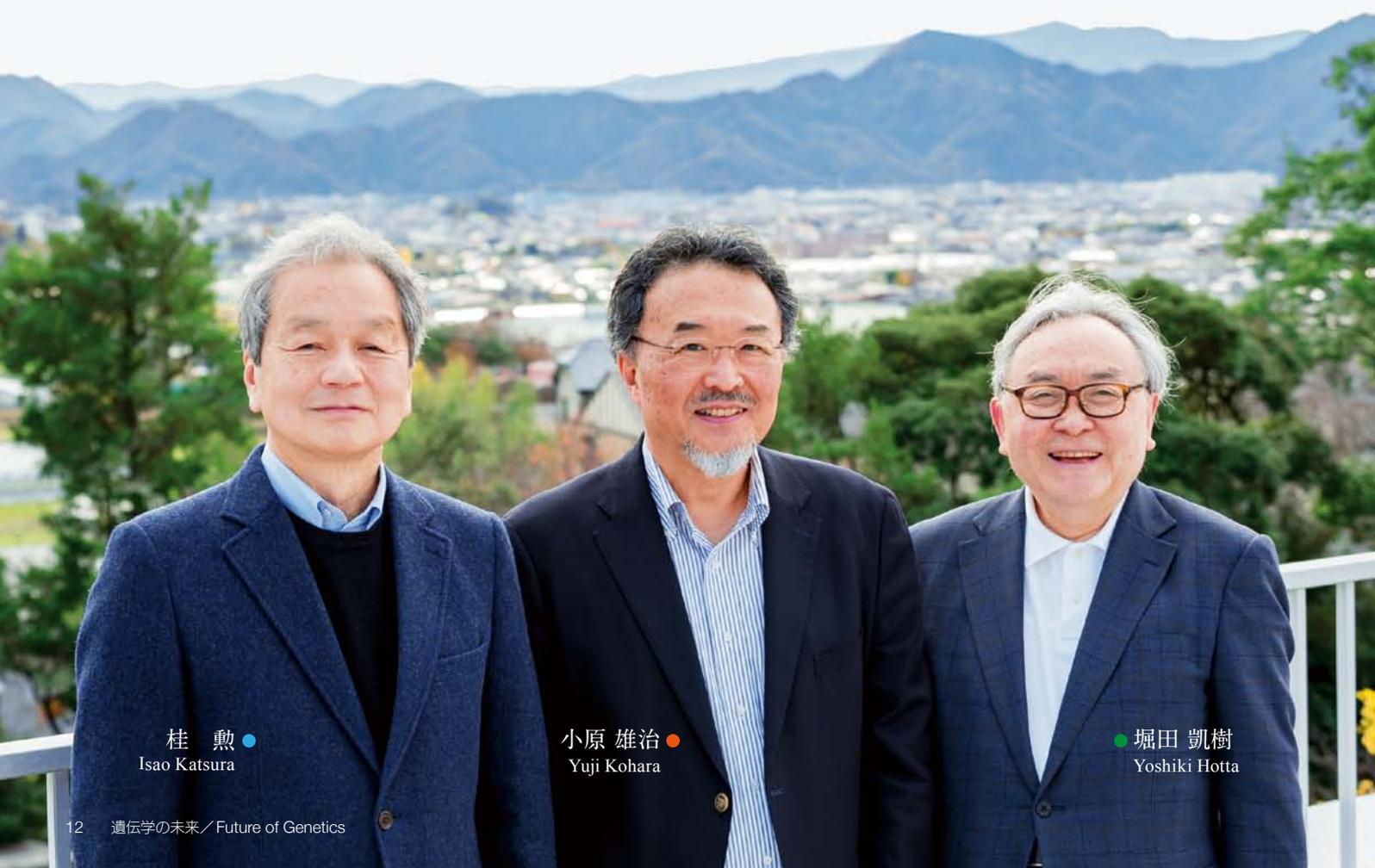
# これからの遺伝学へ向けて、 過去20年を顧みる。

## Toward the Future of Genetics -- Reflextion on the Past 20 Years



1949年、文部省所轄研究所として三島の地に設置された国立遺伝学研究所（遺伝研）。当初は「遺伝に関する学理の総合研究」を柱にスタートし、その後、分子生物学の興隆という大きな潮流の中で、伝統的な遺伝学からゲノム解析が不可欠な時代への流れとともに理論研究と実験研究が相携えて発展してきました。このような変化は、研究者自身にとっても方法的な大転換を迫られるものであり、また一方では遺伝学の拠点として、社会に対して「ゲノム」の知識や理解を広めるというミッションも担ってきました。遺伝研創立70年という節目に寄せて、1997年から昨年までに在任した3人の所長が集まり、激動の時代を振り返りつつ、これからの遺伝学へ向けて議論を交わしました。

The National Institute of Genetics (NIG) was established in Mishima in 1949 as a research institute for “comprehensive research on principles of heredity”, under the jurisdiction of the Ministry of Education. The subsequent rise of molecular biology allowed for cooperative development of theoretical and experimental research at NIG, during the global shift from traditional genetics to genome analysis. Such developments in biological research have driven researchers to substantially expand their methodologies, and NIG has been supporting the entire scientific community as a hub for genetic research. NIG also shoulders the mission of disseminating the knowledge of genetics. On the milestone of the 70<sup>th</sup> anniversary of NIG, Yoshiaki Hotta, Yuji Kohara, and Isao Katsura, three former Directors-General who held offices from 1997 to 2018, gathered to reflect on dramatic changes of years past and discuss the future of genetics.



桂 勲 ●  
Isao Katsura

小原 雄治 ●  
Yuji Kohara

堀田 凱樹 ●  
Yoshiaki Hotta

## すべての生命科学は 遺伝学につながっている

**堀田:** 僕は医学部で教育を受け、特に脳に興味を持ってきましたが、当時の医学部では遺伝学は教わりませんでした。しかし遺伝学の根本にはメンデルの法則があり、生物学全体から見てもこれほどユニバーサルな法則は他に見当たらない。遺伝学からいろんなものを見ていくというのは生命科学全体が見通せて面白いなと、学生時代に非常に印象に残ったことを覚えています。

**桂:** 遺伝学は、20世紀のはじめに「Heredity (遺伝)」と「Variation (変異)」の学問と定義されました。この時代の「変異」とは、同種の生物の個体間にみられる形質の相違のことで、遺伝学には、「世界にはなぜ様々なヒトがいるのか」などの問題が含まれていました。そのうちに進化が分かってくると、実は遺伝学というのは、生命科学にとって基本原理となる学問である——つまりゲノムが変わっていくのが進化であり、ゲノムから生き物ができてくるのが発生であり、その一番重要なところを遺伝情報が押さえている。そこを見なければ進化も発生も全部分からない——ということになったのです。しかし、その割には、どうも華やかさが無いというか(笑)、その重要性がなかなかわかってもらえないんです。

たとえば Tentum シの斑紋がいくつあるとか、トンボの翅はどう発生するかというなら、面白さがわかりやすいんだけど、遺伝学はそういった現象全体の基本原理にあたるものであって、DNA 二重らせんぐらいしか一般の人に訴えるものがありません。また遺伝情報は静的であって、発生学のようにダイナミックな学問のほうが面白そうだという誤解があって、Ed. B. Lewis (Ed. B. Lewis, 1918-2004) はこつこつ研究していたけれども、大多数の発生学者は長い間、遺伝学を無視してきました。でも生命の基本原理の一番重要なところをやっているのが、遺伝学なんです。

**堀田:** それを最初に非常に明快に書いたのがモーガン (Thomas Hunt Morgan, 1866-1945) ですよね。学生時代に読んだのですが、彼は、生命というのは非常に複雑に見えるが、それは単に我々が無知だからだ (“Due to our ignorance” (\*1)) と書いた。当時、メンデルの法則が再発見され、発生学者だったモーガンはショウジョウバエで遺伝学研究を進めて、遺伝学と発生学を統一しようとした。ところが、その後の時代は、おそらく技術的な問題から発生学があまり進展せず、遺伝学と発生学がむしろ対立していったんですね (\*2)。僕も1970年頃に発生学者が集まるセミナーで、脳の発生に関する遺伝子の研究を始めると言った時、みんなに反対されました。発生学を遺伝子

## Principles of genetics apply to all branches of life sciences

**Hotta:** While I was studying in Medical School I was always interested in the brain, thinking it might be interesting to study it by genes. However, Medical Schools at that time did not teach genetics. Genetics is based on Mendel's laws, which are universal laws. Many genes are universally used across multiple lineages, because all life on earth likely originated from one common ancestor, as Charles Darwin (1809-82) predicted. I remember being impressed that genetic perspective allows one to acquire a general overview of all phenomena in life.

**Katsura:** Genetics was defined early in the twentieth century as the study of “heredity” and “variation”. At that time, “variation” referred to differences in traits observed among individuals of the same species. Thus, genetics involved such issues as “why are the humans in various parts of the world all different?” With the understanding of evolution, genetics came to be regarded as the basic principle of all life sciences; evolution is the variation of the genome over time, and development is the formation of an organism based on the information in the genome. Because genetic information is the most important controller of all these factors, we cannot understand evolution and development without examining the genome. Despite such utmost importance, however, genetics somehow lacks “splendor” [laughter]. I think the importance of genetics deserves more recognition.

Some biological questions, such as “how many spots does a ladybug have?” or “how does the dragonfly wing develop?”, are accessible and attractive to many people. Despite the fact that genetics lies at the basis of all these phenomena, genetics lacks elements that can appeal to non-scientists; perhaps the only exception might be the double helical structure of DNA,

which is beautiful on its own right. Genetic information is often misunderstood as being static, and people tend to think that dynamic phenomena, such as development, look more interesting. At the time when Ed. B. Lewis (1918-2004) was carefully mapping mutations that alter the morphology of the fly, embryologists were completely ignoring genetics. No one would have imagined that the order of the genes in Lewis's genetic map corresponds to the spatial order of the body segments that those genes specify, as well as the temporal order in which such genes are expressed.

**Hotta:** It was Thomas Hunt Morgan (1866-1945) who clearly described this issue for the first time; he said that the apparent complexity of life is “an illusion due to our ignorance!” (\*1) What is happening during development was almost impossible to explain because developmental genetics did not exist at that time; there was no bridge between developmental biology and genetics (\*2).

Morgan's book was published around the time when Mendel's laws were rediscovered, and Morgan, who was an embryologist, started to unify genetics and embryology using fruit flies. Over the following period, however, due to technical



### 堀田 凱樹 (ほった・よしき) Yoshiki Hotta (MBBS 1963, MD 1968)

1963年東京大学医学部卒、医学博士 (東京大学、1968)。米国カリフォルニア工科大学生物学部門博士研究員、東京大学理学部教授等を経て、国立遺伝学研究所所長 (第7代、1997~2004)、大学共同利用機関法人情報・システム研究機構長 (2004~2011)。専門は行動遺伝学、発生遺伝学、分子神経生物学。

7th Director-General of NIG (1997-2004)  
Positions held include the following:  
Postdoctoral Fellow (Division of Biology, California Institute of Technology, 1968-70).  
Lecturer-Professor (Faculty of Science, The University of Tokyo, 1972-1997).  
President (Research Organization of Information and Systems [ROIS], 2004-2011).  
Field of specialization: behavioral genetics, developmental genetics, molecular neurobiology.

で研究するなんてとんでもない、発生学は顕微鏡の下で細胞の動きをじっくり眺めてやるのだというわけです。

しかし今や遺伝子を使っていない発生学者はいませんね。基本原理はユニバーサルであって、どの生物を使っても原則は同じであるというのが遺伝学の第一の特徴です。遺伝学はすべての生命科学につながっている。だから遺伝学から始めて、何を研究するかを考えればいいわけです。

## シーケンサーの登場と ゲノム解読拠点としての発展

**堀田:** 昔の遺伝学は、何か特定の形質など、非常にうまいところに注目して、その結果を一般化するというのがやり方です。これに対してゲノムは、全部読んでしまうという今までにないやり方なので、最初はやはり、ものすごく反発がありました。シーケンサーでゲノムの情報を獲得してアミノ酸の配列が分かって、その先どうするの、と。実は僕も初めは「ええ?」と思いました(笑)。「クローニング」で同じ遺伝子をDNAの断片として取り出したり、「遺伝子導入」で自分でデザインした遺伝子を染色体に挿して機能の違いが見られるようになって、認識を変えたんです。

典型的なモデル生物であるショウジョウバエや線虫を皆で集中的に研究する時代から、徐々に哺乳類やヒトゲノムの時代へと進みました。僕が所長になったのはその流れの途中だったと思います。だからたとえばマウスにしても、三島で採集純系化した系統と世界共通の白マウスモデルを比較するという流れを支援しました。

**小原:** 私の場合は、研究を始めた時すでに分子遺伝学の時代に入っていたので、最初からモデル生物を使ってきました。ちなみに理論物理学者のシュレーディンガー (Erwin Schrödinger, 1887-1961) が『What is life? (1944)』(\*3) という本の中で、細胞や染色体の大きさの議論をしていて、物理学的にみて少なすぎる原子や分子が生命秩序を生み出しているのですが、今から見れば、それはまさしくゲノムのことなんです。私にとって、すべてゲノムに書かれてあり、原理がひとつであるというのはある意味当たり前として育ってきたのですが(\*4)、もう一方の多様性については、何でこんなに違った生き物になるのか、どう環境に対応して進化してきたのか、あるいは双子のどこが違うのか、ゲノム上の遺伝子の働きをコントロールする「エピゲノム」はどう働いているのか……とわからないことがたくさんある。しかも、当時はまだコンピュータの性能が低く、ゲノム解析には大きな資金が必要でした。



小原 雄治 (こはら・ゆうじ)  
Yuji Kohara (PhD 1987)

国立遺伝学研究所 特任教授、ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS) センター長。1974年京都大学理学部卒業後、名古屋大学大学院へ進学。英国MRC分子生物学研究所客員研究員、国立遺伝学研究所教授等を経て、2004年同所長 (第8代、2004～2012)。2000年から現在までに、ゲノム解析の4つの大型研究事業を統括。

8th Director-General of NIG (2004-2012)

Positions held include the following:

Visiting Researcher (MRC Laboratory of Molecular Biology, UK, 1988-89)

Associate-full Professor (NIG, 1989-).

Since 2000 Kohara has managed four large research projects on genome analysis. Currently Yuji Kohara is the Director of the Database Center for Life Science (DBCLS) of ROIS and also a specially appointed Professor at NIG.

limitations embryology did not advance as quickly as genetics did, and researchers in these two fields became adversaries. In fact, when I declared to an embryologist audience around 1970 that I would start identifying genes involved in brain development and behavior, everyone was opposed to the idea. According to their views, embryology must be performed by carefully observing cells under a microscope; one cannot understand development with genes.

Of course, now every developmental biologist is using genes. Principles of genetics are universal, and applies to all organisms – and to all branches of life sciences. Thus, one can start from genetics and then decide on what topic to study.

## Development of DNA sequencers and the role of NIG as a center for deciphering the genome

**Hotta:** The essence of classical genetics is to carefully choose a point of interest, such as a specific trait, and then generalize its results. In contrast, sequencing the whole genome is a completely novel approach and initially met with huge opposition, as one might expect; OK, DNA sequencing can reveal amino acid sequences of proteins, but then what? To tell you the truth, I also felt the same way [laughter]. My reaction changed only when it became possible to isolate genes through cloning, alter the DNA sequence, transfer the manipulated genes back into the chromosome, and thereby examine the differences in the function.

Initially the research trend in life science was to focus on genetically amenable model organisms such as the fruit fly *Drosophila* and nematode *C. elegans*. The field gradually advanced to include research involving mammals and the human genome. It was the middle of this period when I became the Director-General of NIG. One of the projects that I supported exploits the genomic differences between the common laboratory strain and an inbred strain established from mice collected in Mishima. Because we now know the genome sequence of both strains, one can study the causal relationship between the genome and phenotypic traits, such as behavior.

**Kohara:** I started my research career well into the era of molecular genetics, so from the outset I have been using model organisms, with their genome in mind. Erwin Schrödinger (1887-1961), a theoretical physicist, discusses in his book “*What is life?*” (1944) (\*3) what might be creating “order” in life, considering relatively small number of atoms in the cell. From the current perspective, what is creating order is the genome. I took “universality” for granted – in every organism, everything is inscribed in their genomes (\*4). Regarding diversity, however, there was much to be understood: why each organism is so different, how they evolved to adapt to their environments, how twins with the

ミレニアム(2000年)の頃になって、やっと世界的にもゲノム解析とコンピュータ性能という両輪が揃って発展し、ヒトゲノムのドラフト配列や、ショウジョウバエ、シロイヌナズナといった代表的なモデル生物の全ゲノム解読が一斉に出てきました。遺伝研ではこの頃、私が4領域総代表者となって、科研費特定領域研究ゲノム4領域(2000~2004)を主導し、遺伝研に思い切ってシーケンサーをずらずらと並べ始めたんです。年間200万リードを読むことを目標に、線虫、ホヤ各種、メダカ、シクリッド、粘菌、オオムギ、コムギなどの解読を進めました。欧米の研究所に比べると決して大規模とは言えないものですが、日本でやるなら遺伝研しかないだろうという信念で取り組み、結果としても、事業の中から影響力のある論文が数多く生まれました。

**堀田:** それから、僕が所長の時代に、以前からDNAデータベースの世界の3極の1つとして活動してきたDDBJを発展させて生命情報・DDBJ(DNA Data Bank of Japan)研究センターを設置したのでした。

**小原:** ええ。巨大なデータを出すと、それをどこに格納し、誰が管理するのかという問題が必ず生じます。そこでDDBJがデータを集めて共有する役目を担い、生産と利活用のシナジーが生まれました。また単にパソコンがあればいいわけではなく、その使い方はどんどん変わっていきますから、例えばいろんなソフトがすぐ使えるようなライブラリを用意するとか、大容量のデータを動かすにはどうしたらいいとか、そういった基盤整備や拡張もミッションの一部だと考えて、私の時にはかなり改良を加えました。

**桂:** 2000年を過ぎてからゲノム情報の解読が爆発的に増え、その後のいわゆる次世代シーケンサーというのがどんどん発展してみんながDNAシーケンシングをやりたいようになった2012年に、ちょうど今のパソコンへの入れ替えがあり、初めての人にも使いやすくと同時に、DNA解析用のソフトを整備したと記憶しています。あれをやらなかつたら今頃どうなっているかと思うと……心底恐ろしいですね(笑)。

**堀田:** DDBJはもともと国際連携の下にスタートした点も重要ですね。その後、僕が情報・システム研究機構の機構長の時(2007年)に機構内に設置したライフサイエンス統合データベースセンター(DBCLS)と連携し、さらに科学技術振興機構のバイオサイエンスデータベースセンター(NBDC)と共同研究体制をとることで、いっそう発展しています。

**小原:** もう一つ、堀田所長の時にできた比較ゲノム解析研究室も、その後先端ゲノミクス推進センターに発展し、今ではゲノム解析拠点として、分野の発展になくてはならない存在になっています。単にシーケンサーでゲノムを読み取るだけではなく、その後の情報解析によって、意味を取りだすことも含めた活動を行っています。このゲノム情報の生産と情報解析を一体化するという役割は、やはり遺伝研しか担えない。そこで私は特定領域研究の後も、大学等で科研費を獲得した研究者との共同研究という形でゲノム解析支援を行う研究事業を、継続的に推進してきました。

## 遺伝学のフロンティア 「新分野創造センター」の設立

**小原:** それから現在の新分野創造センターも、堀田所長が設置した「新分野創造研究室」が前身です。

**堀田:** 新分野創造というのは、われわれが今研究している課題だけではなく、若い人たちがもっと新しい研究テーマに着手して、国際的にも連携しながら、分野を拓いていかなければいけないという意味なんです。僕は作っただけですぐに離れてしまったのだけれども……。

same genome could be different, and how the “epigenome” controls the functions of genes within the genome. Moreover, computer performance was still low at that time, and genome analysis required a substantial amount of funds.

At the turn of the millennium (2000), genome analysis and computer performance had developed sufficiently to allow the establishment of the draft sequence of the human genome as well as whole-genome sequences of representative model organisms, such as *Drosophila* and *Arabidopsis*. It was around this time when I became the chief representative of “Four Genome Areas” (KAKENHI [Grant-in-Aid for Scientific Research] on Priority Areas, 2000-2004) at NIG and began to line up DNA sequencers on my floor. Aiming to acquire two million reads annually, we determined genome sequences of *C. elegans*, various ascidian species, Japanese Medaka fish, cichlid, slime mold, barley, wheat, and others. In terms of scale alone our work may not be as grand as those conducted in US and Europe. Nonetheless, in Japan this could only have been done at NIG, and indeed this project produced many high-impact papers.

**Hotta:** One thing that I did as the Director-General was to expand DNA Data Bank of Japan (DDBJ), which had been operating as one of the world’s three primary DNA databases, to establish the Center for Information Biology and DDBJ.

**Kohara:** Yes. Once huge amounts of data are generated, problems inevitably arise regarding where they should be stored and who should manage them. Accordingly, DDBJ began to play a role in the collection and sharing of data, leading to synergy between data production and utilization. During my tenure I considerably improved the function of the center, because improving and extending research infrastructure is part of the mission of NIG. The improvements included constructing an easy-to-access library of software, and devising a solution for the movement of large volumes of data. Having a supercomputer is not enough – its software and operating environment must be continuously updated to meet the needs of the time.

**Katsura:** After 2000 genome information of various organisms simply exploded. Subsequently, the so-called “next-generation sequencers” came into play, and everyone wanted to incorporate DNA sequencing into their work. I remember that in 2012, right in the middle of this situation, we replaced the old supercomputer with a modern one with user-friendly features and improved DNA analysis software packages. It is really terrifying to imagine what would have happened to us, if we didn’t do what we did back then [laughter].

**Hotta:** It is also noteworthy that DDBJ originally launched with international cooperation. Later DDBJ entered into a close collaboration with the Database Center for Life Science (DBCLS) that I established within ROIS when I was its president (2007). DDBJ also collaborates with the National Bioscience Database Center (NBDC) of the Japan Science and Technology Agency to develop further technologies.

**Kohara:** The Comparative Genomics Laboratory that you established subsequently developed into the Advanced Genomics Center, and provides support for genome analysis which is indispensable for advancing life sciences today. The activities of the center include not only reading genomes using sequencers but also bioinformatics analysis to extract “information” or “meaning” of the data. Such integration of production and analysis of information is another strength of NIG. Taking advantage of such an environment I continue to support researchers who have KAKENHI-supported projects involving genome analysis, through the Platform for Advanced Genome Science (PAGS), which aims to promote genome science in this country.

**小原:** 私の時にセンターにしました。

**桂:** 当初は3研究室で、私が初代センター長でした(笑)。遺伝研では1970年代を中心とする木村資生先生、太田朋子先生の時代に、集団遺伝学が非常に純粋な理論として高度に発達しました。でもその後、なかなか突破口が開けない状況があって、その中から、自然の中に何かの進化を見ていこうという新しい人たちが出てきました。細胞内共生がどうやって始まったのか、魚の生態学と遺伝学がどういう関係にあるのかといった新しい研究が、新分野創造センターの中から出てきたんです。

当時からメンバーはみんな対等で、しかも研究所内の設備を共同で利用できる体制が整っていたので、若い研究者も雑用に携わることなく集中して研究に取り組める、絶好の環境でした。私が所長の時は、センターの規模を拡大できるような予算の余裕はなかったのですが、人が育てば5年、10年後に活躍してくれるだろうという発想で、准教授を計4人採用しました。過去に採用された多くの方が、実際、遺伝研や他大学で研究者として現在活躍しています。高度人材の育成という意味で、よい結果につながると思います。

**堀田:** そういえば僕が遺伝研に来た時の第一印象も、研究室の間の壁が低いということでしたね。大学では、とてもこうはいかないような横のつながりがあり、もちろんそれは遺伝学の特徴でもあるのだけども、明らかに遺伝研のいいところだと思いました。

**桂:** 堀田先生はその後、情報・システム研究機構の機構長になって、機構の中に新領域融合センターを作りましたが、融合研究も今、どんどん進めなければならない重要課題だと思います。

**小原:** 私も、先日とあるシンポジウムに出席して感じたのですが、分子生物学、生態学、あるいは考古学も、もうゲノムなしでは済まない時代になっていますね。1989年の遺伝研創立40周年の式辞で、松永英第5代所長が遺伝学は「架橋科学 (Brückenwissenschaft)」(\*5)であると紹介していますが、まさにそのような役割を遺伝研が担っています。

**堀田:** 遺伝学あるいはゲノムが、生命科学を超えた科学全体のハブみたいになっているんですね。それをうまく使って融合研究を行うために、あえて今の遺伝研に足りないものを言うならば、医学だと僕は思っています。ゲノム科学は、その発展に伴って必然的に医学・医療ゲノム学と緊密になっていますから、新しいゲノム科学の問題を開拓するには、臨床医学研究者との連携協力をドライブ力として活かす環境が重要だからです。

**小原:** 解読されたゲノムの情報量としても、あらゆる種の中でヒトゲノムが群を抜いて多いんですね。これを使わない手はないですし、そもそも人を知りたいというのは、生命科学者の究極の関心に他なりません。

**桂:** 私は環境問題も、もう1つのキーワードじゃないかと思えます。人だけ見ても人が分からない、他の生物と比べることで分かることもあります。生態学から一歩進んで、環境における生物多様性に遺伝子やゲノムがどう関わっているのかが、今後徐々に、そして本格的に分かってくるようになって考えています。他の分野の研究と対話してだけでなく、社会と対話していくことも視野に入れると、遺伝学というのは非常に大きな社会的なインパクトを持つものだと思います。

## ビッグデータ時代以降の 遺伝学への提言

**堀田:** 遺伝学というのは基本的に生命の情報学ですから、生物がずっと進化してきた、その時系列全体が1つのシステムだと考えることができます。生命科学の研究者は——意識的であれ、無意識的であれ——そのシステムの秘密を探ろうとしている。「遺伝学」は、それを解き

## Creating frontiers of Genetics: Center for Frontier Research

**Kohara:** One important mission of research institutes such as NIG is to explore and define new fields of research. NIG established a model system for this endeavor by initiating “Laboratory for Frontier Research”.

**Hotta:** The phrase “for Frontier Research” means to identify research targets outside the realm of what is currently being studied and to attract other people into the new line of research. Young researchers run their own labs as independent lab heads (associate professors), using support from the whole institute. I wasn’t able to do anything beyond recruiting one faculty member as I left soon after.

**Kohara:** When I was the Director-General I expanded this system into a research center (Center for Frontier Research [CFR]), so that we can explore frontiers in hundreds of new directions.

**Katsura:** Well, when I became the first head of CFR, it had only three laboratories [laughter].

Despite its small size I believe CFR contributed to expanding the frontiers of genetics, as well as research fields led by NIG. While NIG’s strong points included evolution and population genetics, after the era of Motoo Kimura (1924-1994) and Tomoko Ohta it was quite difficult to make a breakthrough. Since the establishment of CFR in 2009, we recruited 10 young spirited researchers to the Center, and among them were those investigating evolution in nature. Consequently, new lines of research were established at NIG, such as how intracellular symbiosis began, and how ecology is related to genetics in fish.

As early as the 1990s NIG already operated with a policy of treating all lab heads equally. Everyone can share institutional facilities and equipment, so it is a supportive and friendly environment for young researchers to pursue their research without being burdened by miscellaneous tasks. When I was the Director-General, NIG’s budget latitude was not large enough to expand CFR further. We nonetheless continued recruiting young researchers as CFR lab heads, believing that investing in such human resource development would bear fruit 5 or 10 years later. Indeed, many of the previously appointed faculty at the center are now playing leading roles at NIG and other universities. I believe CFR has been highly successful in the development of researchers of the highest caliber.

**Hotta:** I completely agree with NIG’s communal atmosphere; indeed, my first impression when I came to NIG was that the barriers between different laboratories were extremely low. Lateral communication that is unthinkable in universities is the norm at NIG. This, of course, is a characteristic of genetics – I think this is the true strength of NIG.

**Katsura:** In order to expand the frontiers of science, transdisciplinarity is an important aspect. I guess that’s why you founded the Transdisciplinary Research Integration Center immediately after becoming the president of ROIS, to foster new transdisciplinary researches.

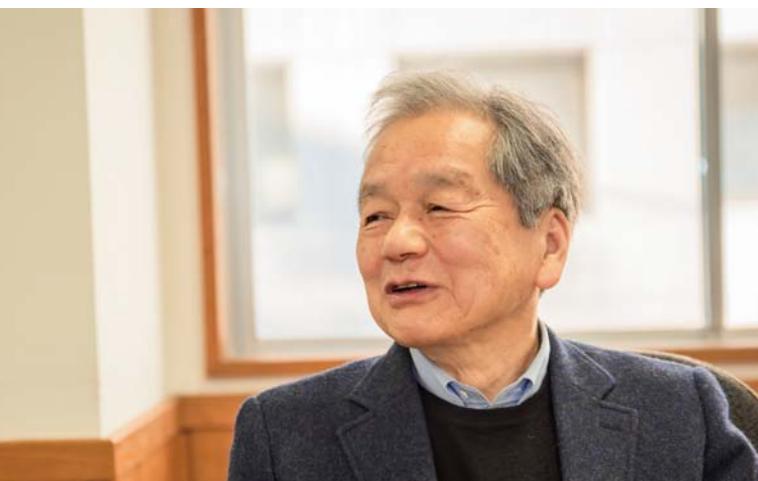
**Kohara:** In fact, genome information is a very nice vehicle to cross disciplines; we are at a point at which every research has a strong relevance to the genome and genetics – be it molecular biology, ecology, or archeology. Genetics is “Brückenwissenschaft (bridging science)”, as Ei Matsunaga, the 5<sup>th</sup> Director-General, points out upon the 40<sup>th</sup> Anniversary of NIG(\*5). NIG plays this exact role in the scientific community.

**Hotta:** Yes, I completely agree that genetics or genomics act as the hub of not just life sciences but all scientific research. But if we were to exploit this further towards new transdisciplinary researches, what is currently lacking at NIG might be “medicine”. Advances in genomic research inevitably generate close relevance to medicine and medical genomics. Thus, an environment that is fueled by collaboration with researchers in clinical medicine is important to identify and explore new problems in

明かす論理学なんですね。またコンピュータの発達を背景に、ゲノムだけでなく、遺伝子発現の実時間の動きや細胞の活動などもデータベースに入れて可視化することで、脳科学とも融合しながら新しい知を生み出してくれるのではないかと期待しています。実際、過去にも新しい技術が出てきた時に、素早くそれを利用して、まったく新しい科学が幾度も生まれてきました。特に遺伝研は、実験・理論・データベースの3つを融合的に推進できる強みがあるのですから、その進歩を先取りして、今後も発展し続けてほしいと考えています。

**小原:** 今後、より生命を理解するためには、ゲノムとイメージングとその情報解析がキーになると思います。例えば、集団としての細胞でなく、細胞1つ1つを対象とするシングルセル解析や、これとイメージングを組み合わせた研究などが挙げられます。それから人間についても、何を食べたかとか、どういう環境だったのかといったデータを合わせたコホート研究や、ゲノムと遺伝子の発現に関する研究が活発化してくるでしょう。そのような研究のハブは、やっぱり遺伝研が担わないといけないと思っていますね。

**桂:** イメージングは、センサーの一種だと考えることもできます。見る以外の方法で何らかのデータを取るのは結構難しいのですが、たとえば生物に外から刺激を与えて反応を見ることもセンシングであり、今後さまざまに工夫した手法が出てくると思います。また、工学的に細胞などを実際に作ってみて仕組みを理解するという、合成生物学の方向性も重要だと思うんですね。遺伝学は今まで、遺伝子改変のようにちょっと変えてみたらどうなるかを見てきたけれども、根本的にデザインして作ってみたらどうなるかという実験からも、いろいろと新しい知識が得られるはずですよ。いろんなものを作ってみて、今度はそこから共通のプリシンプルを探す道筋も、たいへん興味深いと考えています。



## 桂 勲 (かつら・いさお)

Isao Katsura (PhD 1973)

東京大学理学部生物化学科卒、理学博士 (東京大学、1973)。スイス国バーゼル大学助手、東京大学助教授等を経て、1991年国立遺伝学研究所教授、2009年同名誉教授の後、同所長 (第9代、2012~2018) を務めた。専門は線虫の分子遺伝学、生体分子集合の遺伝学・生化学。

9th Director-General of NIG (2012-2018)

Positions held include the following:

Assistant Professor (University of Basel, Switzerland, 1973-76).

Assistant-Associate Professor (University of Tokyo, 1976-91).

Professor (NIG, 1991-2009).

Field of specialization: molecular genetics of *Caenorhabditis elegans*, genetics and biochemistry of biomolecular assembly.

genome science.

**Kohara:** In this sense it is not surprising that human genome data occupies by far the largest part of genomic data of all organisms collected thus far. This data ought to be utilized; after all, understanding human beings is the ultimate interest of life scientists.

**Katsura:** Another point of interest, I believe, is the problem of the earth environment. We cannot understand humans unless we compare ourselves with other organisms that exist and existed in this environment. This is not just a problem of ecology, but of the biodiversity within the environment; we will be advancing our understanding on how genes and the genome is involved in this issue. Be it medicine or the environment, such research would encompass not only dialogues with researchers in other fields, but also communication with society in general. I thus believe that genetics can have a very powerful social impact.

## Toward genetics beyond the big data era

**Hotta:** Genetics is essentially the information science of life; the entire time period in which organisms have been evolving can be regarded as a system of information. The way the information is processed, interpreted and integrated is not yet fully understood. Life scientists, whether consciously or unconsciously, are trying to unravel the secrets underlying this system. The logic that was used to decipher those secrets – this is what “genetics” is, and will continue to be so in the future.

Another important aspect is the rapid progress in information science and computer technologies. This will allow information processing not only of the genome, but also of real-time gene expression and cellular activities such as neuronal firing in the brain. Accumulating such big data, visualizing them, and computing their relationships is expected to create new knowledge, e.g. in brain science. The history of science includes many examples in which a new technology was quickly adopted and led to the creation of new science. NIG has a special advantage in that it is concurrently advancing three approaches hand-in-hand: experiments, theory and database. I hope NIG will foresee what is beyond the current advances, and will continue its evolution and development.

**Kohara:** The key to a better understanding of life, I believe, will be genome, imaging, and their information analysis. An example is single-cell analysis, where genetic information and gene expression information of individual cells, rather than a population of cells, is analyzed, often in combination with various data from images of individual cells.

With respect to understanding humans, cohort studies that combine various timeline data of individuals – such as diet, local and social environments – and studies on the relationship between the genome and gene expression will be actively pursued. I think NIG ought to be the hub for those kinds of research as well.

**Katsura:** Imaging can be considered as a type of “sensor” – a way of “sensing” or “measuring” some kind of biological, chemical or physical parameters. Measuring force inside a cell is “sensing”, and examining behavioral responses of an individual to external stimuli is also “sensing”. Currently it is difficult to obtain such data by simple observation. In the future, various innovative sensing methods are likely to emerge.

Another important direction would be synthetic biology; that is, artificially creating cells and organisms through engineering to understand their mechanisms. Thus far genetics has capitalized on the effects of small perturbations, such as genetic modifications. An opposite approach – systematically design components from scratch to synthesize a system, and examine what works and what does not – could also yield new knowledge that may not be gained through small perturbations. Discovering a common working principle could also be an extremely exciting approach.



【註釈】

\*1 : Thomas Hunt Morgan, "The physical basis of heredity", 1919, p.15

\*2 : Bridge between Developmental Biology and Genetics

At NIG, establishment of the "Laboratory of Developmental Genetics" did not take place until 1984. Genetic studies on developmental phenomena, however, was already done in the Departments of Morphological Genetics and Physiological Genetics. Among the research conducted in 1960s is one by Yataro Tajima (1913-2009, 4<sup>th</sup> Director-General of NIG) on silk moth mutants that alter larval spot/appendage patterns. This work corresponds to Ed. Lewis's mapping studies in *Drosophila*, and connects with a landmark finding made 30 years later on the genetic control of the body plan.

遺伝研には1984年の改組まで「発生遺伝研究部門」は存在しなかった。しかしその前から、「形質遺伝部」や「生理遺伝部」において発生遺伝学的研究が行われていた。1960年代に田島彌太郎(1913-2009、遺伝研第4代所長)らによってなされたカイコの斑文や肢パターンの変異の研究は、エド・ルイスがショウジョウバエで行った研究に相当し、ボディプランの遺伝支配についての大発見にもつながっている。

\*3 : Erwin Schrödinger, "What is life?", 1944, Chapter 1, "WHY ARE THE ATOMS SO SMALL?"

\*4 : Genome

Hitoshi Kihara (1893-1986, 2<sup>nd</sup> Director-General of NIG) wrote "The History of the Earth is recorded in the Layer of its Crust; The History of all Organisms is inscribed in the Chromosomes." What he described as "chromosomes" is actually the "genome". The concept of the "genome" was formulated by Kihara.

木原均(1893-1986、遺伝研第2代所長)は「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。」と書いた。この「染色体」は「ゲノム」と言い換えられる。木原はゲノムの概念を広めたことでも有名である。

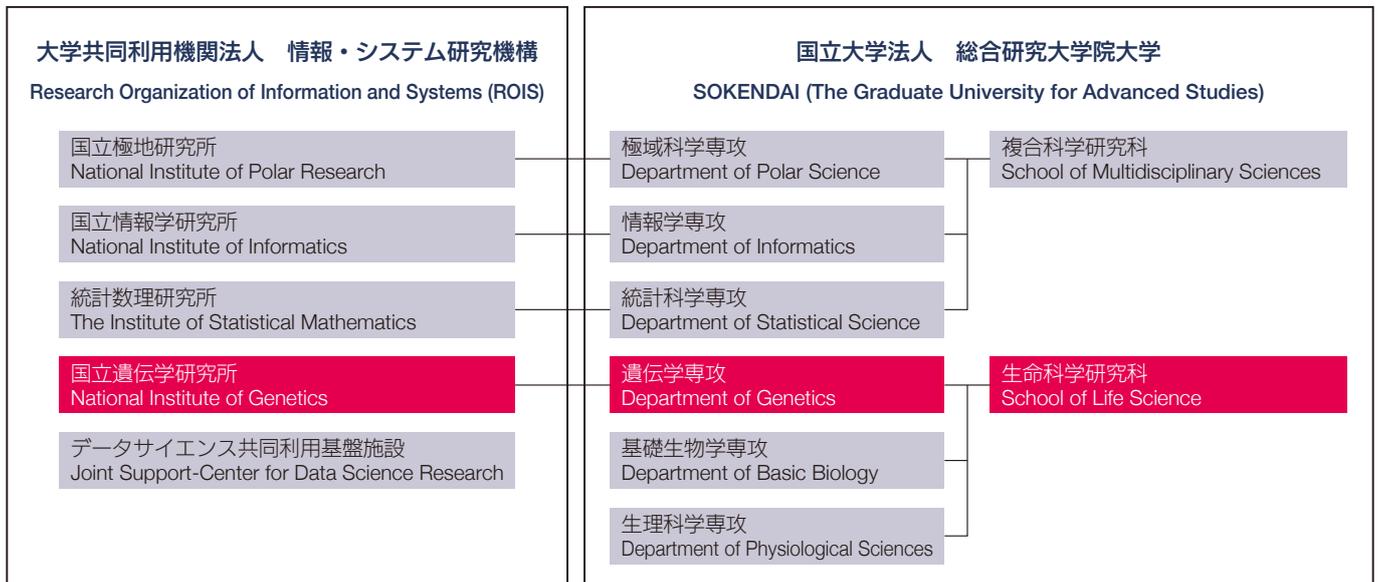
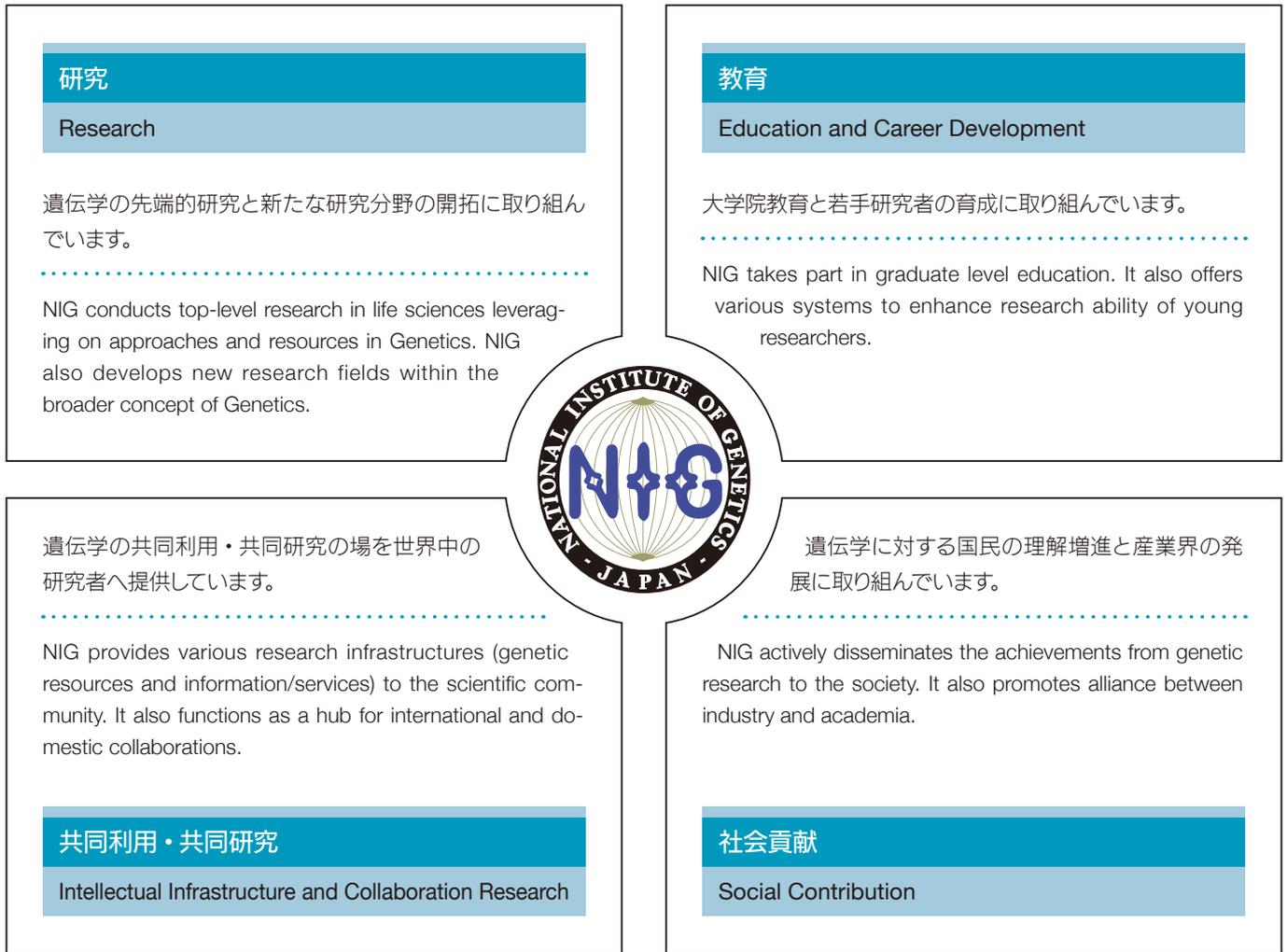


\*5 : 文部省国立遺伝学研究所,『創立40周年記念誌, 40<sup>th</sup> Anniversary issue』, 1989, p.1

企画：遺伝研リサーチ・アドミニストレーター室 佐藤 聡子  
 聞き手、日本語編集：情報・システム研究機構 池谷 瑠絵  
 英語編集：遺伝研リサーチ・アドミニストレーター室 広海 健  
 写真：遺伝研リサーチ・アドミニストレーター室 来栖 光彦

# Our Mission

## 遺伝研の活動



# Outline of Departments and Centers for Research Infrastructures

## 研究系・共同利用事業センター等

### ■ 情報研究系

データ・知識・材料の利活用に資する技術課題の発見と克服の為の研究開発

### ■ ゲノム・進化研究系

ゲノム配列解析や進化史を中心とした生物の多様な側面の研究

### ■ 遺伝形質研究系

細胞から個体レベルの遺伝形質の研究や生物遺伝資源の特性解析

### ■ 遺伝メカニズム研究系

遺伝情報の継承・修飾・発現などの遺伝メカニズムの研究

### ■ 新分野創造センター

若手の優れた研究者が独立して研究室を運営し、遺伝学とその周辺領域に新しい分野を開拓する研究を行う。これにより、研究共同体の中で重要な役割を果たす人材を育成する。

### ■ 生命情報・DDBJ (DNA Data Bank of Japan) センター

当センターは、米国国立生物工学情報センター (NCBI)、欧州バイオインフォマティクス研究所 (EBI) と並んで、国際塩基配列データベースを運営しています。また遺伝研スーパーコンピュータを運用しています。

### ■ 先端ゲノミクス推進センター

学術分野における超大規模ゲノム情報研究推進の中核として先端ゲノミクス研究を進めるとともに、次世代型ゲノム情報解析パイプラインの提供等による共同利用・共同研究を推進する。

### ■ 生物遺伝資源センター

生命科学を先導する様々なバイオリソースを開発し、それらの維持と国内外の大学や研究機関への分譲を行っている。関連情報は、データベース化して世界中に公開している。また、日本医療研究開発機構 (AMED) のナショナルバイオリソースプロジェクトにも参加している。

### ■ 情報基盤ユニット

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

### ■ 放射線・アイソトープ支援ユニット

放射性同位元素を活用する研究を支援している。また、研究所内にある放射線の管理を担当している。

### ■ 動物飼育実験施設

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

### ■ 産学連携・知的財産室

研究成果の社会還元、イノベーション創出に貢献する。知的財産の活用を図り、積極的な産学連携活動、地域連携活動を推進。研究所の「知」を社会につなげる。全国の大学等の遺伝資源の取得に関するABS相談窓口も務める。

### ■ リサーチ・アドミニストレーター室

研究所および大学等の研究力向上に資することを目的とした活動をおこなう。

### ■ 男女共同参画推進室

性別や職種に関わらず研究所の全構成員が能力を発揮できるように環境整備や支援活動を行う。

### ■ Department of Informatics

Develop technologies and resources that enable users to extract actionable information from data and knowledge in life sciences.

### ■ Department of Genomics and Evolutionary Biology

Research many aspects of organisms with special reference to genome sequence analyses and their evolutionary histories.

### ■ Department of Gene Function and Phenomics

Research on genetic traits at the cellular and organismal levels and on characteristics of biological and genetic resources.

### ■ Department of Chromosome Science

Research on genetic mechanisms, such as inheritance, modifications and expression of genetic information.

### ■ Center for Frontier Research

The Center for Frontier Research provides promising young scientists with independent positions and an opportunity of developing new frontiers in genetics and related research fields. The Center thereby brings up scientists who will play crucial roles in academic fields in the future.

### ■ Bioinformatics and DDBJ Center

Bioinformatics and DDBJ Center collaborates with NCBI (USA) and ENA/EBI (Europe) to maintain the International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC). It also provides a public supercomputing system.

### ■ Advanced Genomics Center

This center is designed to conduct most advanced genomic researches and to provide resources based on new-generation sequencing pipeline to the community.

### ■ Genetic Resource Center

The center develops and preserves forefront bioresources of various organisms, and distributes them to domestic and overseas universities and institutes. The related information is open to the public through the databases. The center participates actively in "National BioResource Project (NBRP)" of AMED.

### ■ IT Unit

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

### ■ Radioisotope Unit

The Radioisotope Unit provides support for biochemical experiments that take advantage of radioactive tracers, and is in charge of the administration of radiation in NIG.

### ■ Unit for Experimental Animal Care

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

### ■ NIG INNOVATION

Aiming at sharing our research findings with society and creating innovation, NIG INNOVATION is actively promoting collaboration with industry and management of intellectual property by patenting and licensing in a strategic and efficient way.

NIG INNOVATION also plays an active role as ABS Support Team to support researchers at universities to obtain genetic resources from overseas.

### ■ Office for Research Development

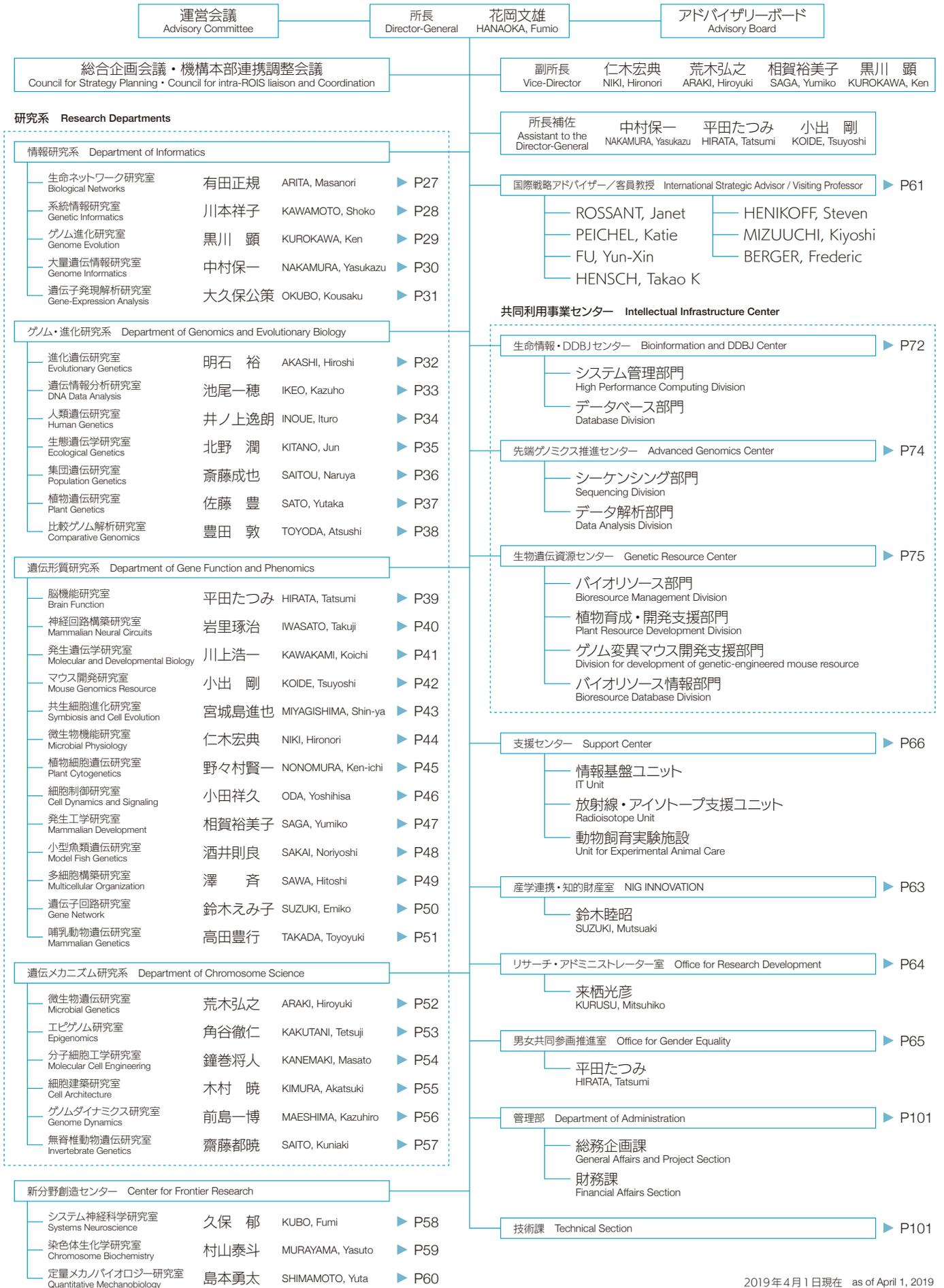
The aim of the Office for Research Development is to contribute to the enhancement of the research ability of the Institute as well as the entire scientific community.

### ■ Office for Gender Equality

The office aims to ensure a comfortable work environment where people can deliver their full potential regardless of sex, age, job category or other personal matters.

# Organization

## 組織



2019年4月1日現在 as of April 1, 2019

# Cutting-edge Research : A Core Institute for Life Sciences

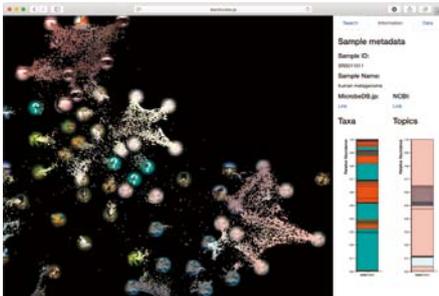
## 遺伝学の中核拠点としての先端研究活動

生命はゲノムに書き込まれた遺伝情報と内外環境との相互作用で作りだされる複雑なシステムです。この生命システムの解明をめざして、細胞機能、発生・分化、進化・生物多様性、ゲノム情報などについて先端研究を進めています。

Life is a complex system generated by the mutual interaction between genetic information engraved in the genome and the internal and external environments. At the National Institute of Genetics (NIG), cutting-edge research is conducted in areas such as cell function, development and differentiation, evolution and diversity, and genome information, aiming to clarify the system of life.

### ▶ Research Highlights

最近の研究成果より



ウェブアプリケーション: LEAグローバルマップ。(http://leamicrobe.jp/)

The LEA global map make it easy to explore patterns in microbial community structures. (http://leamicrobe.jp/)

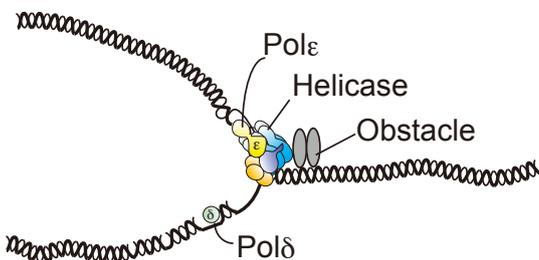
### 微生物群集における潜在的環境因子の抽出

多様な環境における微生物群集構造が研究されていますが、どのような環境要素が微生物群集構造に影響を与えるかという問題は解き明かされていません。黒川教授らは膨大なメタゲノムデータに確率的トピックモデルを適用し、微生物群集における「潜在的環境」を環境要素の混合として抽出することに成功しました。

### Latent environment allocation of microbial community data

Although microbiomes from various environments have been studied, there still remained the problem what types of environments affect the structure of a microbial community. We applied a probabilistic topic model to metagenomic data and succeeded in extracting “latent environments” of the microbial communities, which are core elements of environmental mixtures.

Higashi K, Suzuki S, Kurosawa S, Mori H, Kurokawa K. Latent environment allocation of microbial community data. PLoS Comput Biol. 2018 Jun 6;14(6):e1006143.



障害物があると、DNAポリメラーゼε (Polε) がヘリカーゼの活性を抑え複製フォークは停止する。

DNA polymerase ε (Polε) impedes the replicative helicase at the obstacle and eventually DNA replication fork pauses.

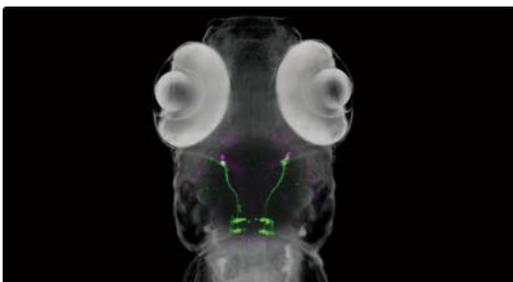
### 障害物を検知して複製を停止させる機構

染色体上に障害物があるとDNA複製フォークは止まります。荒木教授らは染色体の安定性と密接に結びつくこの反応を、精製した酵母のタンパク質から初めて試験管内で再構成しました。そして、2本鎖DNAを1本鎖にほどくヘリカーゼとDNAポリメラーゼεが一体となって障害を検知し、複製を停止させることを明らかにしました。

### DNA polymerase ε modulates replicative helicase activity at the obstacle

Replication forks pause at the obstacles on chromosomes and the proper pausing is important for genome integrity. This fork-pausing reaction was reconstituted from purified yeast proteins. It was revealed that in this reaction DNA polymerase ε impedes the unwinding of the protein-bound double-stranded DNA by the replicative helicase.

Hizume K, Endo S, Muramatsu S, Kobayashi T, Araki H. DNA polymerase ε-dependent modulation of the pausing property of the CMG helicase at the barrier. Genes Dev. 2018 Oct 1;32(19-20):1315-1320. doi: 10.1101/gad.317073.118. Epub 2018 Sep 19.



外転神経(緑)と外転筋(マゼンタ)が接続する様子を、生きた稚魚の中で可視化することに成功。

The abducens motor neurons (green) and eye muscle (magenta) in a live zebrafish larva.

### 脳と眼球を接続するプロトカドヘリン機能

浅川助教と川上教授は、眼球を回転させる脳幹の運動ニューロンが、プロトカドヘリン17タンパク質を利用して発達することを、ゼブラフィッシュを用いて発見しました。ヒトにおいても、プロトカドヘリンが眼球運動の発達に重要である可能性が示唆され、斜視などの眼球運動障害の治療法の開発に貢献すると期待されます。

### Protocadherin links the brain and eye muscle.

Precise brain-eye muscle connectivity is fundamental to eye movements. Drs Asakawa and Kawakami discovered that the abducens motor neurons failed to connect with the eye muscle in zebrafish when Protocadherin17 protein became abnormal. Protocadherins may serve as a potential therapeutic target for human eye movement disorders, such as strabismus.

Asakawa K, Kawakami K. Protocadherin-Mediated Cell Repulsion Controls the Central Topography and Efferent Projections of the Abducens Nucleus. Cell Rep. 2018 Aug 7;24(6):1562-1572.

# Intellectual Infrastructure Supporting Life Sciences

## 生命科学を支える共同利用

DDBJ (日本DNAデータバンク)、先端ゲノミクス推進、生物遺伝資源 (バイオリソース) の3つの研究事業を国際的な中核拠点として運営しています。他の大学や研究機関とも連携したこれらの事業により生命科学を先導し、研究コミュニティを支援しています。

NIG operates three research infrastructure projects as an international center of life sciences: DDBJ Project, Advanced Genomics Project, and BioResource Project. Through promoting research collaborations with other universities and research institutions, NIG advances the frontier of life science and supports the entire scientific research community.



### DDBJ (日本DNAデータバンク) 事業

当センターは、米国国立生物工学情報センター (NCBI)、欧州バイオインフォマティクス研究所 (EBI) と並んで、国際塩基配列データベースを運営しています。また日米欧および韓国の特許庁と協力し、特許由来のDNA配列及びアミノ酸配列も公開しています。国内研究者には、スーパーコンピュータ (スパコン) の無償貸出もおこなっています。毎年600名以上の登録者がスパコンを利用した生命科学研究を実施しています。

#### DDBJ Project

Bioinformatics & DDBJ Center is a part of International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC) with National Center for Biotechnology Information in the United States and European Bioinformatics Institute. The center also collaborates with patent offices in Japan, the United States, Europe, and Korea on patent-related DNA and amino acid sequences. Our supercomputer platform is free for Japanese investigators. Each year, more than 600 registered users conduct life science research on our supercomputer system.



### 先端ゲノミクス推進事業

2011年度から、先端ゲノミクス推進センターを中心に活動しています。これまでに、微生物から大型真核生物にいたる多様な生物種において、最新のシーケンシング技術を駆使してゲノム情報を産出してきており、学術分野における先端ゲノミクス推進の中核として事業を進めています。

#### Advanced Genomics Project

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



### 生物遺伝資源 (バイオリソース) 事業

学術研究用生物系統の開発、収集、提供を主体としたバイオリソース事業を展開し、全国の中核拠点として機能しています。日本医療研究開発機構 (AMED) NBRPの生物種別の中核代表機関としても活動し、さらに情報センターとして大学等と連携してバイオリソースデータベースの構築と公開運用を進めています。

#### BioResource Project

NIG serves as a center for developing, collecting, and distributing biological resources of various strains of experimental organisms for academic research. NIG also plays an important role as a central institution for individual National BioResource Projects and functions as its information center to promote development of biological resource databases in collaboration with universities and other organizations.

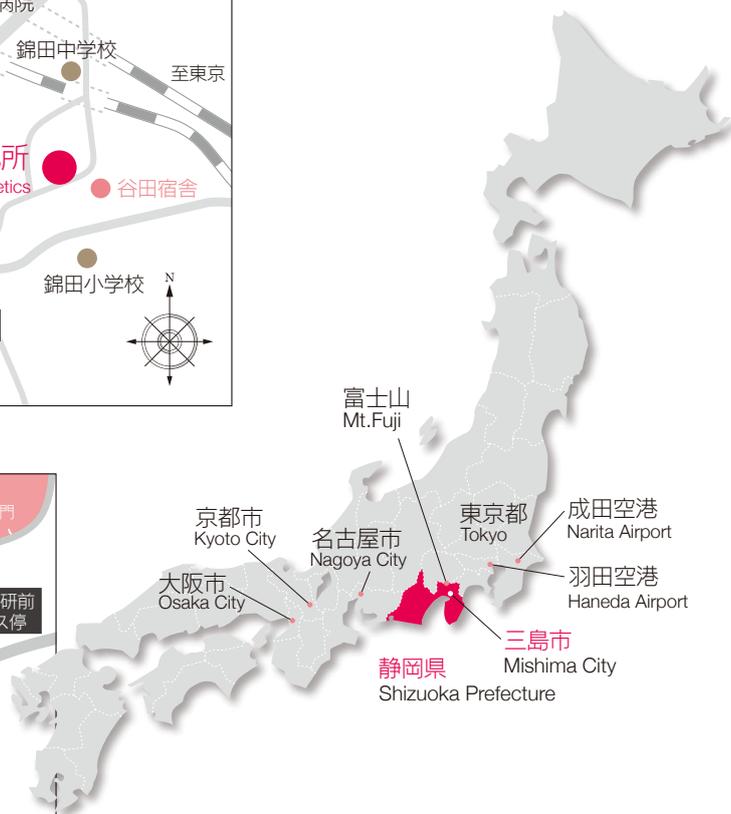
# Access to the Institute

## 遺伝研へのアクセス

### 遺伝研周辺地図



### 遺伝研詳細地図



### 三島駅までのアクセス

How to get to JR Mishima Station

- 羽田空港 Haneda Airport → 品川駅 JR Shinagawa Station → 三島駅 JR Mishima Station  
 京急 約20分 20min by Keikyu Line  
 新幹線こだま 約50分 50min by Shinkansen (Kodama)
- 成田空港 Narita Airport → 品川駅 JR Shinagawa Station → 三島駅 JR Mishima Station  
 JR 約1時間 1hr by JR Narita Express  
 新幹線こだま 約50分 50min by Shinkansen (Kodama)
- 新大阪駅 JR Shin-Osaka → 三島駅 JR Mishima Station  
 新幹線ひかり 約2時間 2hr by Shinkansen (Hikari)

### 三島駅から遺伝研までのアクセス

Access from JR Mishima Station to NIG

- 三島駅からの距離 約4km  
 About 4km from JR Mishima Station
- シャトルバス  
 北口4番乗り場から約15分 (平日のみ運行)  
 15min by the NIG Free Shuttle Bus (North Exit #4)
  - 路線バス  
 南口5番乗り場から約20分  
 「柳郷地行き」 遺伝研前下車、または、「夏梅木行き」 遺伝研坂下下車徒歩10分  
 20min by Local Bus (South Exit #5)
  - タクシー  
 南口・北口共に約15分  
 15min by Taxi

# Campus Map

## 遺伝研マップ



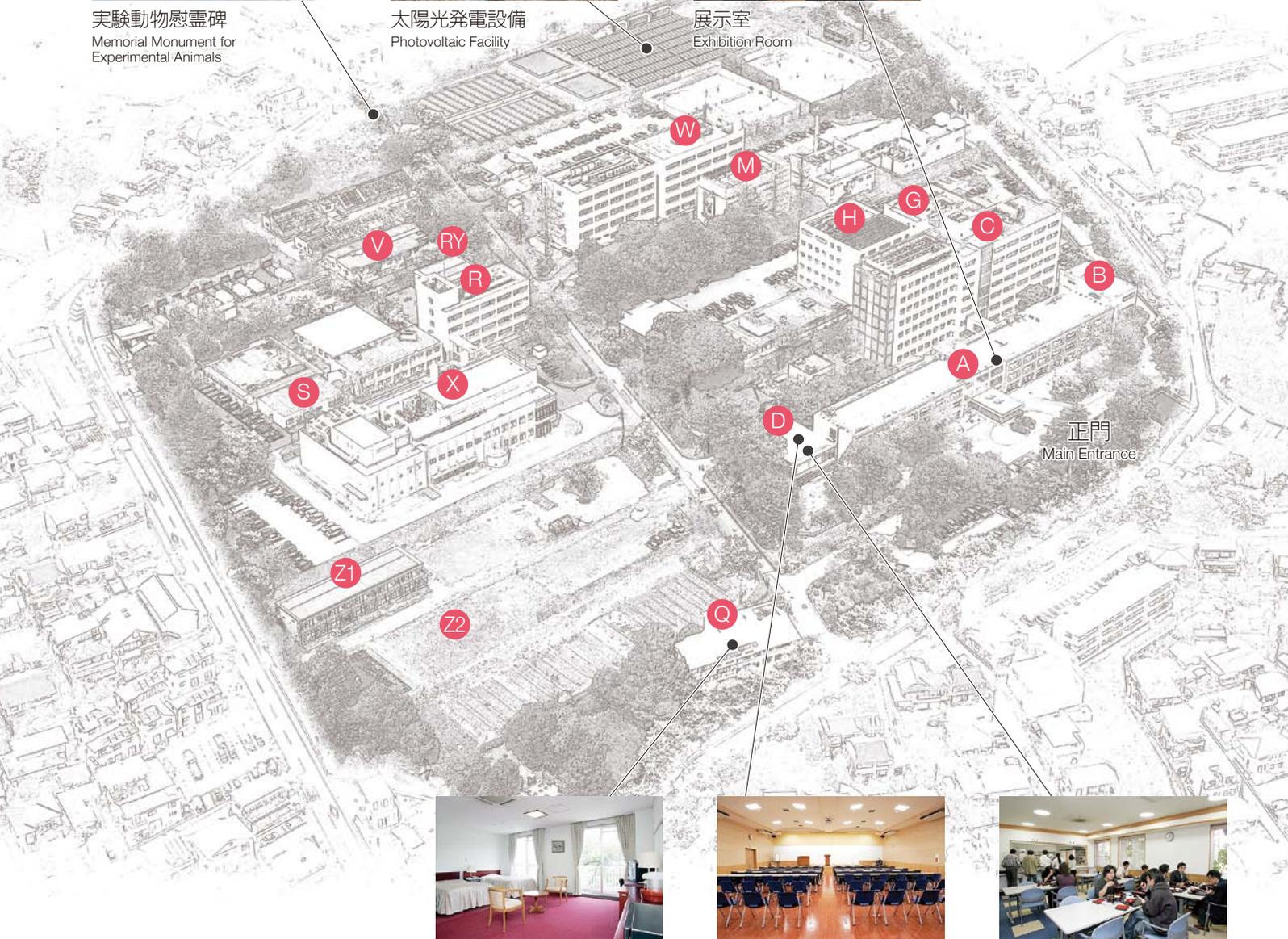
実験動物慰霊碑  
Memorial Monument for  
Experimental Animals



太陽光発電設備  
Photovoltaic Facility



展示室  
Exhibition Room



研究員宿泊施設  
Guest House



講堂  
Lecture Hall



食堂  
Cafeteria

- A** 本館  
Main Building
- B** 図書館  
Library
- C** 研究実験棟  
Laboratory Building
- D** 講堂棟  
Lecture Hall
- G** 構造遺伝学研究センター  
Structural Biology Center
- H** RI実験棟  
Radioisotope Laboratory

- M** 電子計算機棟  
Computer Building
- Q** 研究員宿泊施設  
Guest House
- R** 系統生物研究センター  
Genetic Strains Research Center
- RY** 系統生物附属プレハブ棟  
Genetic Strains Research Center Annex
- S** 系統生物西附属棟  
Genetic Strains Research Center West Building
- V** 実験圃場管理施設  
Administration Building for Experimental Farm

- W** 生命情報研究センター  
Center for Information Biology
- X** 動物飼育実験棟  
Animal Research Building
- Z1** 所内宿舎 1号棟  
Official Housing I
- Z2** 所内宿舎 2号棟  
Official Housing II

### 研究所の敷地と建物

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

内訳  
Details

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

建築面積 16,990㎡  
Building Area

建物延面積 41,894㎡  
(Total Floor Space)

(2019年4月1日現在)

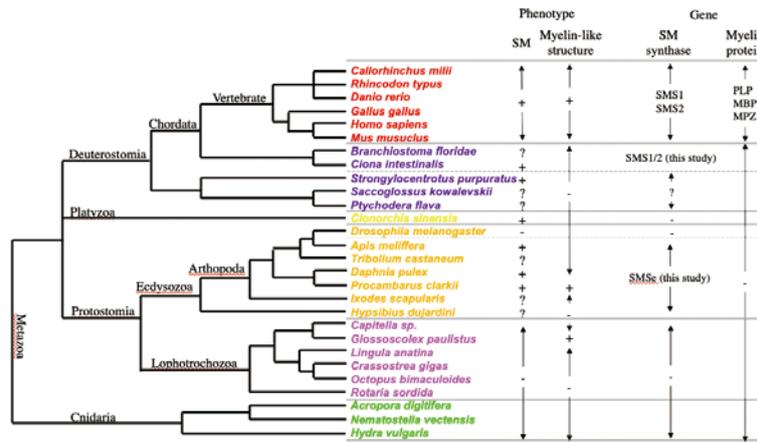
# Research Activities

遺伝研の研究活動



# Finding the link between metabolic variation and evolution

生物界における代謝の多様性と進化の関係を解き明かす



化合物合成機構の進化の一例。左が生物の種系統樹で、脊椎動物（赤）、無脊椎の新口動物（紫）、脱皮動物（黄）などの類縁関係がわかる。右には、それら動物の持つ構造や化合物に関する既知の知見をまとめてある。脊椎動物のミエリン鞘の絶縁性を司るスフィンゴミエリンの合成は、スフィンゴミエリン合成酵素であるSMS1とSMS2が担っている。節足動物などは別の相同遺伝子SMSeを持つ。

An example of evolutionary studies of compound synthesis. The left is the species tree of metazoa; vertebrate (red), invertebrate deuterostomes (purple), ecdysozoa (yellow), etc. The right is summary for the distribution of the myelin related structures and compounds. SMS1 and SMS2 both coded only in vertebrates work for synthesis of sphingomyelin. Arthropods have another homologous gene SMSe.

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

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

## Selected Publications

Tada I, Tanizawa Y, Endo A, Tohno M, Arita M. Revealing the genomic differences between two subgroups in *Lactobacillus gasserii*. *Biosci Microbiota Food Health*. 2017;36(4):155-159.

Satti M, Tanizawa Y, Endo A, Arita M. Comparative Analysis of probiotic genus *Bifidobacterium* and *Lactobacillus* based on a new definition of core genome. *GIW/BIOINFO2017*, Seoul, Korea (to appear in JBCB).

Simakov O, Kawashima T. Independent evolution of genomic characters during major metazoan transitions. *Dev Biol*. 2017 Jul 15;427(2):179-192.

Kawashima, T. Comparative and Evolutionary Genomics. In: Ranganathan, S., Nakai, K., Schönbach C. and Gribskov, M. (eds.) *Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology 2019* ;2:257-267.

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

Arita Group 有田研究室



ARITA, Masanori  
Professor  
有田正規 教授



KAWASHIMA, Takeshi  
Assistant Professor  
川島武士 助教

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



# Research on utilization of biological resource and database

## 遺伝資源情報の利用とデータベースに関する研究



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

National BioResource Project web portal. Information of biological resources provided in Japan can be obtained.

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

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

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

### Selected Publications

Katayama T, Wilkinson MD, Aoki-Kinoshita KF, Kawashima S, Yamamoto Y, Yamaguchi A, Okamoto S, Kawano S, Kim JD, Wang Y, Wu H, Kano Y, Ono H, Bono H, Kocbek S, Aerts J, Akune Y, Antezana E, Arakawa K, Aranda B, Baran J, Bolleman J, Bonnafant R, Buttigieg PL, Campbell MP, Chen YA, Chiba H, Cock PJ, Cohen KB, Constantin A, Duck G, Dumontier M, Fujisawa T, Fujiwara T, Goto N, Hoehndorf R, Igarashi Y, Itaya H, Ito M, Iwasaki W, Kalaš M, Katoda T, Kim T, Kokubu A, Komiyama Y, Kotera M, Laibe C, Lapp H, Lütke T, Marshall MS, Mori T, Mori H, Morita M, Murakami K, Nakao M, Narimatsu H, Nishide H, Nishimura Y,

Nystrom-Persson J, Ogishima S, Okamura Y, Okuda S, Oshita K, Packer NH, Prins P, Ranzinger R, Rocca-Serra P, Sansone S, Sawaki H, Shin SH, Splendiani A, Strozzi F, Tadaka S, Toukach P, Uchiyama I, Umezaki M, Vos R, Whetzel PL, Yamada I, Yamasaki C, Yamashita R, York WS, Zmasek CM, Kawamoto S, Takagi T. BioHackathon series in 2011 and 2012: penetration of ontology and linked data in life science domains. J Biomed Semantics. 2014 Feb 5;5(1):5.

Kawamoto S, Bono H. [Portal services of life science database project in Japan]. Tanpakushitsu Kakusan Koso. 2008 Mar;53(3):281-7.

Genetic Informatics Laboratory 系統情報研究室

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

### Kawamoto Group 川本研究室



KAWAMOTO, Shoko  
Associate Professor  
川本祥子 准教授



# Unveiling microbial community dynamics

## 微生物ゲノム進化と群集ダイナミクスの解明



陸上蛇紋岩熱水系からの微生物サンプリング、メタゲノム解析。  
Exploring microbial diversity in a continental serpentinite-hosted hydrothermal system.

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

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

### Selected Publications

Yonezawa T, Segawa T, Mori H, Campos PF, Hongoh Y, Endo H, Akiyoshi A, Kohno N, Nishida S, Wu J, Jin H, Adachi J, Kishino H, Kurokawa K, Nogi Y, Tanabe H, Mukoyama H, Yoshida K, Rasoamiramanana A, Yamagishi S, Hayashi Y, Yoshida A, Koike H, Akishinomiya F, Willerslev E, Hasegawa M. Phylogenomics and Morphology of Extinct Paleognaths Reveal the Origin and Evolution of the Ratites. *Curr Biol.* 2017 Jan 9;27(1):68-77.

Mori H, Maruyama T, Yano M, Yamada T, Kurokawa K. VITCOMIC2: visualization tool for the phylogenetic composition of microbial communities based on 16S

rRNA gene amplicons and metagenomic shotgun sequencing. *BMC Syst Biol.* 2018 Mar 19;12(Suppl 2):30.

Higashi K, Suzuki S, Kurosawa S, Mori H, Kurokawa K. Latent environment allocation of microbial community data. *PLoS Comput Biol.* 2018 Jun 6;14(6):e1006143.

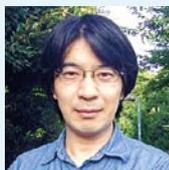
Segawa T, Matsuzaki R, Takeuchi N, Akiyoshi A, Navarro F, Sugiyama S, Yonezawa T, Mori H. Bipolar dispersal of red-snow algae. *Nat Commun.* 2018 Aug 6;9(1):3094.

Genome Evolution Laboratory ゲノム進化研究室

Kurokawa Group 黒川研究室



KUROKAWA, Ken  
Professor  
黒川 顕 教授



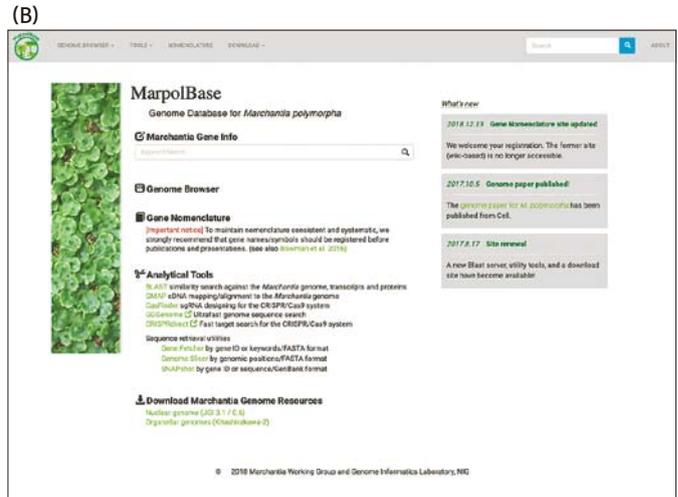
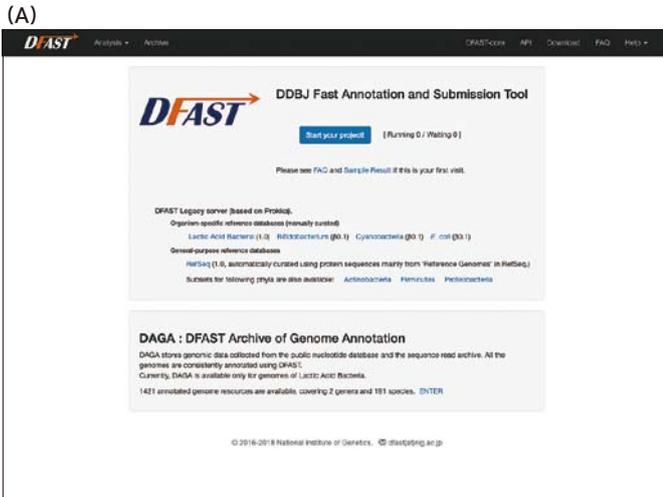
MORI, Hiroshi  
Assistant Professor  
森 宙史 助教

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



# Advancement of large-scale genome sequences and promotion of DDBJ

## 大規模ゲノム塩基配列解析の高度化とDDBJ事業の推進



(A) DFAST : DDBJ Fast Annotation and Submission Tool  
 (B) Marpolbase : ゼニゴケ (*Marchantia polymorpha*) ゲノム情報データベース

(A) Screenshot of DDBJ Fast Annotation and Submission Tool (DFAST)  
 (B) Screenshot of Marpolbase: a liverwort *Marchantia polymorpha* genome database

高速シーケンサの技術革新と共に、生物学者が大量の塩基配列データを得ることが可能になってきています。そのような大量の塩基配列データがうまく再利用されるためには、参照データとして高品質な塩基配列データベースの提供が不可欠です。信頼性の高い配列解析を実現するために、高速かつ可能な限り正確な結果を提供する自動化注釈システムを提供することも重要になります。中村研究室は日本DNAデータベース (DDBJ) の業務を担当する研究室として、高度なゲノム情報解析とそのデータベース化や、アノテーションの質の向上に取り組んでいます。DFASTは原核生物の自動注釈システムであり、DDBJへの高速かつ正確なデータ登録を支援します。また、苔類ゼニゴケ *Marchantia polymorpha* や、ウンシュウミカン *Citrus unshu* のような進化研究上、あるいは産業上重要な生物種の高精度な解析を共同研究により実施し、そのゲノム情報を提供しています。

Ultra high-throughput sequencing technologies allow biologists to obtain larger amounts of nucleotide sequence data. To facilitate for reuse such huge nucleotide data, it is necessary to create a high-quality sequence database as reference data. It is also important to equip automated annotation system that make it possible fast and accurate results for reliable sequencing analysis. Our laboratory is in charge of DNA Data Bank of Japan (DDBJ) and attempts to develop advanced database management systems, and to improve quality of annotations in genome databases. We have been constructing an automatic annotation system for prokaryotes: DDBJ Fast Annotation and Submission Tool (DFAST). We are also providing several high-quality annotated genome information for important plant species such as a liverwort *Marchantia polymorpha* and a japanese orange *Citrus unshu*.

### Selected Publications

Tanizawa Y, Fujisawa T, Nakamura Y. DFAST: a flexible prokaryotic genome annotation pipeline for faster genome publication. *Bioinformatics*. 2018 Mar 15;34(6):1037-1039.

Bowman JL, Kohchi T, Yamato KT, Jenkins J, Shu S, Ishizaki K, Yamaoka S, Nishihama R, Nakamura Y, Berger F, Adam C, Aki SS, Althoff F, Araki T, Arteaga-Vazquez MA, Balasubramanian S, Barry K, Bauer D, Boehm CR, Briginshaw L, Caballero-Perez J, Catarino B, Chen F, Chiyoda S, Chovatia M, Davies KM, Delmans M, Demura T, Dierschke T, Dolan L, Dorantes-Acosta AE, Eklund DM, Florent SN, Flores-Sandoval E, Fujiyama A, Fukuzawa H, Galik B, Grimanelli D, Grimwood J, Grossniklaus U, Hamada T, Haseloff J, Hetherington AJ, Higo A, Hirakawa Y, Hundley HN, Ikeda Y, Inoue K, Inoue SI, Ishida S, Jia Q, Kakita M, Kanazawa T, Kawai Y, Kawashima T, Kennedy M, Kinose K, Kinoshita T, Kohara Y, Koide E, Komatsu K, Kopschke S, Kubo M, Kyozuka J, Lagercrantz U,

Lin SS, Lindquist E, Lipzen AM, Lu CW, De Luna E, Martienssen RA, Minamino N, Mizutani M, Mizutani M, Mochizuki N, Monte I, Mosher R, Nagasaki H, Nakagami H, Naramoto S, Nishitani K, Ohtani M, Okamoto T, Okumura M, Phillips J, Pollak B, Reinders A, Rövekamp M, Sano R, Sawa S, Schmid MW, Shirakawa M, Solano R, Spunde A, Suetsugu N, Sugano S, Sugiyama A, Sun R, Suzuki Y, Takenaka M, Takezawa D, Tomogane H, Tsuzuki M, Ueda T, Umeda M, Ward JM, Watanabe Y, Yazaki K, Yokoyama R, Yoshitake Y, Yotsui I, Zachgo S, Schmutz J. Insights into Land Plant Evolution Garnered from the *Marchantia polymorpha* Genome. *Cell*. 2017 Oct 5;171(2):287-304.e15.

Shimizu T, Tanizawa Y, Mochizuki T, Nagasaki H, Yoshioka T, Toyoda A, Fujiyama A, Kaminuma E, Nakamura Y. Draft Sequencing of the Heterozygous Diploid Genome of Satsuma (*Citrus unshiu* Marc.) Using a Hybrid Assembly Approach. *Front Genet*. 2017 Dec 5;8:180.

Genome Informatics Laboratory 大量遺伝情報研究室

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

### Nakamura Group 中村研究室



NAKAMURA, Yasukazu  
 Professor  
 中村保一 教授

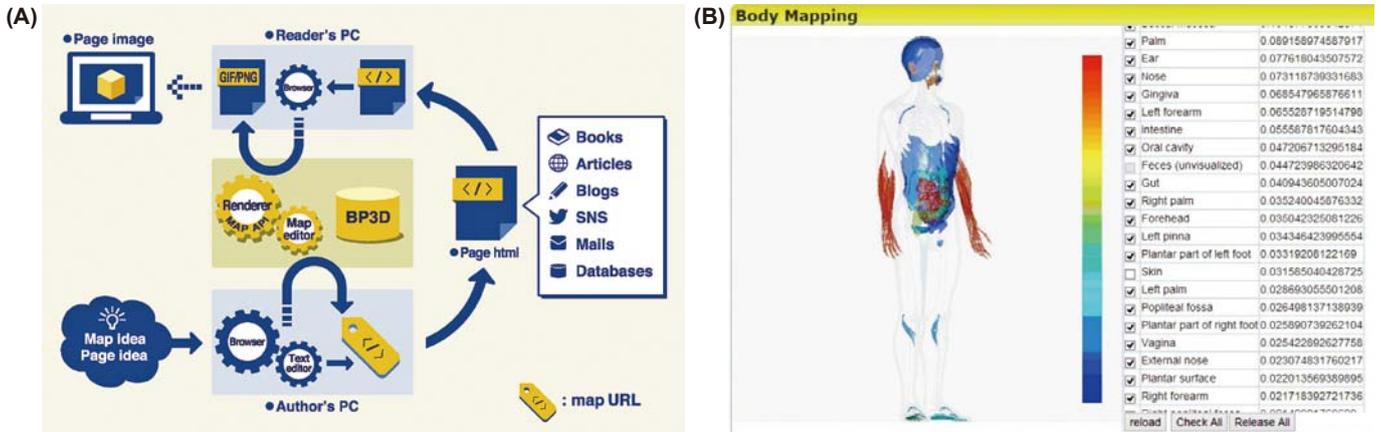


TANIZAWA, Yasuhiro  
 Assistant Professor  
 谷澤靖洋 助教



# Developing technologies to make BioMedicine comprehensible and tractable

生命科学を機械に扱いやすく人に解りやすくする技術の開発



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

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

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

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

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

## Selected Publications

Fujieda K, Okubo K. A reusable anatomically segmented digital mannequin for public health communication. *J Vis Commun Med.* 2016 Jan-Jun;39(1-2):18-26.

Ono H, Ogasawara O, Okubo K, Bono H. RefEx, a reference gene expression dataset as a web tool for the functional analysis of genes. *Sci Data.* 2017 Aug 29;4:170105.

Mitsuhashi N, Fujieda K, Tamura T, Kawamoto S, Takagi T, Okubo K. BodyParts3D: 3D structure database for anatomical concepts. *Nucleic Acids Res.* 2009 Jan;37(Database issue):D782-5.

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

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

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

## Okubo Group 大久保研究室

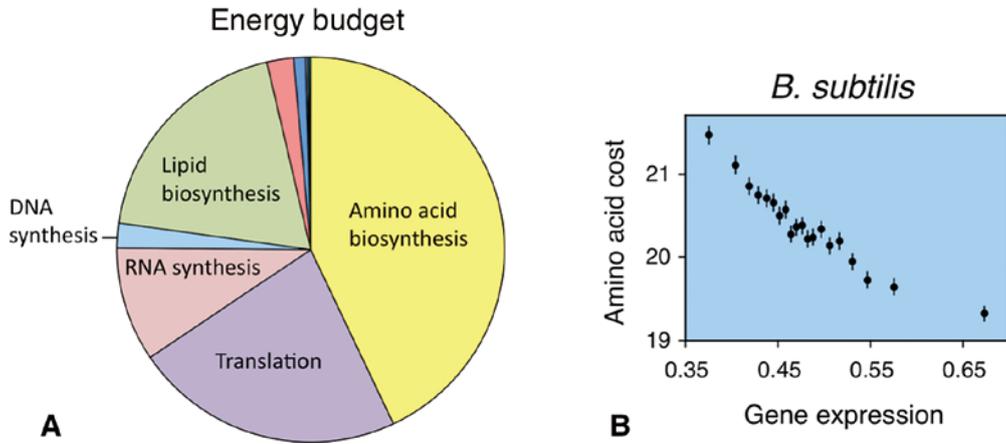


OKUBO, Kousaku  
Professor  
大久保公策 教授



# Population genetics and genome evolution

## 集団遺伝とゲノム進化



A) バクテリアでの生合成にかかるエネルギーの割合。バクテリアの細胞では約75%のエネルギーがタンパク質合成に使われています (Neidhardt *et al.* 1990)。B) エネルギーコストに関わるタンパク質の進化。枯草菌のゲノムを見てみると、量の多いタンパク質はコストの安いアミノ酸を使って合成されていることが分かります。

Metabolic economics and microbial proteome evolution. A) Chemical energy allocations for biosynthesis of a bacterial cell. About 75% of the budget is used for protein synthesis. Based on data from *E. coli* (Neidhardt *et al.* 1990). B) Protein adaptation for energetic efficiency. In *Bacillus subtilis*, abundant proteins employ less energetically costly amino acids.

本研究室では、ゲノム進化のメカニズムを解明するために、理論と実験を組み合わせた研究を行っています。現在の研究テーマは以下のようなものです。

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

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

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

### Selected Publications

Matsumoto T, John A, Baeza-Centurion P, Li B, Akashi H. Codon Usage Selection Can Bias Estimation of the Fraction of Adaptive Amino Acid Fixations. *Mol Biol Evol.* 2016 Jun;33(6):1580-9.

Matsumoto T, Akashi H, Yang Z. Evaluation of Ancestral Sequence Reconstruction Methods to Infer Nonstationary Patterns of Nucleotide Substitution. *Genetics.* 2015 Jul;200(3):873-90.

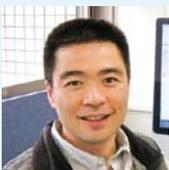
Akashi H, Osada N, Ohta T. Weak selection and protein evolution. *Genetics.* 2012 Sep;192(1):15-31.

Matsumoto T, Akashi H. Distinguishing Among Evolutionary Forces Acting on Genome-Wide Base Composition: Computer Simulation Analysis of Approximate Methods for Inferring Site Frequency Spectra of Derived Mutations. *G3 (Bethesda).* 2018 May 4;8(5):1755-1769.

Evolutionary Genetics Laboratory 進化遺伝研究室

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

### Akashi Group 明石研究室



AKASHI, Hiroshi  
Professor  
明石 裕 教授

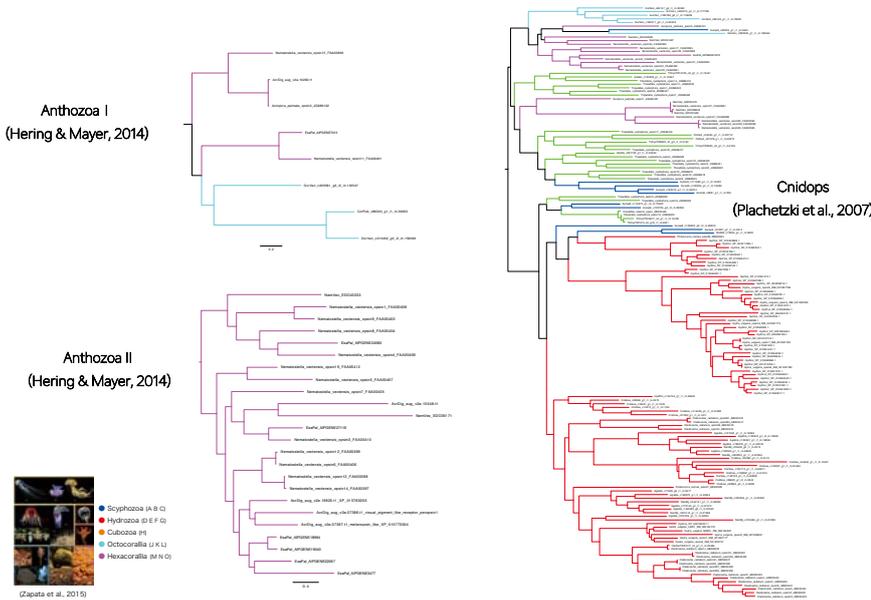


MATSUMOTO, Tomotaka  
Assistant Professor  
松本知高 助教



# Study for molecular evolution using genome sequence and gene expression

## ゲノム配列と遺伝子発現からみた分子進化学



刺胞動物のオプシン系統解析。刺胞動物の持つオプシンは、大きく3つのグループに分かれ、且つそれぞれの系統内で独自に進化してきたことが分かった。

Molecular phylogeny of cnidarian opsin genes. We found that cnidarian opsin genes are divided into three groups and evolved independently in each lineages (class/subclass).

本研究室では、生物が新規の形質や特性を獲得するための分子基盤とその進化過程の解明を目指し、動物や菌類、細菌類を材料としてゲノム配列や遺伝子発現情報の比較解析を行っています。特に(1) 感覚器の進化に伴う遺伝子の分子進化解析、(2) 菌類の隔壁進化、(3) メタゲノム解析を用いた微生物の多様性と環境ダイナミクスの解明、(4) ミトコンドリア及び核DNAに基づく分子系統解析、(5) データ解析による疾患原因遺伝子の探索と疾患モデルの構築、(6) 情報科学を用いた大規模データ解析システムの開発と知識発見に力を注いで研究を行っております。

We study the evolutionary process for acquisition of novel phenotypic characters by comparative genomics and molecular evolutionary approaches, using various materials such as animals, fungi, or bacteria. Particularly, we have recently focused more on (1) Molecular evolutionary analysis of genes associated with sensory organs, (2) Evolution of septal pore cap in fungi, (3) Biodiversity and dynamics of marine microbes based on metagenomic analysis, (4) Molecular phylogeny based on mitochondrial and nuclear genes, (5) Study of disease causal gene and gene model of disease, (6) Knowledge finding and system development for big data in life science.

### Selected Publications

Yuyama I, Ishikawa M, Nozawa M, Yoshida MA, Ikeo K. Transcriptomic changes with increasing algal symbiont reveal the detailed process underlying establishment of coral-algal symbiosis. *Sci Rep.* 2018 Nov 14;8(1):16802.

Sultana Z, Asakura A, Kinjo S, Nozawa M, Nakano T, Ikeo K. Molecular phylogeny of ten intertidal hermit crabs of the genus *Pagurus* inferred from multiple mitochondrial genes, with special emphasis on the evolutionary relationship of *Pagurus lanuginosus* and *Pagurus maculosus*. *Genetica.* 2018 Jul 10.

Kinjo S, Monma N, Misu S, Kitamura N, Imoto J, Yoshitake K, Gojobori T, Ikeo K. Maser: one-stop platform for NGS big data from analysis to visualization. *Database (Oxford).* 2018 Jan 1;2018.

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

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

Ikeo Group 池尾研究室

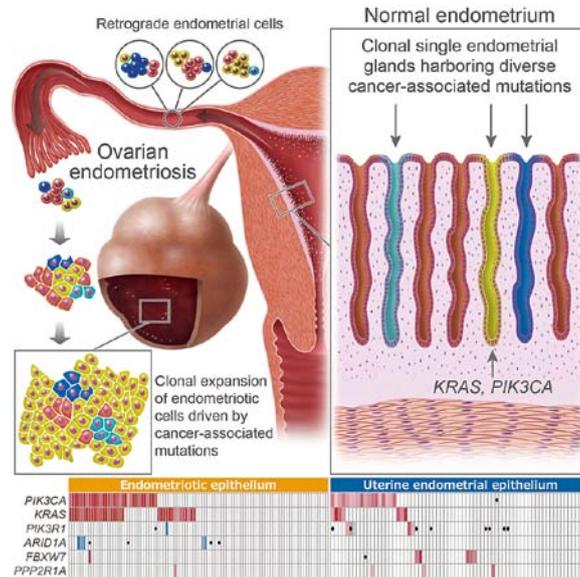


IKEO, Kazuho  
Associate Professor  
池尾一穂 准教授



# Genomic medicine with next generation sequencing technology

## 次世代シーケンサーを駆使したゲノム医学研究



研究結果に基づいて、子宮内膜症における月経血逆流説を表した図。正常子宮内膜に由来する癌関連遺伝子 (KRAS、PIK3CA が代表的) をもった子宮内膜細胞が月経時に卵管を逆流して腹腔内に到達します。卵巣表面に生着した子宮内膜細胞が増殖し、卵巣子宮内膜症を形成します。

Graphical representation for retrograde hypothesis of the origin of endometriosis according to the results of this study. Endometriosis and uterine endometrium harbor cancer-associated somatic mutations. Endometrial glands carry distinct mutations of cancer-associated genes such as KRAS and PIK3CA. Retrograde flow of endometrial cells harboring cancer-associated mutations have selective advantages and go through clonal expansion at ectopic sites (peritoneal surface and ovary), leading to the development of endometriosis.

本研究室では、次世代シーケンサーで得られる膨大な塩基配列情報を医学研究に活用し、ヒト疾患の理解、治療法の開発に寄与することを目指しています。疾患ゲノム研究は原因となっている遺伝子変異、多型を検出することを当初の目標としていますが、病変組織における遺伝子発現プロファイル、ネットワーク解析を組み合わせることにより、疾患メカニズム理解につなげる研究も推進します。また多因子疾患における疾患感受性遺伝子は進化的な意義を有することが多く、集団遺伝学的な検討も試みています。

Our research goal is to elucidate disease causalities and their patho-etologies, and ultimately to develop therapeutic tool. With the advent of next generation sequencing technologies, it becomes very handy to identify causalities of monogenic diseases as well as complex diseases. With the vast of genomic information at hand, we will combine gene expression profiles of the responsible tissues together with clinical information to understand the global picture of diseases.

### Selected Publications

Romero V, Nakaoka H, Hosomichi K, Inoue I. High Order Formation and Evolution of Hornerin in Primates. *Genome Biol Evol.* 2018 Dec 1;10(12):3167-3175.

Suda K, Nakaoka H, Yoshihara K, Ishiguro T, Tamura R, Mori Y, Yamawaki K, Adachi S, Takahashi T, Kase H, Tanaka K, Yamamoto T, Motoyama T, Inoue I, Enomoto T. Clonal Expansion and Diversification of Cancer-Associated Mutations in Endometriosis and Normal Endometrium. *Cell Rep.* 2018 Aug 14;24(7):1777-1789.

Ito J, Sugimoto R, Nakaoka H, Yamada S, Kimura T, Hayano T, Inoue I. Systematic identification and characterization of regulatory elements derived from human endogenous retroviruses. *PLoS Genet.* 2017 Jul 12;13(7):e1006883.

Hirata J, Hosomichi K, Sakaue S, Kanai M, Nakaoka H, Ishigaki K, Suzuki K, Akiyama M, Kishikawa T, Ogawa K, Masuda T, Yamamoto K, Hirata M, Matsuda K, Momozawa Y, Inoue I, Kubo M, Kamatani Y, Okada Y. Genetic and phenotypic landscape of the major histocompatibility complex region in the Japanese population. *Nat Genet.* 2019 Jan 28. doi: 10.1038/s41588-018-0336-0. [Epub ahead of print].

Human Genetics Laboratory 人類遺伝研究室

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

### Inoue Group 井ノ上研究室



INOUE, Ituro  
Professor  
井ノ上逸朗 教授



NAKAOKA, Hirofumi  
Assistant Professor  
中岡博史 助教



# Genetics of adaptive radiation

## 適応放散の遺伝機構



地道なフィールド調査と飼育室内での実験によって、野外生物にみられる行動や生理や形態の変異を解析します。ついで、古典的な遺伝的手法や最新のゲノミクス技術などを援用し、遺伝基盤や候補遺伝子を解明していきます。また、遺伝子操作法による分子機能解析に加え、ピオトープ池を用いたマイクロ生態系での生態実験を用いて分子から生態までをつないでいきます。

Our research takes an integrative approach across diverse disciplines. The first step is to conduct a detailed ecological survey of natural variation among stickleback populations collected from diverse environments. Next, we use genetic and genomic tools to study the genetic architecture of ecologically important phenotypic traits and also identify candidate genes responsible for adaptation and speciation. Then, we use transgenic and knockout approaches to study the detailed molecular and physiological functions of these candidate genes *in vivo*. Furthermore, we plan to use semi-natural ponds to get insight into how different alleles behave within natural populations.

どうやって新たな種が生まれるのか。生き物がどのようにして多様な環境に適応していくのか。生物多様性進化を巡るこれらの問いに対して、トゲウオやメダカを用いながら迫ります。表現型変化に関わる遺伝子は、実験モデル生物において多く同定されてきましたが、野外生物における種分化や適応進化の分子機構は多くが未解明です。また、原因対立遺伝子が野外集団内でどのように広まっていくのかについても多くが未解明です。これらを解明するために、フィールド調査から始まり、ゲノミクスや遺伝子工学、生態実験などを統合的に用います。

Our research goal is to understand the molecular mechanisms underlying the evolution of biodiversity. Although many genes important for animal development and behavior have been identified in model organisms, little is known about the molecular mechanisms underlying naturally occurring phenotypic variation important for adaptation and speciation in wild populations. Furthermore, little is known about how newly evolved alleles important for adaptation and speciation spread within natural populations. To understand these ecological and genetic mechanisms, we mainly use stickleback fishes as a model. Our research takes an integrative approach across diverse disciplines.

### Selected Publications

Yoshida K, Ishikawa A, Toyoda A, Shigenobu S, Fujiyama A, Kitano J. Functional divergence of a heterochromatin-binding protein during stickleback speciation. *Mol Ecol*. 2019 in press.

Ravinet M, Yoshida K, Shigenobu S, Toyoda A, Fujiyama A, Kitano J. The genomic landscape at a late stage of stickleback speciation: High genomic divergence interspersed by small localized regions of introgression. *PLoS Genet*. 2018 May 23;14(5):e1007358.

Kusakabe M, Ishikawa A, Ravinet M, Yoshida K, Makino T, Toyoda A, Fujiyama A, Kitano J. Genetic basis for variation in salinity tolerance between stickleback ecotypes. *Mol Ecol*. 2017 Jan;26(1):304-319.

Ishikawa A, Kusakabe M, Yoshida K, Ravinet M, Makino T, Toyoda A, Fujiyama A, Kitano J. Different contributions of local- and distant-regulatory changes to transcriptome divergence between stickleback ecotypes. *Evolution*. 2017 Mar;71(3):565-581.

Ecological Genetics Laboratory 生態遺伝学研究室

### Kitano Group 北野研究室



KITANO, Jun  
Professor  
北野 潤 教授



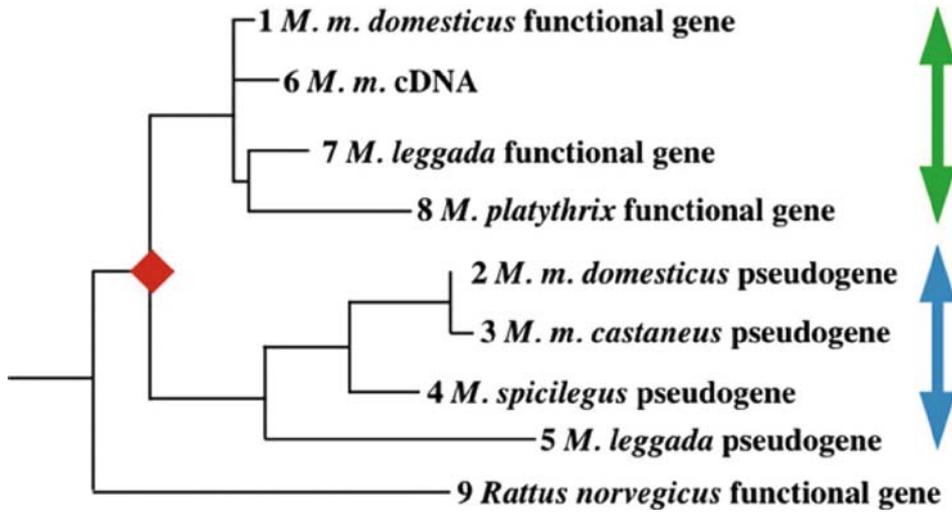
ISHIKAWA, Asano  
Assistant Professor  
石川麻乃 助教

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



# Genome evolution of organisms with special reference to human

## ヒトを中心とした生物のゲノム進化



迅速近隣結合法の応用例。Saitou (2018) より。  
An application of Swift Neighbor-Joining method. From Saitou (2018).

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

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

### Selected Publications

Saitou N. Introduction to Evolutionary Genomics Second Edition. Computational Biology Series. 2018 Springer

Saitou N, Shokat S. DNA analyses of camels. Journal of Arid Land Studies. 2017; 26(4):223-226.

Saitou N. Chance, Finiteness, and History. Mol Biol Evol. 2018 Jun;35(6):1556-1557.

Saitou N. ed. Evolution of the Human Genome, Volume I. Genes and Genomes. Evolutionary Study Series. 2017 Springer

Population Genetics Laboratory 集団遺伝研究室

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

### Saitou Group 斎藤研究室



SAITOU, Naruya  
Professor  
斎藤成也 教授

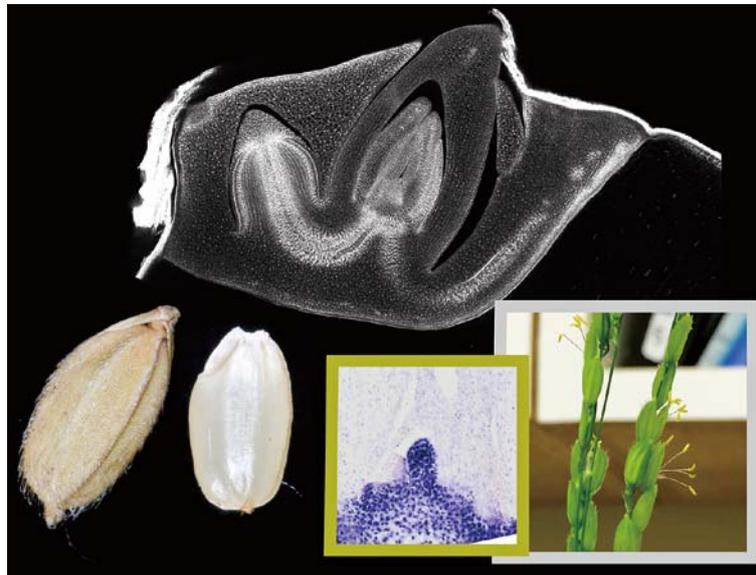


JINAM, Timothy A.  
Assistant Professor  
ジナム ティモシー A. 助教



# Molecular genetics of plant embryogenesis

## イネ分子遺伝学による植物初期発生機構の解明



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

Upper panel: mature rice embryo observed by confocal laser scanning microscope.

Lower panels from left: rice grain, brown rice, immunohistochemical staining of a marker of undifferentiated stem cells in the shoot apical meristem in rice (OSH1), rice flowers.

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

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

### Selected Publications

Suzuki M, Sato Y, Wu S, Kang BH, McCarty DR. Conserved Functions of the MATE Transporter BIG EMBRYO1 in Regulation of Lateral Organ Size and Initiation Rate. *Plant Cell*. 2015 Aug;27(8):2288-300.

Itoh J, Sato Y, Sato Y, Hibara K, Shimizu-Sato S, Kobayashi H, Takehisa H, Sanguinet KA, Namiki N, Nagamura Y. Genome-wide analysis of spatiotemporal gene expression patterns during early embryogenesis in rice. *Development*. 2016 Apr 1;143(7):1217-27.

Kubo FC, Yasui Y, Kumamaru T, Sato Y, Hirano HY. Genetic analysis of rice mutants responsible for narrow leaf phenotype and reduced vein number. *Genes Genet Syst*. 2017 Mar 17;91(4):235-240.

Honda E, Yew CL, Yoshikawa T, Sato Y, Hibara KI, Itoh JI. LEAF LATERAL SYMMETRY1, a Member of the WUSCHEL-RELATED HOMEODOMAIN3 Gene Family, Regulates Lateral Organ Development Differentially from Other Paralogs, NARROW LEAF2 and NARROW LEAF3 in Rice. *Plant Cell Physiol*. 2018 Feb 1;59(2):376-391.

Plant Genetics Laboratory 植物遺伝研究室

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

### Sato Group 佐藤研究室



SATO, Yutaka  
Professor  
佐藤 豊 教授



SUZUKI, Toshiya  
Assistant Professor  
鈴木俊哉 助教

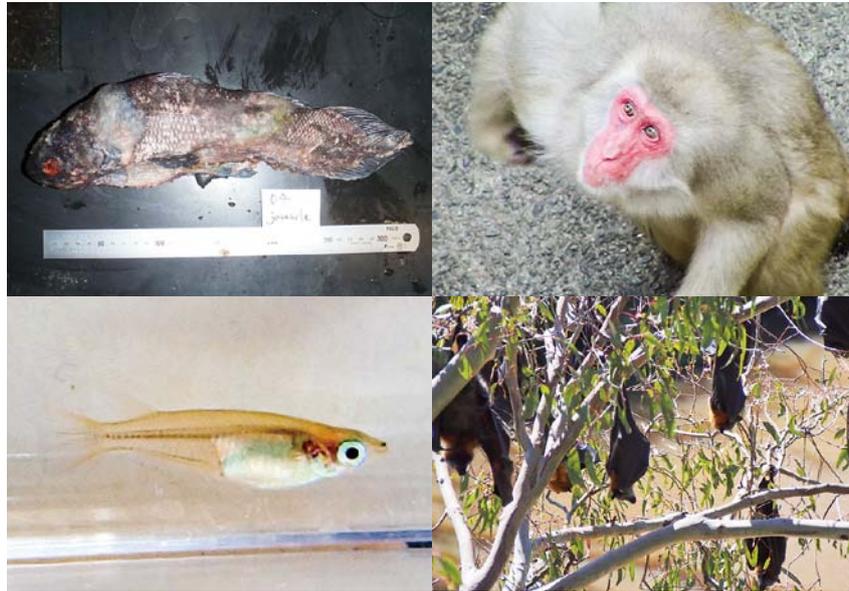


TAKAHASHI (NOSAKA), Misuzu  
Assistant Professor  
高橋(野坂)実鈴 助教



# Understanding of the diversity and specificity by comparative genomic analysis using advanced sequencing technologies

## 比較ゲノム研究による生命の多様性と特異性の理解



比較ゲノム解析研究室でゲノム解読を実施した生物種。 左上：解剖前のシーラカンス稚魚 右上：ニホンザル 下左：セレパンシメダカ 下右：オオコオモリ的一种

Pictures of the animals whose genomes have been analyzed

当研究室では、ヒトを含む霊長類から生命科学研究において重要な生物種や極限環境に棲息する生物、ヒトマイクロバイオームなど様々な生物を対象に比較ゲノム解析を通じて生命現象の原理原則を理解することを目標に研究活動を行っています。また、先端ゲノミクス推進センターと連携して、最新のゲノム解読技術を用いた先端ゲノミクス研究を実施しており、多くの国内外の研究機関との共同研究を積極的に進めています。

The Comparative Genomics Laboratory was established in April 2008 with the task to understand basic rules of biological systems using cutting-edge DNA sequencing and analysis technologies. Currently, we are analyzing personalized genomes of primates in addition to the organisms those living in the extreme environmental conditions. Furthermore, we have started supporting and developing metagenomic and bioinformatic analyses to promote human microbiome research. Figures show examples of such activities.

### Selected Publications

Nishiyama T, Sakayama H, de Vries J, Buschmann H, Saint-Marcoux D, Ullrich KK, Haas FB, Vanderstraeten L, Becker D, Lang D, Vosolsobé S, Rombauts S, Wilhelmsson PKL, Janitza P, Kern R, Heyl A, Rümpler F, Villalobos LAC, Clay JM, Skokan R, Toyoda A, Suzuki Y, Kagoshima H, Schjlen E, Tajeshwar N, Catarino B, Hetherington AJ, Salykova A, Bonnot C, Breuninger H, Symeonidi A, Radhakrishnan GV, Van Nieuwerburgh F, Deforce D, Chang C, Karol KG, Hedrich R, Ulshkov P, Glickner G, Delwiche CF, Petrásák J, Van de Peer Y, Frimi J, Bolby M, Dolan L, Kohara Y, Sugano S, Fujiyama A, Delaux PM, Quint M, Theissen G, Hagemann M, Harholt J, Durand C, Zachgo S, Langdale J, Maumus F, Van Der Straeten D, Gould SB, Rensing SA. The *Oryza* Genome: Secondary Complexity and Implications for Plant Terrestrialization. *Cell*. 2018 Jul 12;174(2):448-464.e24.

McColl H, Racimo F, Vinner L, Demeter F, Gakuhan T, Moreno-Mayar JV, van Driem G, Gram Wilken U, Seguin-Orlando A, de la Fuente Castro C, Wasef S, Shoocongdej R, Soukavoldy V, Sayavongkhamdy T, Saidin MM, Alentoft ME, Sato T, Malaspina AS, Aghakhanian FA, Kornelussen T, Prohaska A, Margaryan A, de Barros Damgaard P, Kaewwattana S, Lerit P, Nguyen TMH, Hung HC, Minh Tran T, Nghia Truong H, Nguyen GH, Shahidan S, Wiradhyana K, Matsumae H, Shigehara N, Yoneda M, Ishida H, Masuyama T, Yamada Y, Tajima A, Shibata H, Toyoda A, Hanhara T, Nakagome S, Deviese T, Bacon AM, Durringer P, Ponche JL, Shackelford L, Patole-Edumba E, Nguyen AT, Bellina-Przyce B, Galipaud JC, Kinaston R, Buckley H, Pottier C, Rasmussen S, Higham T, Foley RA, Lahr MM, Orlando L, Skora M, Phipps ME, Oda H, Higham G, Lambert DM, Willerslev E. The prehistoric peopling of Southeast Asia. *Science*. 2018 Jul

6:361(6397):88-92.

Session AM, Uno Y, Kwon T, Chapman JA, Toyoda A, Takahashi S, Fukui A, Hikosaka A, Suzuki A, Kondo M, van Heeringen SJ, Quigley I, Heinz S, Ogino H, Ochi H, Helsten U, Lyons JB, Simakov O, Putnam N, Stites J, Kuroki Y, Tanaka T, Michiue T, Watanabe M, Bogdanovic O, Lister R, Georgiou G, Paranjape SS, van Krujtsbergen I, Shu S, Carlson J, Kinoshita T, Ohta Y, Mawaribuchi S, Jenkins J, Grimwood J, Schmutz J, Mitros T, Mozaffari SV, Suzuki Y, Haramoto Y, Yamamoto TS, Takagi C, Heald R, Miller K, Haudenschild C, Kitzman J, Nakayama T, Izutsu Y, Robert J, Fortriede J, Burns K, Lotay V, Karim K, Yasuoka Y, Dichmann DS, Flajnik MF, Houston DW, Shendure J, DuPasquier L, Vize PD, Zorn AM, Ito M, Marcotte EM, Wallingford JB, Ito Y, Asashima M, Ueno N, Matsuda Y, Veenstra GJ, Fujiyama A, Harland RM, Taira M, Rokhsar DS. Genome evolution in the allotetraploid frog *Xenopus laevis*. *Nature*. 2016 Oct 20;538(7625):336-343.

Hashimoto T, Honkawa DD, Saito Y, Kuwahara H, Kozuka-Hata H, Shin-I T, Minakuchi Y, Ohishi K, Motoyama A, Aizu T, Enomoto A, Kondo K, Tanaka S, Hara Y, Koshikawa S, Sagara H, Miura T, Yokobori SI, Miyagawa K, Suzuki Y, Kubo T, Oyama M, Kohara Y, Fujiyama A, Arakawa K, Katayama T, Toyoda A, Kunieda T. Extremotolerant tardigrade genome and improved radiotolerance of human cultured cells by tardigrade-unique protein. *Nat Commun*. 2016 Sep 20;7:12808.

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

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

Toyoda Group 豊田研究室



TOYODA, Atsushi  
Project Professor  
豊田 敦 特任教授



# Approaching brain function through studying development of nervous systems

## 神経発生から眺める脳機能



遺伝子型の異なる3匹のマウス胚脳を腹側からみた写真。左右前端部の嗅球(矢じり)の神経細胞と軸索が青く染まっている。(左)正常脳では、軸索は腹側の脳を避けるように弧を描いて伸びて神経回路を作る。(中・右)軸索ガイド分子遺伝子を欠損したマウス脳では、軸索の伸長パターンが乱れ、異所的回路が作られる。

Ventral aspects of three mouse embryonic brains with different genotypes. Olfactory bulb (arrowheads) neurons and their axons are labeled in blue. (left) in the normal brain, olfactory bulb axons grow around the ventral brain part and make neural circuits. (middle, right) in mutant brains for axon guidance molecules, the axons ectopically grow and make aberrant connections.

脳は膨大な数の神経細胞が織りなす回路です。遺伝子に記された発生プログラムに従って、神経細胞が生まれ、移動し、軸索を伸長して、標的細胞と配線されて作られます。この配線パターンが、動物の行動や思考といった脳機能の特徴を決めています。経験や学習によって柔軟に変化できる脳ですが、実のところ、いったん作られた配線のほとんどは固定されており、書き換え不能です。当研究室では、発生期につくられる神経回路の配線のルールを理解する事で、脳の頑固な部分に迫りたいと考えています。

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

### Selected Publications

Hirata T, Iwai L. Timing matters: A strategy for neurons to make diverse connections. *Neurosci Res.* 2019 Jan;138:79-83.

Yamauchi K, Yamazaki M, Abe M, Sakimura K, Lickert H, Kawasaki T, Murakami F, Hirata T. Netrin-1 Derived from the Ventricular Zone, but not the Floor Plate, Directs Hindbrain Commissural Axons to the Ventral Midline. *Sci Rep.* 2017 Sep 20;7(1):11992.

Zhu Y, Matsumoto T, Nagasawa T, Mackay F, Murakami F. Chemokine Signaling Controls Integrity of Radial Glial Scaffold in Developing Spinal Cord and Consequential Proper Position of Boundary Cap Cells. *J Neurosci.* 2015 Jun 17;35(24):9211-24.

Mita S, de Monasterio-Schrader P, Fünfschilling U, Kawasaki T, Mizuno H, Iwasato T, Nave KA, Werner HB, Hirata T. Transcallosal Projections Require Glycoprotein M6-Dependent Neurite Growth and Guidance. *Cereb Cortex.* 2015 Nov;25(11):4111-25.

Brain Function Laboratory 脳機能研究室

### Hirata Group 平田研究室



HIRATA, Tatsumi  
Professor  
平田たつみ 教授



KAWASAKI, Takahiko  
Assistant Professor  
川崎能彦 助教



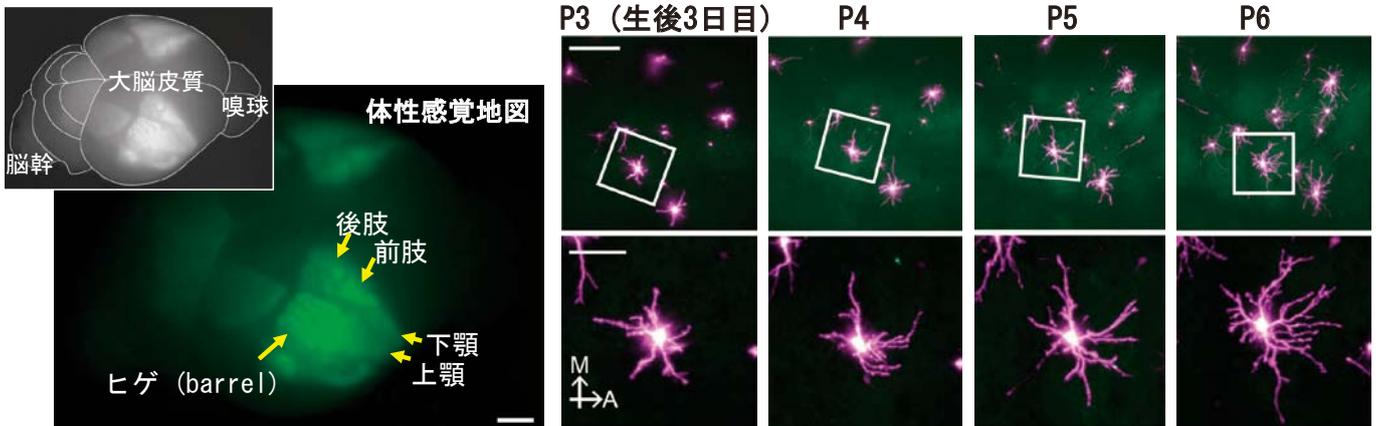
ZHU, Yan  
Assistant Professor  
トウー ヤン 助教

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



# Neuronal circuit development and function in the mouse brain

マウスを用いた脳神経回路発達の分子から個体までの統合的解析



(左図) 大脳皮質の“体表面感覚の地図”(マウスでは主にヒゲ感覚)を遺伝子操作によりGFP標識した。  
 (右図) 独自に開発した手法でヒゲ地図の神経細胞を疎らにRFP標識し、その成長を二光子顕微鏡を用いて経時観察した。新生仔脳の神経細胞が特定の入力(写真では右側に1本のヒゲからの入力)に向かって樹状突起を展開する過程の観察に成功した(世界初!)

(Left) The barrel map is visualized by generating thalamocortical axon (TCA)-GFP transgenic mouse.  
 (Right) A single layer 4 neuron is labeled by Supernova-RFP and dendritic refinement is analyzed by long-term in vivo two-photon imaging in neonates.

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

To understand development of complex yet sophisticated neuronal circuits underlying higher brain function of mammals, integrative studies which cover from molecules to whole animals are indispensable. By using a wide range of techniques, such as mouse genetics (gene knockout), 2-photon microscopy, confocal microscopy, histology and behavioral analyses, we are studying mechanisms of development and function of mammalian neuronal circuits. In particular, we are interested in activity-dependent circuit development during postnatal stages.

## Selected Publications

Nakazawa S, Mizuno H, Iwasato T. Differential dynamics of cortical neuron dendritic trees revealed by long-term in vivo imaging in neonates. *Nat Commun.* 2018 Aug 6;9(1):3106.

Mizuno H, Ikezoe K, Nakazawa S, Sato T, Kitamura K, Iwasato T. Patchwork-type spontaneous activity in neonatal barrel cortex layer 4 transmitted via thalamocortical projections. *Cell Rep.* 2018 Jan 2;22(1):123-135.

Luo W, Mizuno H, Iwata R, Nakazawa S, Yasuda K, Itohara S, Iwasato T. Supernova: A versatile vector system for single-cell labeling and gene function studies in vivo. *Sci Rep.* 2016 Oct 24;6:35747.

Mizuno H, Luo W, Tarusawa E, Saito YM, Sato T, Yoshimura Y, Itohara S, Iwasato T. NMDAR-regulated dynamics of layer 4 neuronal dendrites during thalamocortical reorganization in neonates. *Neuron.* 2014 Apr 16;82(2):365-79.

Laboratory of Mammalian Neural Circuits 神経回路構築研究室

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

## Iwasato Group 岩里研究室



IWASATO, Takuji  
Professor  
岩里琢治 教授

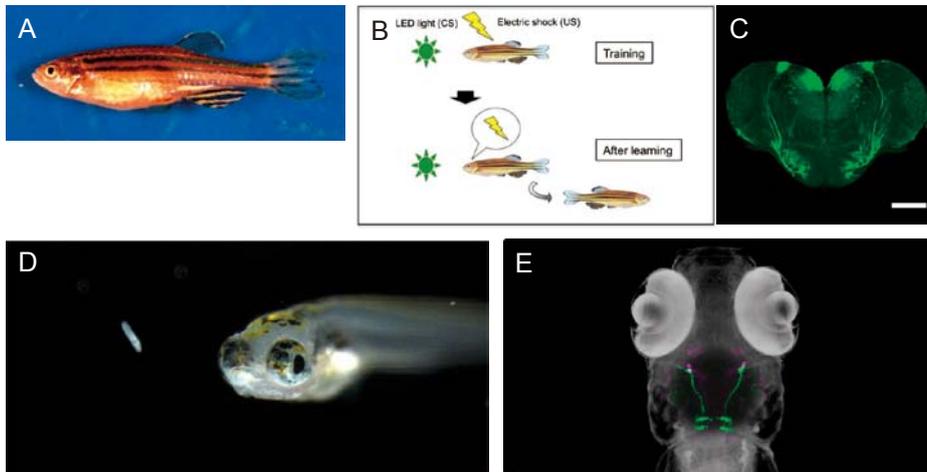


NAKAGAWA, Naoki  
Assistant Professor  
中川直樹 助教



# The genetic basis of development and behaviors in zebrafish

## ゼブラフィッシュを用いた高次生命現象の遺伝学的解析



(A) インド原産のゼブラフィッシュ。体長約4cm。(B, C) ゼブラフィッシュの恐怖条件付け学習に必要な神経回路 (Lal et al. 2018)。(D) ゼブラフィッシュの摂餌行動 (Muto et al. 2017)。(E) ゼブラフィッシュの外転神経の形成メカニズム (Asakawa and Kawakami 2018)。

(A) Adult zebrafish. (B, C) Neuronal circuits essential for fear conditioning in zebrafish (Lal et al. 2018). (D) Prey hunting in zebrafish (Muto et al. 2017). (E) A developmental mechanism of abducens neurons in zebrafish (Asakawa and Kawakami 2018).

私たちは、メダカ由来の転移因子 Tol2 の解析を行い、脊椎動物において機能する高効率なトランスポゾン転移システムを世界に先駆けて開発してきました。また、モデル脊椎動物ゼブラフィッシュにおいて、トランスポゾン転移システムを用いたトランスジェニックフィッシュ作製法、遺伝子トラップ/エンハンサートラップ法、Gal4-UAS法等有用な遺伝学的方法論を開発してきました。私たちは、これらの方法を駆使して特定の細胞や器官の可視化や機能操作を可能にする世界最大のトランスジェニックフィッシュリソースを構築し、世界中の研究者と共同研究を展開しています。さらに私たちは、これらの研究リソースを用いて、行動・学習・記憶に重要な神経回路の可視化、神経細胞機能阻害、神経活動のイメージングなどを通じて脳機能を解明する研究を行っています。

We have developed the highly efficient transposon system in vertebrates by using the Tol2 transposable element from Japanese medaka fish. Further, in a model vertebrate zebrafish, we have developed powerful genetic methods, including the transposon-mediated transgenesis, gene trap, enhancer trap, and Gal4-UAS methods. By using these methods, we created a large number of transgenic fish lines that express the yeast Gal4 transcription activator in specific cells, tissues and organs. We are collaborating researchers all over the world based on the transgenic fish resources. Furthermore, we are studying the structure and function of specific neuronal circuits that regulate complex behaviors such as learning and memory by genetic approaches and calcium imaging.

### Selected Publications

Shiraki T, Kawakami K. A tRNA-based multiplex sgRNA expression system in zebrafish and its application to generation of transgenic albino fish. *Sci Rep.* 2018 Sep 6;8(1):13366.

Lal P, Tanabe H, Suster ML, Ailani D, Kotani Y, Muto A, Itoh M, Iwasaki M, Wada H, Yaksi E, Kawakami K. Identification of a neuronal population in the telencephalon essential for fear conditioning in zebrafish. *BMC Biol.* 2018 Apr 25;16(1):45.

Asakawa K, Kawakami K. Protocadherin-Mediated Cell Repulsion Controls the Central Topography and Efferent Projections of the Abducens Nucleus. *Cell Rep.* 2018 Aug 7;24(6):1562-1572.

Muto A, Lal P, Ailani D, Abe G, Itoh M, Kawakami K. Activation of the hypothalamic feeding centre upon visual prey detection. *Nat Commun.* 2017 Apr 20;8:15029.

Laboratory of Molecular and Developmental Biology 発生遺伝学研究室

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

### Kawakami Group 川上研究室



KAWAKAMI, Koichi  
Professor  
川上浩一 教授



MUTO, Akira  
Assistant Professor  
武藤 彩 助教



# Behavioral genetics using wild-derived mouse strains

## 野生由来マウスを用いた行動遺伝学

野生マウスから選択交配でヒトになつくマウス樹立

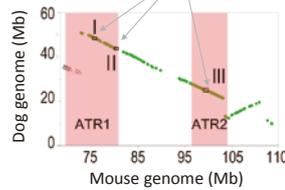


イヌゲノムとの比較解析



高い能動的従順性を示すイヌとマウス

イヌとマウスで従順性に関わる候補領域



野生由来の遺伝的に多様なマウス集団を用いて選択交配を行い、遺伝的にヒトになつたマウス集団を樹立した。遺伝解析の結果、ヒトになつく行動に関わる遺伝子はマウス11番染色体上に存在しており、この相同領域はイヌの家畜化にも重要な役割を果たしていることが分かった。今後、様々な動物の家畜化への応用が期待できる。

We applied selective breeding on wild stock of mice and established genetically tamed mice. As a result of genetic analyses, we found a genomic signature of selection on chromosome 11. The region is syntenic to the genomic region which are selected during dog domestication. These results will be useful for domestication of other animals.

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

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

### Selected Publications

Matsumoto Y, Goto T, Nishino J, Nakaoka H, Tanave A, Takano-Shimizu T, Mott RF, Koide T. Selective breeding and selection mapping using a novel wild-derived heterogeneous stock of mice revealed two closely-linked loci for tameness. *Sci Rep.* 2017 Jul 4;7(1):4607.

Horii Y, Nagasawa T, Sakakibara H, Takahashi A, Tanave A, Matsumoto Y, Nagayama H, Yoshimi K, Yasuda MT, Shimoi K, Koide T. Hierarchy in the home cage affects behaviour and gene expression in group-housed C57BL/6 male mice. *Sci Rep.* 2017 Aug 1;7(1):6991.

Hirata H, Takahashi A, Shimoda Y, Koide T. Caspr3-Deficient Mice Exhibit Low Motor Learning during the Early Phase of the Accelerated Rotarod Task. *PLoS One.* 2016 Jan 25;11(1):e0147887.

Takahashi A, Lee RX, Iwasato T, Itohara S, Arima H, Bettler B, Miczek KA, Koide T. Glutamate input in the dorsal raphe nucleus as a determinant of escalated aggression in male mice. *J Neurosci.* 2015 Apr 22;35(16):6452-63.

Mouse Genomics Resource Laboratory マウス開発研究室

### Koide Group 小出研究室



KOIDE, Tsuyoshi  
Associate Professor  
小出 剛 准教授



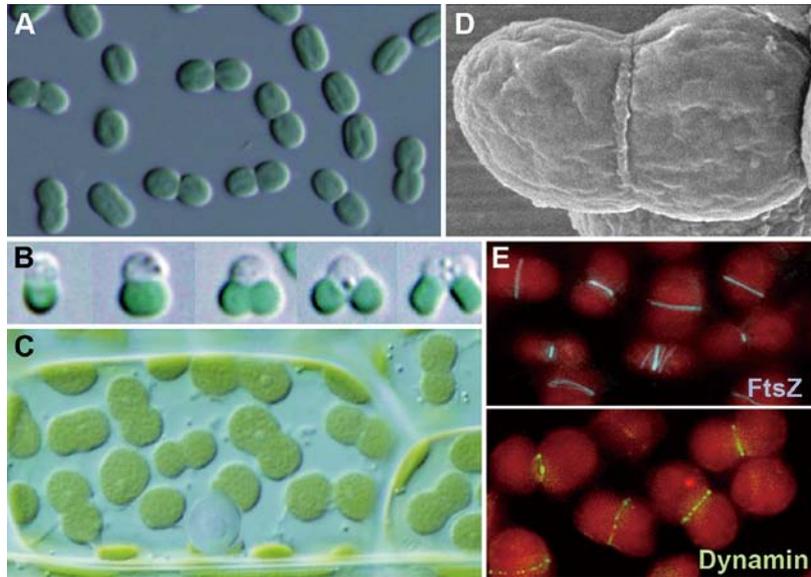
TAKANAMI, Keiko  
Assistant Professor  
高浪景子 助教

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



# Evolutionary integration of two independent organisms by endosymbioses

## 細胞内共生による異種細胞の統合機構の解明



祖先のシアノバクテリア (A) と同様に、葉緑体は分裂によって増殖します (B, 単細胞の藻類; C, 陸上植物の細胞)。我々は、葉緑体分裂がその分裂面に形成される分裂装置 (リング) の収縮によって行われること (D)、分裂装置がシアノバクテリア由来の FtsZ と宿主細胞が加えた Dynamin 等から構成されていることを明らかにしました (E)。

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

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

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

### Selected Publications

Hirooka S, Hirose Y, Kanesaki Y, Higuchi S, Fujiwara T, Onuma R, Era A, Ohbayashi R, Uzuka A, Nozaki H, Yoshikawa H, Miyagishima SY. Acidophilic green algal genome provides insights into adaptation to an acidic environment. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2017 Sep 26;114(39):E8304-E8313.

Sumiya N, Fujiwara T, Era A, Miyagishima SY. Chloroplast division checkpoint in eukaryotic algae. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2016 Nov 22;113(47):E7629-E7638.

Nakabachi A, Ishida K, Hongoh Y, Ohkuma M, Miyagishima SY. Aphid gene of bacterial origin encodes a protein transported to an obligate endosymbiont. *Curr Biol*. 2014 Jul 21;24(14):R640-R641.

Miyagishima SY, Fujiwara T, Sumiya N, Hirooka S, Nakano A, Kabeya Y, Nakamura M. Translation-independent circadian control of the cell cycle in a unicellular photosynthetic eukaryote. *Nat Commun*. 2014 May 8;5:3807.

Symbiosis and Cell Evolution Laboratory 共生細胞進化研究室

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

### Miyagishima Group 宮城島研究室



MIYAGISHIMA, Shin-ya  
Professor  
宮城島進也 教授

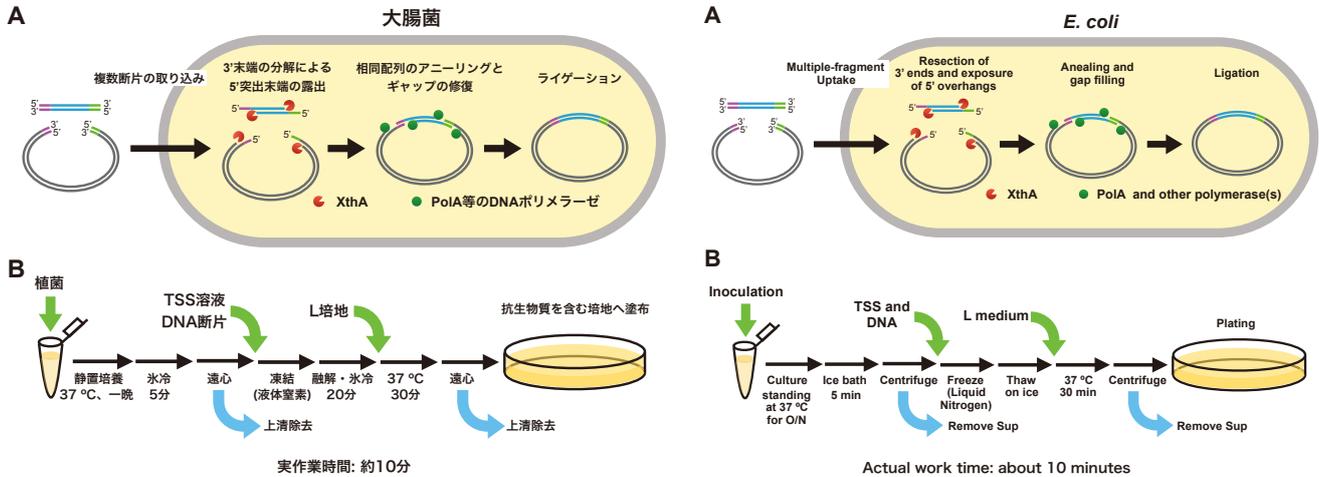


FUJIWARA, Takayuki  
Assistant Professor  
藤原崇之 助教



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

## モデル単細胞を使った細胞分裂の遺伝制御メカニズム



相同配列を持つDNA断片とベクターDNAの間で効率よく組換え反応が起こり、形質転換するだけでクローニングが可能になる大腸菌宿主iVEC株を開発。NBRP大腸菌より公開中。大腸菌へのDNAの導入までの形質転換は“one-tube”可能。

Model of the mechanism of iVEC (*in vivo E. coli* cloning). Work flow of “one-tube” transformation. Preparation of competent cells and introduction of DNA can be done with a single tube. For more information: <https://shigen.nig.ac.jp/ecoli/strain/>

大腸菌や酵母は、細胞増殖の基本メカニズムを解明する上で極めて有効なモデル生物です。原核細胞と真核細胞を研究材料に、染色体DNAの折れたたみを司るコンデンシンの機能、光や温度に対する細胞応答、細胞の形が決まる仕組み等の研究を進めています。遺伝学的もしくは細胞生物学的手法を用いて、細胞内で起こる現象を観察しています。特に、酵母と菌糸という2つの生活環を持つジャポニカス分裂酵母は環境刺激に対する細胞応答のモデル細胞として適しています。またDNA組換え技術の宿主として、より優れた大腸菌の開発も担っています。

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

Bacteria and yeast are important model organisms to elucidate the fundamental mechanisms of cell proliferation. Our laboratory studies the mechanisms behind the cell division cycle and adaptations to external stresses under environments. We focused on compaction of chromosomal DNA as a nucleoid inside a tiny bacterial cell during cell division. Bacterial condensin is an essential factor for packaging of a nucleoid to properly segregate into daughter cells. Also, we study on hyphal development and growth by using a new model organism, *Schizosaccharomyces japonicus*. We established new investigative methodologies to investigated *S. japonicus*.

### Selected Publications

Nozaki S, Furuya K, Niki H. The Ras1-Cdc42 pathway is involved in hyphal development of *Schizosaccharomyces japonicus*. *FEMS Yeast Res.* 2018 Jun 1;18(4).

Yano K, Niki H. Multiple cis-Acting rDNAs Contribute to Nucleoid Separation and Recruit the Bacterial Condensin Smc-ScpAB. *Cell Rep.* 2017 Oct 31;21(5):1347-1360.

Aoki K, Niki H. Release of condensin from mitotic chromosomes requires the Ran-GTP gradient in the reorganized nucleus. *Biol Open.* 2017 Nov 15;6(11):1614-1628.

Ikebe R, Kuwabara Y, Chikada T, Niki H, Shiomi D. The periplasmic disordered domain of RodZ promotes its self-interaction in *Escherichia coli*. *Genes Cells.* 2018 Apr;23(4):307-317.

Microbial Physiology Laboratory 微生物機能研究室

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

### Niki Group 仁木研究室



NIKI, Hironori  
Professor  
仁木宏典 教授

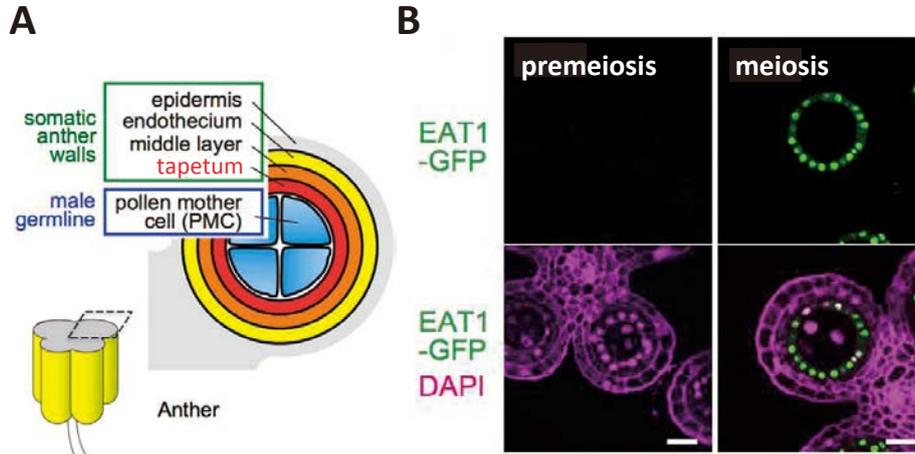


AOKI, Keita  
Assistant Professor  
青木敬太 助教



# Molecular cytogenetics of plant germ-cell development

## 植物の生殖細胞発生過程の分子細胞遺伝学



減数分裂期の葯タペト組織で特異的に発現するイネ EAT1 転写因子。(A) 葯室の横断切片の模式図。epidermis；表皮、endothecium；内皮、middle layer；中間層、tapetum；タペト層、pollen mother cell (花粉母細胞)。(B) イネ bHLH 転写因子 EAT1 (緑色) は、減数分裂期のタペト細胞核に局在し、減数分裂特異的な 24塩基長 small RNA (phasRNA) 生合成を活性化する (Ono et al. 2018)。

Rice EAT1, a transcription factor expressed specifically in the anther tapetum during meiosis. (A) An illustration depicting the transverse section of an anther locule. (B) The rice bHLH transcription factor, EAT1 (green), is accumulated in tapetal nuclei during meiosis, and activates the biogenesis of meiosis-specific 24-nucleotides small RNAs (phasRNAs).

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

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

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

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

### Selected Publications

Ono S, Liu H, Tsuda K, Fukai E, Tanaka K, Sasaki T, Nonomura KI. EAT1 transcription factor, a non-cell-autonomous regulator of pollen production, activates meiotic small RNA biogenesis in rice anther tapetum. *PLoS Genet.* 2018 Feb 12;14(2):e1007238.

Tsuda K, Abraham-Juarez MJ, Maeno A, Dong Z, Aromdee D, Meeley R, Shiroishi T, Nonomura KI, Hake S. KNOTTED1 Cofactors, BLH12 and BLH14, Regulate Internode Patterning and Vein Anastomosis in Maize. *Plant Cell.* 2017 May;29(5):1105-1118.

Liu H, Nonomura KI. A wide reprogramming of histone H3 modifications during male meiosis I in rice is dependent on the Argonaute protein MEL1. *J Cell Sci.* 2016 Oct 1;129(19):3553-3561.

Miyazaki S, Sato Y, Asano T, Nagamura Y, Nonomura KI. Rice MEL2, the RNA recognition motif (RRM) protein, binds in vitro to meiosis-expressed genes containing U-rich RNA consensus sequences in the 3'-UTR. *Plant Mol Biol.* 2015 Oct;89(3):293-307.

Plant Cytogenetics Laboratory 植物細胞遺伝研究室

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

### Nonomura Group 野々村研究室



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

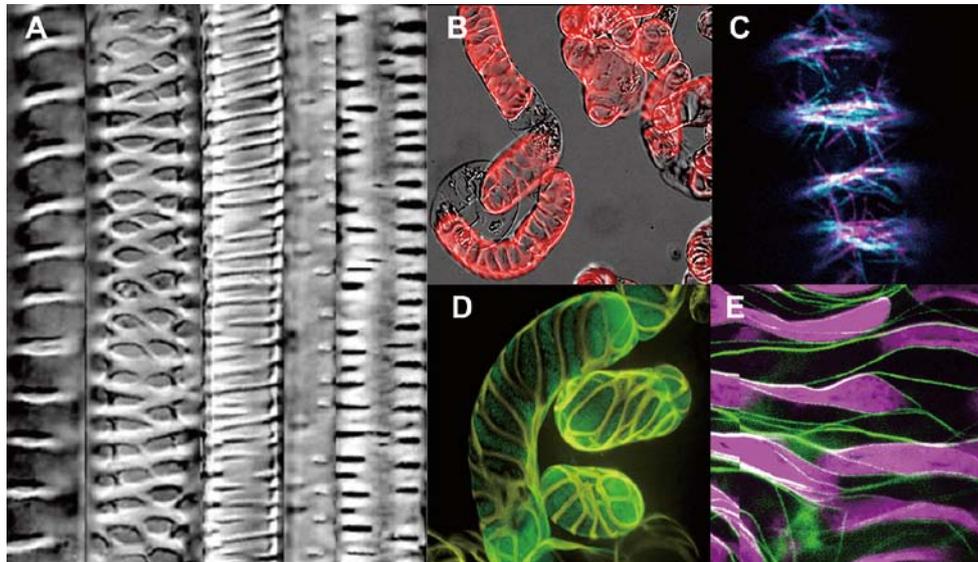


TSUDA, Katsutoshi  
Assistant Professor  
津田勝利 助教



# Molecular basis of plant cell morphogenesis

## 植物細胞の形態形成:空間を制御する分子システムの理解



A) 木部道管の様々な二次細胞壁/パターン。B) 木部道管分化誘導系。二次細胞壁 (赤) の沈着が認められる。C) 二次細胞壁の沈着を誘導する微細管。D) Rho GTPase が活性化 (緑) し、二次細胞壁 (黄) の沈着を阻害している。E) 細胞壁/パターンの再構築。Rho GTPase (紫) が細胞膜ドメインを形成し、微細管 (緑) と相互作用している。

(A) Xylem vessels develop various secondary cell wall patterns. (B) Xylogenic Arabidopsis cultured cells. Red signals indicate secondary cell walls. (C) Cortical microtubules in the differentiating xylem cell. (D) Secondary cell walls (yellow) and plasma membrane domains (green). (E) Reconstruction assay for secondary cell wall patterns. Magenta: plasma membrane domains. Green: microtubules.

多細胞生物の発生は個々の細胞が適切な形態と機能を獲得することによって成し遂げられます。植物細胞は堅い細胞壁に覆われており、この細胞壁の沈着パターンを変化させることにより様々な細胞を作り出しています。私たちの研究室では、螺旋、網目、孔紋などのパターンに従って二次細胞壁を形成する木部道管に着目し、植物細胞が空間的なパターンを創り出す仕組みを研究しています。独自に開発した木部道管分化誘導系と細胞壁/パターンの再構築実験系を用い、主に細胞骨格とRho GTPaseの動きを調べています。

A specifically patterned cell wall is a determinant of plant cell shape. However, the precise mechanism underlying the cell wall patterning is still elusive. The main purpose of our study is to reveal how plant cells establish proper cell wall patterns. We focus on xylem vessel cells that deposit secondary cell walls in various patterns such as spiral, reticulate, and pitted patterns. By using our xylogenic cell culture system and pattern reconstruction assay, we have revealed that cortical cytoskeletons and Rho GTPases play a central role in the secondary cell wall patterning.

### Selected Publications

Nagashima Y, Tsugawa S, Mochizuki A, Sasaki T, Fukuda H, Oda Y. A Rho-based reaction-diffusion system governs cell wall patterning in metaxylem vessels. *Sci Rep.* 2018 Aug 1;8(1):11542.

Sasaki T, Fukuda H, Oda Y. CORTICAL MICROTUBULE DISORDERING1 Is Required for Secondary Cell Wall Patterning in Xylem Vessels. *Plant Cell.* 2017 Dec;29(12):3123-3139.

Sugiyama Y, Wakazaki M, Toyooka K, Fukuda H, Oda Y. A Novel Plasma Membrane-Anchored Protein Regulates Xylem Cell-Wall Deposition through Microtubule-Dependent Lateral Inhibition of Rho GTPase Domains. *Curr Biol.* 2017 Aug 21;27(16):2522-2528.

Oda Y, Iida Y, Nagashima Y, Sugiyama Y, Fukuda H. Novel coiled-coil proteins regulate exocyst association with cortical microtubules in xylem cells via the conserved oligomeric golgi-complex 2 protein. *Plant Cell Physiol.* 2015 Feb;56(2):277-86.

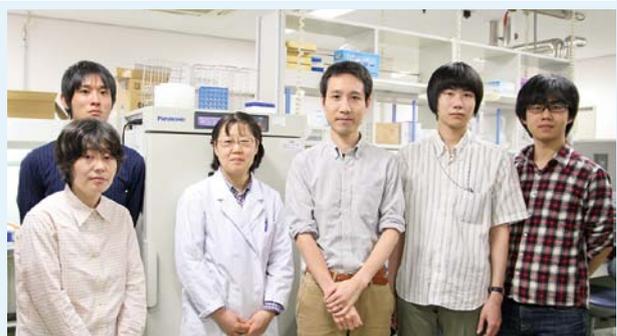
Cell Dynamics and Signaling Laboratory 細胞制御研究室

Oda Group 小田研究室



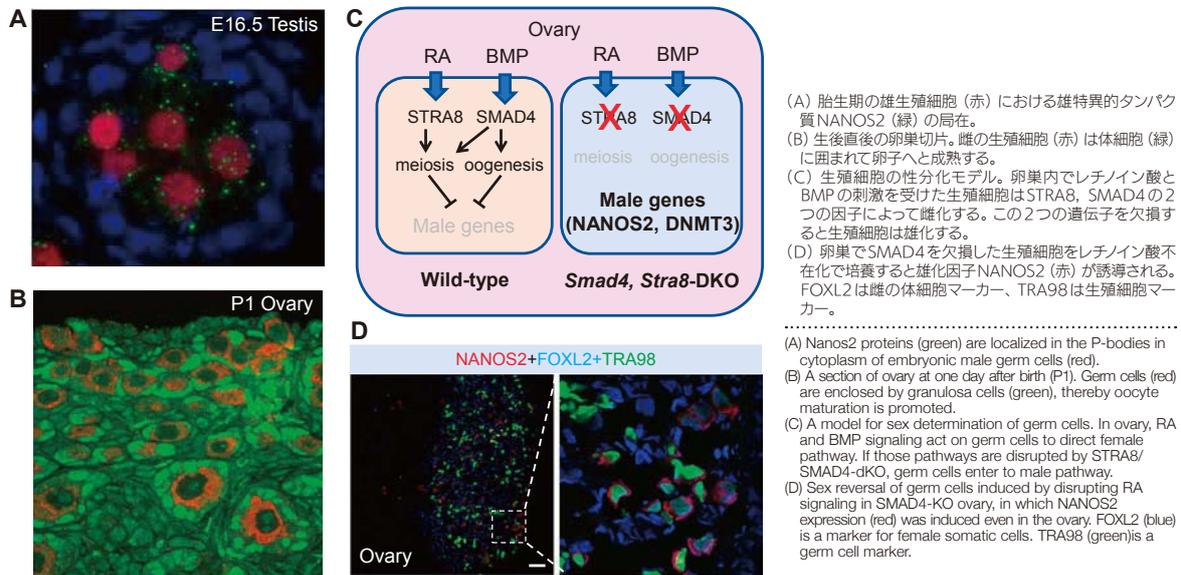
ODA, Yoshihisa  
Professor  
小田祥久 教授

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



# Developmental genetic studies using gene engineering technology in mice

## マウス発生工学を用いた発生分化機構の解析



発生過程ではいろいろな遺伝子が時間的・空間的に正確な制御下で発現し、機能を発揮します。そのような遺伝子の機能及び発現調節機構を解明するためにはマウスを用いた個体レベルの解析は重要です。当研究室では発生工学的手法を用いて、中胚葉形成機構、生殖細胞の性決定機構、また精子形成、卵子形成を支配する RNA 制御機構の解明を目指しています。最近ではクリスパーを用いた遺伝子改変技術を用いて、多くの有用マウスを作製し解析することにより、生体内における本来の遺伝子機能の解明を目指しています。

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

### Selected Publications

Zhou Z, Kawabe H, Suzuki A, Shinmyozu K, Saga Y. NEDD4 controls spermatogonial stem cell homeostasis and stress response by regulating messenger ribonucleoprotein complexes. Nat Commun. 2017 Jun 6;8:15662.

Wu Q, Fukuda K, Kato Y, Zhou Z, Deng CX, Saga Y. Sexual Fate Change of XX Germ Cells Caused by the Deletion of SMAD4 and STRA8 Independent of Somatic Sex Reprogramming. PLoS Biol. 2016 Sep 8;14(9):e1002553.

Kato Y, Katsuki T, Kokubo H, Masuda A, Saga Y. Dazl is a target RNA suppressed by mammalian NANOS2 in sexually differentiating male germ cells. Nat Commun. 2016 Apr 13;7:11272.

Mammalian Development Laboratory 発生工学研究室

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

### Saga Group 相賀研究室



SAGA, Yumiko  
Professor  
相賀裕美子 教授



KATO, Yuzuru  
Assistant Professor  
加藤 譲 助教

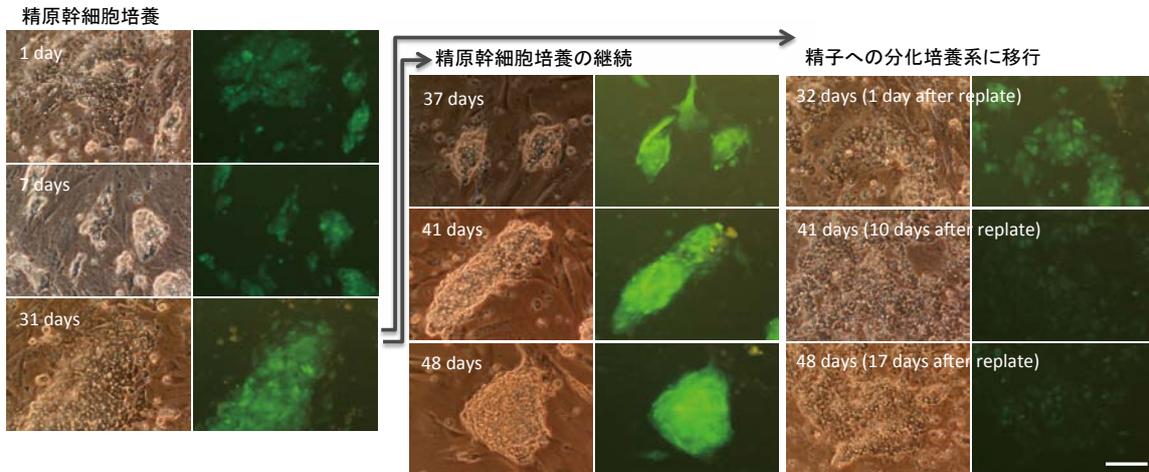


AJIMA, Rieko  
Assistant Professor  
安島理恵子 助教



# Analyses of regulatory mechanisms in zebrafish germ cells

## ゼブラフィッシュを用いた生殖細胞制御機構の解析



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

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

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

Spermatogenesis is characterized by sequential transitions of multiple processes: self-renewal of spermatogonial stem cells, mitotic growth of differentiating spermatogonia, and meiosis leading to the production of sperm. Molecular dissection of these complex processes and transitions could be facilitated by cell culture approaches. We have developed techniques to recapitulate the entire spermatogenesis process, from stem cell propagation to differentiation of functional sperm, solely in culture. In addition, we have already isolated several ENU-induced zebrafish mutants that have a defect in spermatogenesis. We are working on the molecular mechanisms to regulate spermatogenesis of vertebrates both *in vivo* and *in vitro*.

### Selected Publications

Kawasaki T, Maeno A, Shiroishi T, Sakai N. Development and growth of organs in living whole embryo and larval grafts in zebrafish. *Sci Rep.* 2017 Nov 28;7(1):16508.

Higaki S, Shimada M, Kawamoto K, Todo T, Kawasaki T, Tooyama I, Fujioka Y, Sakai N, Takada T. In vitro differentiation of fertile sperm from cryopreserved spermatogonia of the endangered endemic cyprinid honmoroko (*Gnathopogon caeruleus*). *Sci Rep.* 2017 Feb 17;7:42852.

Kawasaki T, Siegfried KR, Sakai N. Differentiation of zebrafish spermatogonial stem cells to functional sperm in culture. *Development.* 2016 Feb 15;143(4):566-74.

Saito K, Sakai C, Kawasaki T, Sakai N. Telomere distribution pattern and synapsis initiation during spermatogenesis in zebrafish. *Dev Dyn.* 2014 Nov;243(11):1448-56.

Model Fish Genetics Laboratory 小型魚類遺伝研究室

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

### Sakai Group 酒井研究室



SAKAI, Noriyoshi  
Associate Professor  
酒井則良 准教授

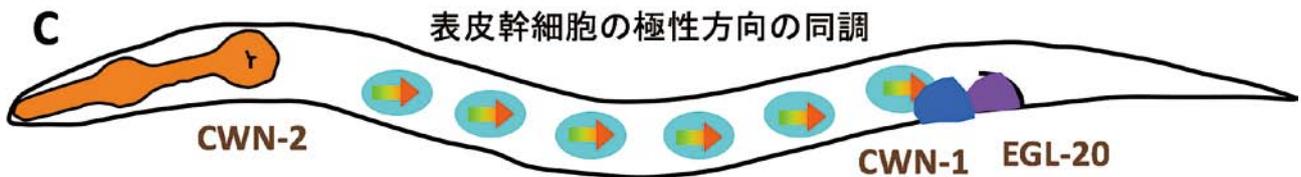
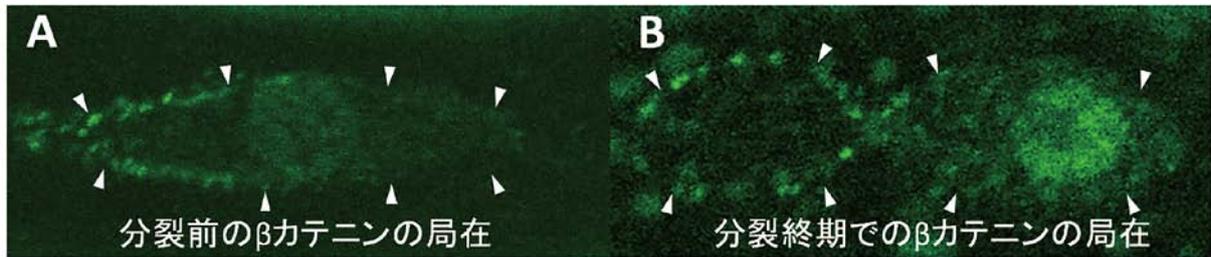


KAWASAKI, Toshihiro  
Assistant Professor  
河崎敏広 助教



# Generation of cellular diversity by asymmetric cell division

## 非対称分裂による細胞多様性創出機構



非対称分裂前 (A)、分裂終期 (B) での  $\beta$  カテニンの非対称な局在。矢頭は細胞の輪郭。(C) 表皮幹細胞 (水色) の極性方向 (矢印) は三種類の Wnt 分子 (CWN-1, CWN-2, EGL-20) によって冗長的に制御されている。

Asymmetric localization of  $\beta$ -catenin before (A) and at telophase (B) of asymmetric division. Arrowheads indicate cell boundary. (C) Polarity orientation (arrows) of epithelial stem cells (light blue) is redundantly controlled by three Wnt proteins (CWN-1, CWN-2, EGL-20).

幹細胞など様々な細胞は極性を持ち、非対称に分裂して多種多様な細胞を作ります。線虫 *C. elegans* のほとんどの細胞は分裂時に  $\beta$  カテニンなどを非対称に局在させ、前後方向に分裂し、異なる娘細胞を作ります。 $\beta$  カテニンの非対称な局在はマウスの幹細胞でも観察されています。この局在は同じ方向性を持っているので、全ての細胞は前後の方向を知っています。どのように細胞が方向を知り、非対称に分裂し、娘細胞間で異なる遺伝子を発現して特異的な運命を獲得するのか研究しています。

Various cells including stem cells undergo asymmetric cell divisions to produce daughter cells with distinct cell fates. Most cells in *C. elegans* have the same anterior-posterior polarity in terms of localizations of Wnt signaling components such as  $\beta$ -catenin, and divide asymmetrically to produce a variety of cell types. Similar asymmetric localization was reported in mouse ES cells. We are studying how each cell knows the correct orientation, how it divides asymmetrically and how the daughter cells acquire specific cell fates.

### Selected Publications

Sugioka K, Fielmich LE, Mizumoto K, Bowerman B, van den Heuvel S, Kimura A, Sawa H. Tumor suppressor APC is an attenuator of spindle-pulling forces during *C. elegans* asymmetric cell division. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2018 Jan 30;115(5):E954-E963.

Yamamoto Y, Takeshita H, Sawa H. Multiple Wnts redundantly control polarity orientation in *Caenorhabditis elegans* epithelial stem cells. *PLoS Genet*. 2011 Oct;7(10):e1002308.

Sugioka K, Mizumoto K, Sawa H. Wnt regulates spindle asymmetry to generate asymmetric nuclear  $\beta$ -catenin in *C. elegans*. *Cell*. 2011 Sep 16;146(6):942-54.

Multicellular Organization Laboratory 多細胞構築研究室

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

### Sawa Group 澤 研究室



SAWA, Hitoshi  
Professor  
澤 斉 教授

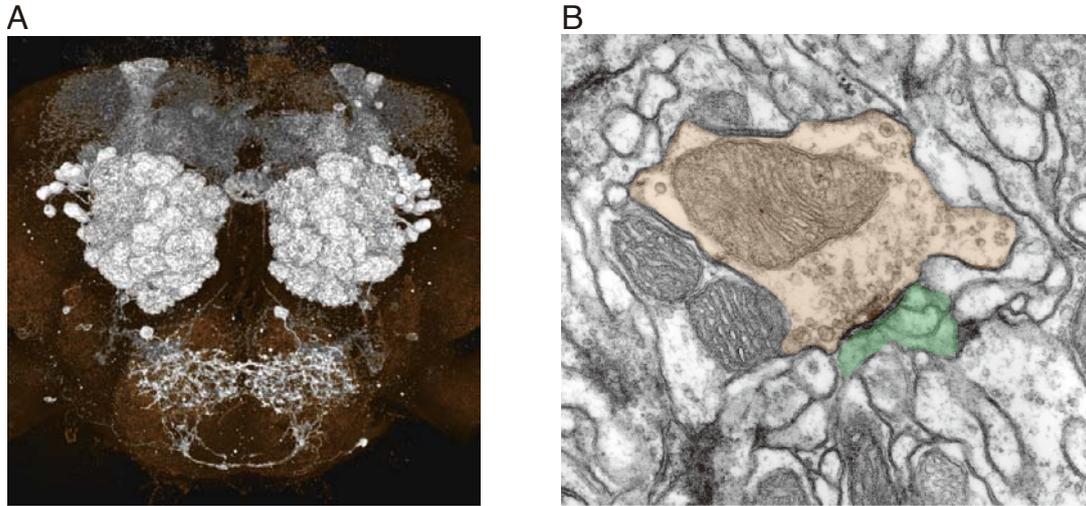


NEGISHI, Takefumi  
Assistant Professor  
根岸剛文 助教



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

## ショウジョウバエ分子遺伝学を用いた細胞機能–構造連関の研究



(A) 特定のニューロンを遺伝学的に標識したショウジョウバエ脳。(B) ショウジョウバエ脳のシナプス。橙色、シナプス前ニューロン。緑色、シナプス後ニューロン。  
 (A) Genetically labeled neurons in a *Drosophila* brain. (B) Synapse in a *Drosophila* brain. Orange, pre-synaptic neuron. Green, post-synaptic neurons.

当研究室では組織内における細胞の機能発現と細胞構造との関係をモデル生物であるショウジョウバエを用いて研究しています。細胞内微細構造上でどのような分子ネットワークが互いにどのように協調して働いているのか、といった側面に注目し、分子遺伝学の手法と様々なイメージングの手法を駆使して解析を行っています。現在、「神経回路の形成・維持と機能発現機構」のテーマを中心に研究を進めています。

Our laboratory is interested in relation of cellular fine structures and their functions in tissue organization. We are studying the molecular networks on cellular fine structures involved in various cell activities by molecular genetics and various imaging techniques, using a model animal, *Drosophila melanogaster*. Currently we are focusing on the development, maintenance and functions of neural networks.

### Selected Publications

Sekiya M, Maruko-Otake A, Hearn S, Sakakibara Y, Fujisaki N, Suzuki E, Ando K, Iijima KM. EDEM Function in ERAD Protects against Chronic ER Proteinopathy and Age-Related Physiological Decline in *Drosophila*. *Dev Cell*. 2017 Jun 19;41(6):652-664.e5.

Tamori Y, Suzuki E, Deng WM. Epithelial Tumors Originate in Tumor Hotspots, a Tissue-Intrinsic Microenvironment. *PLoS Biol*. 2016 Sep 1;14(9):e1002537.

Nakayama M, Suzuki E, Tsunoda S, Hama C. The Matrix Proteins Hasp and Hig Exhibit Segregated Distribution within Synaptic Clefts and Play Distinct Roles in Synaptogenesis. *J Neurosci*. 2016 Jan 13;36(2):590-606.

Sugie A, Hakeda-Suzuki S, Suzuki E, Sillies M, Shimozono M, Möhl C, Suzuki T, Tavosanis G. Molecular Remodeling of the Presynaptic Active Zone of *Drosophila* Photoreceptors via Activity-Dependent Feedback. *Neuron*. 2015 May 6;86(3):711-25.

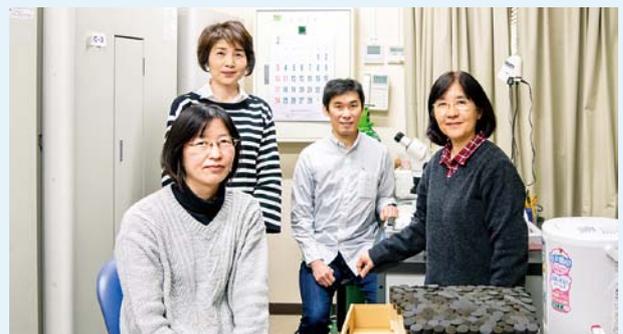
Gene Network Laboratory 遺伝子回路研究室

Suzuki Group 鈴木研究室



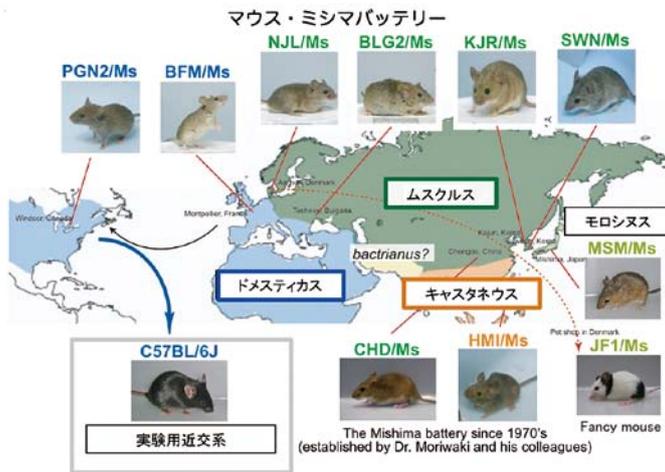
SUZUKI, Emiko  
Associate Professor  
鈴木えみ子 准教授

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



# Integrative genetics of mouse complex traits

## マウス高次形質の統合的遺伝解析



世界各地に生息するマウス亜種を起源とするミシマバッテリー (左)、および、それらの遺伝子多型情報を搭載するNIG\_MoG2のトップページ (右)

The "Mishima-battery" was established by NIG (left). It consists of ten inbred strains originated from wild mice widely distributed worldwide. A screenshot of the top page of NIG\_MoG2 (<http://molossinus.nig.ac.jp/mog2/>) (right).

当研究室では、マウス近交系統や突然変異体の表現型に着目した“順遺伝学”と、遺伝子改変マウスを用いた“逆遺伝学”の両方法論を駆使して、エネルギー代謝などの高次生命現象を制御する遺伝メカニズムの統合的理解をめざしています。研究の推進にあたっては、国立遺伝学研究所で樹立された10種類の野生マウス由来系統(ミシマバッテリー)や、それらから創出した亜種間コンソミック系統を利活用しています。なお、ミシマバッテリーの遺伝子多型情報は、国立遺伝学研究所ゲノム多型情報データベース(NIG\_MoG2)を通じて公開されています。

In order to understand genetic basis underlying complex traits, such as energy metabolism, we are conducting genetic analyses based upon both of “Forward Genetics” using existing mouse mutants and “Reverse Genetics” using genetically engineered mice. Two types of bioresources are used for our research projects; ten wild mouse-derived inbred strains (“Mishima-battery”), which were established by National Institute of Genetics (NIG), and a series of inter-sub-specific consomic strains, in which every chromosome of a classical inbred strain C57BL/6J is replaced by the counterpart of an MSM/Ms strain. Genetic polymorphism of the “Mishima battery” is open to public through NIG\_MoG2 database.

### Selected Publications

Kawano S, Fujisawa H, Takada T, Shiroishi T. Sparse principal component regression for generalized linear models. *Computational Statistics & Data Analysis*. 2018 124: 180-196.

Simecek P, Forejt J, Williams RW, Shiroishi T, Takada T, Lu L, Johnson TE, Bennett B, Deschepper CF, Scott-Boyer MP, Pardo-Manuel de Villena F, Churchill GA. High-Resolution Maps of Mouse Reference Populations. G3 (Bethesda). 2017 Oct 5;7(10):3427-3434.

Takada T, Yoshiki A, Obata Y, Yamazaki Y, Shiroishi T. NIG\_MoG: a mouse genome navigator for exploring intersubspecific genetic polymorphisms. *Mamm Genome*. 2015 Aug;26(7-8):331-7.

Takada T, Ebata T, Noguchi H, Keane TM, Adams DJ, Narita T, Shin-I T, Fujisawa H, Toyoda A, Abe K, Obata Y, Sakaki Y, Moriwaki K, Fujiyama A, Kohara Y, Shiroishi T. The ancestor of extant Japanese fancy mice contributed to the mosaic genomes of classical inbred strains. *Genome Res*. 2013 Aug;23(8):1329-38.

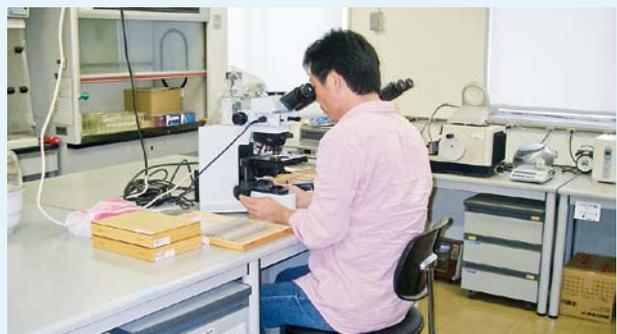
Mammalian Genetics Laboratory 哺乳動物遺伝研究室

Takada Group 高田研究室



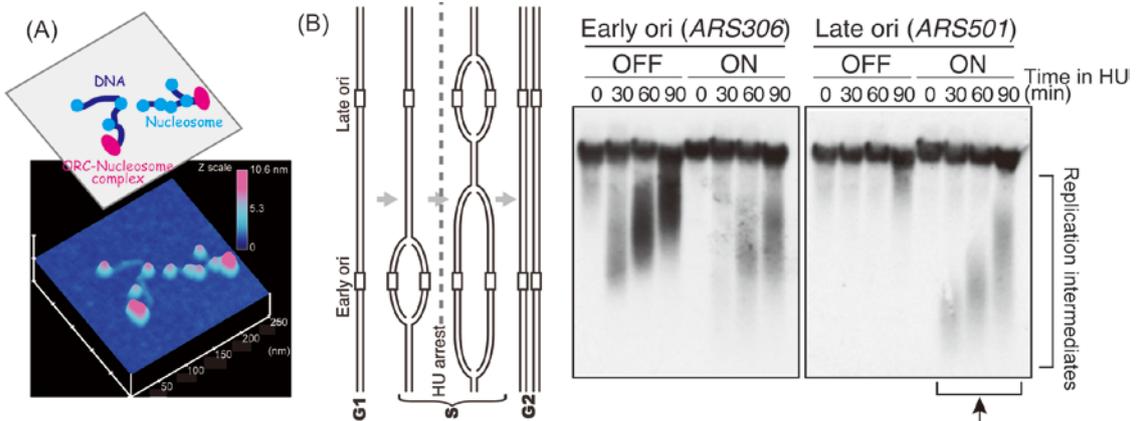
TAKADA, Toyoyuki  
Assistant Professor  
高田豊行 助教

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



# Molecular mechanism of eukaryotic DNA replication in the cell cycle

## 真核生物染色体のDNA複製機構とその細胞周期による調節



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

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

真核生物の染色体DNAは、細胞周期のS期に一度だけ正確に複製され、娘細胞に分配されます。この機構により、遺伝情報は親から子に過不足無く正確に伝わります。真核生物のDNA複製は、染色体上に散在する複数の場所から開始し、その開始が細胞周期により厳密に制御されています。しかし、染色体DNA複製の開始がどのように行われ、どうしてS期だけに複製されるのか、その詳細はよく分かっていません。本研究室ではこの問題に答えるため、出芽酵母を真核生物のモデル系として、染色体DNA複製機構とその制御の研究を行っています。

Eukaryotic chromosome DNA is replicated exactly only once per cell cycle and segregated to daughter cells. This process ensures cells to transmit accurate genomic information to their progeny. Eukaryotic DNA replication initiates from multiple sites, called replication origins, scattered throughout chromosomes and this initiation process is strictly regulated by the cell cycle. However, molecular mechanism of DNA replication and its regulation in eukaryotic cell cycle have not been well elucidated. To approach this subject, we have isolated novel replication factors of budding yeast and analyzed their functions.

### Selected Publications

Hizume K, Endo S, Muramatsu S, Kobayashi T, Araki H. DNA polymerase  $\epsilon$ -dependent modulation of the pausing property of the CMG helicase at the barrier. *Genes Dev.* 2018 Oct 1;32(19-20):1315-1320.

Miyazawa-Onami M, Araki H, Tanaka S. Pre-initiation complex assembly functions as a molecular switch that splits the Mcm2-7 double hexamer. *EMBO Rep.* 2017 Oct;18(10):1752-1761.

Hizume K, Kominami H, Kobayashi K, Yamada H, Araki H. Flexible DNA Path in the MCM Double Hexamer Loaded on DNA. *Biochemistry.* 2017 May 16;56(19):2435-2445.

Itou H, Shirakihara Y, Araki H. The quaternary structure of the eukaryotic DNA replication proteins Sld7 and Sld3. *Acta Crystallogr D Biol Crystallogr.* 2015 Aug;71(Pt 8):1649-56.

Microbial Genetics Laboratory 微生物遺伝研究室

Araki Group 荒木研究室



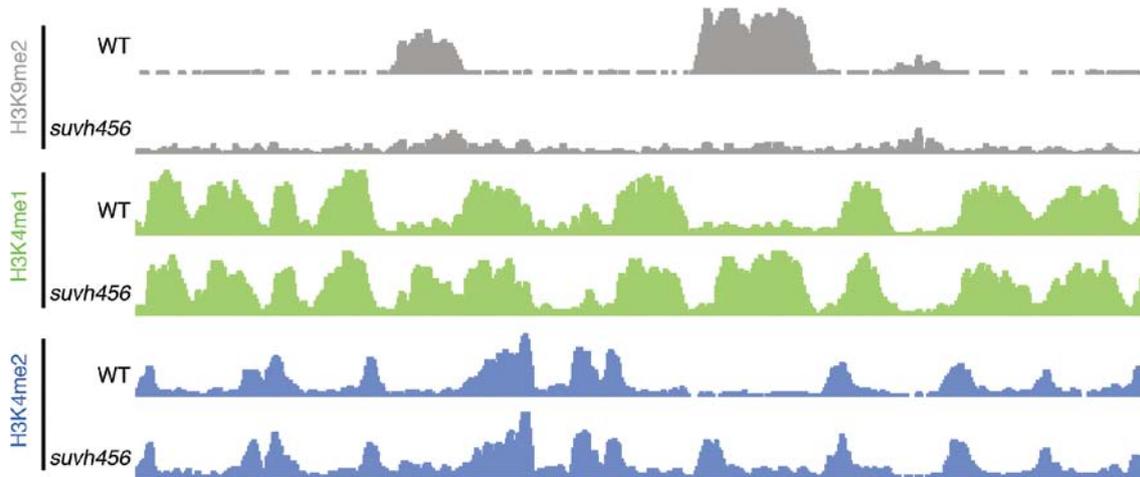
ARAKI, Hiroyuki  
Professor  
荒木弘之 教授

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



# Genetics of epigenetics

## エピジェネティクスの遺伝学



H3K9メチル化がH3K4me1を排除する (Inagaki et al 2017より)。野生型個体 (WT) では、トランスポゾンにはH3K9me2があり (灰色)、遺伝子にH3K4me1があります (黄緑色)。H3K9メチル化酵素の変異体 (*suvh456*) では、トランスポゾンで、H3K9me2が無くなるのにもない、H3K4me1が蓄積します。

H3K9 directs loss of H3K4me1 (from Inagaki et al 2017). Wild type plants have H3K9me2 in transposons (gray) and H3K4me1 in gene bodies (light green). In the mutant of H3K9 methylase genes (*suvh456*), transposons lose H3K9me2 and accumulate H3K4me1.

細胞分裂後に継承される遺伝情報の実体は塩基配列です。一方、塩基配列以外の形で、遺伝子のON/OFF情報が娘細胞に伝わる現象が多くの生物で観察されます。このような「エピジェネティック」な現象の実体は、DNAのメチル化などのクロマチンの修飾であることがわかってきています。私達は、シロイヌナズナのゲノムDNAのメチル化を制御する因子の変異体を用いたアプローチで、ゲノム進化や個体発生におけるエピジェネティックな制御の役割とその機構について研究しています。

To understand control and function of DNA methylation, we are taking genetic approaches using mutants of Arabidopsis. An Arabidopsis protein DDM1 (decrease in DNA methylation) is necessary for methylating transposons and repeats. On the other hand, IBM1 (increase in *BONSAI* methylation) is necessary for not methylating genes. In mutants of genes encoding these proteins, several types of developmental abnormalities were induced. Characterization of these abnormalities is revealing impact of DNA methylation on genome evolution and appropriate gene expression.

### Selected Publications

Hosaka A, Saito R, Takashima K, Sasaki T, Fu Y, Kawabe A, Ito T, Toyoda A, Fujiyama A, Tarutani Y, Kakutani T. Evolution of sequence-specific anti-silencing systems in Arabidopsis. *Nat Commun.* 2017 Dec 18;8(1):2161.

Inagaki S, Takahashi M, Hosaka A, Ito T, Toyoda A, Fujiyama A, Tarutani Y, Kakutani T. Gene-body chromatin modification dynamics mediate epigenome differentiation in Arabidopsis. *EMBO J.* 2017 Apr 13;36(8):970-980.

Fu Y, Kawabe A, Etcheverry M, Ito T, Toyoda A, Fujiyama A, Colot V, Tarutani Y, Kakutani T. Mobilization of a plant transposon by expression of the transposon-encoded anti-silencing factor. *EMBO J.* 2013 Aug 28;32(17):2407-17.

Hosaka A, Kakutani T. Transposable elements, genome evolution and transgenerational epigenetic variation. *Curr Opin Genet Dev.* 2018 Apr;49:43-48.

Epigenomics Laboratory エピゲノム研究室

Kakutani Group 角谷研究室



KAKUTANI, Tetsuji  
Professor  
角谷徹仁 教授



TARUTANI, Yoshiaki  
Assistant Professor  
樽谷芳明 助教



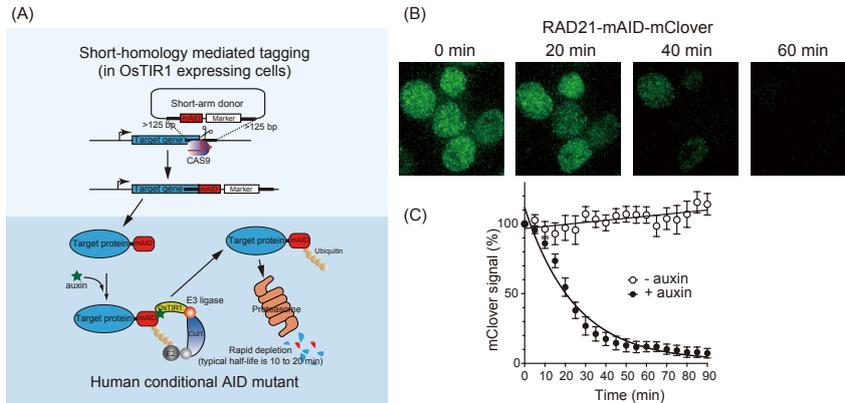
INAGAKI, Soichi  
Assistant Professor  
稲垣宗一 助教

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



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

## ヒト細胞における新たな遺伝学を用いたDNAトランスアクションの解析



**オーキシンドグロン (AID) 技術**

(A) CRISPR-Cas9により標的とする遺伝子を切断し、ドナープラスミドを利用してAIDタグの挿入を行う。発現した融合タンパク質は、オーキシン存在下では植物由来TIR1を含むE3ユビキチンリガーゼにより認識されて分解に導かれる。(B) コヒーシンを構成するRAD21に改変AIDタグと蛍光タンパク質を付加した。この細胞では、オーキシン添加により迅速にRAD21タンパク質が分解される。(C) RAD21のシグナルを定量化した。

**The auxin-inducible degron (AID) technology**

(A) The AID tag was inserted to a target gene by CRISPR-Cas9 mediated knock-in using a donor plasmid. In the presence of auxin, the fusion protein will be recognized by an ubiquitin ligase with A containing plant-derived TIR1 for rapid degradation.(B) RAD21, a component of cohesion, was fused with AID and fluorescent tags. RAD21 is depleted rapidly upon auxin addition. (C) Quantification of the level of RAD21.

当研究室は、植物ホルモンオーキシンにより活性化される、植物内のタンパク質分解メカニズムをヒト細胞に移植することで、特定のタンパク質をオーキシン依存的に分解除去するAID技術を開発しました。さらに、CRISPR-Cas9ゲノム編集技術と組み合わせ、ヒトコンディショナル変異細胞を作る方法を確認しました。作成した変異細胞では、半減期30分以下で標的タンパク質を分解除去することができます。AID技術を応用してヒトゲノムDNAがいかに安定維持されているのか、特にDNA複製と他のDNAトランスアクションの関連性を明らかにしようとしています。

We established the auxin-inducible degron (AID) technology, by which the expression of a protein of interest can be rapidly controlled by the addition of a plant hormone, auxin. By combining the CRISPR-Cas9-based genome-editing technology with the AID system, we can now make human conditional mutants, in which a protein of interest can be depleted in a half-life of less than 30 min. By applying the AID technology, we wish to understand how genomic DNA is maintained in human cells. In particular, we are focusing on the relationship between DNA replication and other DNA transactions.

**Selected Publications**

Gibcus JH, Samejima K, Goloborodko A, Samejima I, Naumova N, Nuebler J, Kanemaki MT, Xie L, Paulson JR, Earnshaw WC, Mirny LA, Dekker J. A pathway for mitotic chromosome formation. *Science*. 2018 Feb 9;359(6376).

Natsume T, Nishimura K, Minocherhomji S, Bhowmick R, Hickson ID, Kanemaki MT. Acute inactivation of the replicative helicase in human cells triggers MCM8-9-dependent DNA synthesis. *Genes Dev*. 2017 Apr 15;31(8):816-829.

Natsume T, Kanemaki MT. Conditional Degrons for Controlling Protein Expression at the Protein Level. *Annu Rev Genet*. 2017 Nov 27;51:83-102.

Natsume T, Kiyomitsu T, Saga Y, Kanemaki MT. Rapid Protein Depletion in Human Cells by Auxin-Inducible Degron Tagging with Short Homology Donors. *Cell Rep*. 2016 Apr 5;15(1):210-218.

Molecular Cell Engineering Laboratory 分子細胞工学研究室

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

**Kanemaki Group 鐘巻研究室**



KANEMAKI, Masato  
Professor  
鐘巻将人 教授

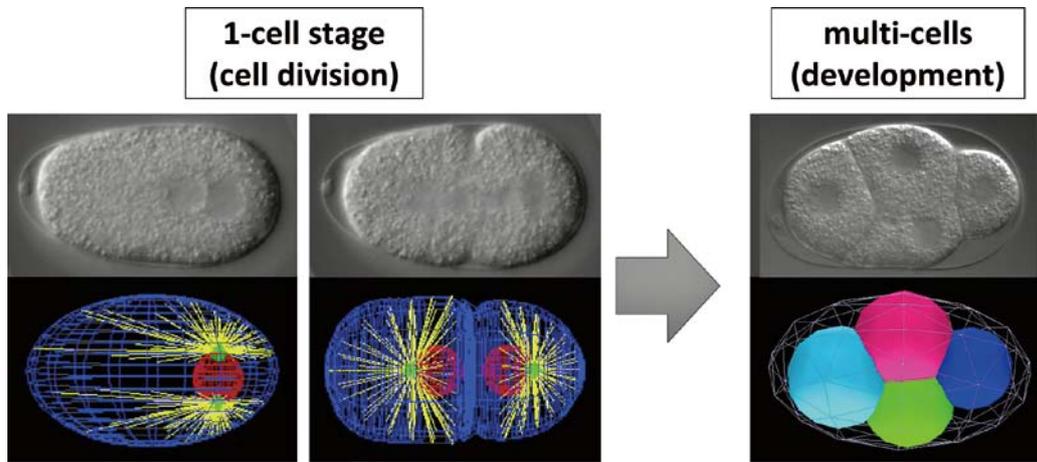


NATSUME, Toyoaki  
Assistant Professor  
夏目豊彰 助教



# Understanding cell architecture through quantitative microscopy and structural calculations

細胞建築学：細胞の定量観察と構造計算をとおして「建築家のいない建築」を理解する



線虫の細胞分裂（左）、および胚発生における細胞配置（右）。上段は実際の胚の顕微鏡像で、下段は定量的シミュレーション。（右下の細胞配置の計算結果は慶應義塾大学・舟橋啓博士開発のソフトウェアを用いて表示したもの。）

Cell division at the 1-cell stage (left) and cell arrangement pattern during development (right) in the *C. elegans* embryo. The upper panels show actual *C. elegans* embryos and the lower panels show our quantitative simulations. (The lower right visualization was obtained using software developed by Dr. A. Funahashi [Keio Univ].)

細胞は自然が造りあげたみごとな建築物です。細胞はその内部で、“適切なサイズ”で形成された細胞内小器官が“適材適所”に配置していますが、この『建築家のいない建築』がどのように構築されているかは、多くの謎につつまれています。細胞建築研究室では、細胞の顕微鏡観察と定量化、力学計算などの手法を駆使し、細胞核などの細胞内小器官が適切なサイズに制御され、適切な場所に配置するしくみを解析しています。これらの研究により「多数の遺伝子産物が集まって、細胞という調和のとれた生命の単位ができる」秘密を理解することをめざしています。

Cells are a beautiful example of architecture made by the nature. How such architecture is constructed ‘without an architect’ remains a mystery. This laboratory is studying the mechanisms underlying the movement and positioning of intracellular organelles (such as the cell nucleus) at appropriate positions with appropriate sizes, using approaches involving quantitative microscopy and structural calculations of cells. Through our studies, we aim to understand the secrets of constructing the cell –which is the unit of life– from a population of gene products.

## Selected Publications

Kimura K, Mamane A, Sasaki T, Sato K, Takagi J, Niwayama R, Hufnagel L, Shimamoto Y, Joanny JF, Uchida S, Kimura A. Endoplasmic-reticulum-mediated microtubule alignment governs cytoplasmic streaming. *Nat Cell Biol.* 2017 Apr;19(4):399-406.

Yamamoto K, Kimura A. An asymmetric attraction model for the diversity and robustness of cell arrangement in nematodes. *Development.* 2017 Dec 1;144(23):4437-4449.

Arai R, Sugawara T, Sato Y, Minakuchi Y, Toyoda A, Nabeshima K, Kimura H, Kimura A. Reduction in chromosome mobility accompanies nuclear organization during early embryogenesis in *Caenorhabditis elegans*. *Sci Rep.* 2017 Jun 16;7(1):3631.

Torisawa T, Taniguchi D, Ishihara S, Oiwa K. Spontaneous Formation of a Globally Connected Contractile Network in a Microtubule-Motor System. *Biophys J.* 2016 Jul 26;111(2):373-385.

Cell Architecture Laboratory 細胞建築研究室

Kimura Group 木村研究室



KIMURA, Akatsuki  
Professor  
木村 暁 教授



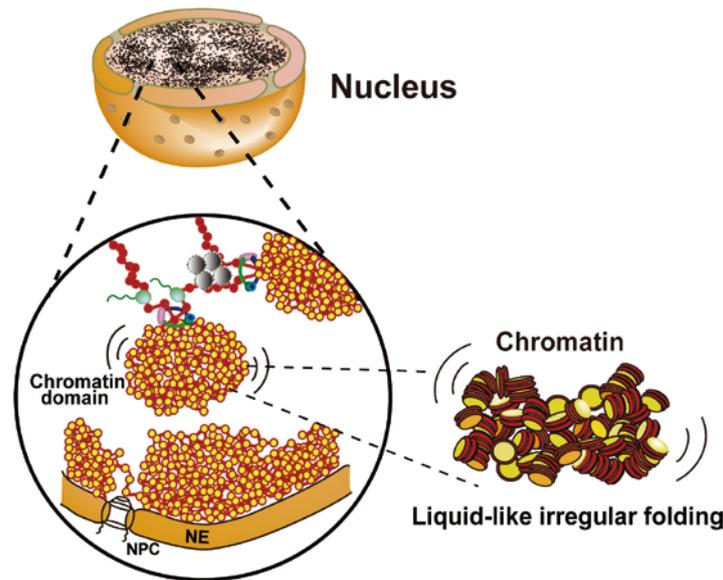
TORISAWA, Takayuki  
Assistant Professor  
鳥澤 嵩征 助教

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



# 3D-organization and dynamics of human genome chromatin

## ゲノムクロマチンの折り畳み構造とダイナミクス



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

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

本研究室では、「ゲノムDNAが細胞のなかに、三次元的にどのように折り畳まれ、そしてどのようにゲノムが読み出されるのか？」を研究しています。最近、細胞内のクロマチンがとても不規則な形で柔軟に折り畳まれていることを発見しました。今後、この知見を、遺伝子発現、発生分化、エピジェネティクスなど、幅広い研究につなげていきます。1分子イメージング、超解像顕微鏡イメージング、X線散乱解析、シミュレーション、さらには新しいクロマチン精製法などを組み合わせて、ユニークな研究を目指しています。

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

### Selected Publications

Maeshima K, Hibino K, Hudson DF. Condensins under the microscope. *J Cell Biol.* 2018 Jul 2;217(7):2229-2231.

Maeshima K, Matsuda T, Shindo Y, Imamura H, Tamura S, Imai R, Kawakami S, Nagashima R, Soga T, Noji H, Oka K, Nagai T. A Transient Rise in Free Mg<sup>2+</sup> Ions Released from ATP-Mg Hydrolysis Contributes to Mitotic Chromosome Condensation. *Curr Biol.* 2018 Feb 5;28(3):444-451.e6.

Imai R, Nozaki T, Tani T, Kaizu K, Hibino K, Ide S, Tamura S, Takahashi K, Shribak M, Maeshima K. Density imaging of heterochromatin in live cells using orientation-independent-DIC microscopy. *Mol Biol Cell.* 2017 Nov 7;28(23):3349-3359.

Nozaki T, Imai R, Tanbo M, Nagashima R, Tamura S, Tani T, Joti Y, Tomita M, Hibino K, Kanemaki MT, Wendt KS, Okada Y, Nagai T, Maeshima K. Dynamic Organization of Chromatin Domains Revealed by Super-Resolution Live-Cell Imaging. *Mol Cell.* 2017 Jul 20;67(2):282-293.e7.

Genome Dynamics Laboratory ゲノムダイナミクス研究室

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

### Maeshima Group 前島研究室



MAESHIMA, Kazuhiro  
Professor  
前島一博 教授



IDE, Satoru  
Assistant Professor  
井手 聖 助教

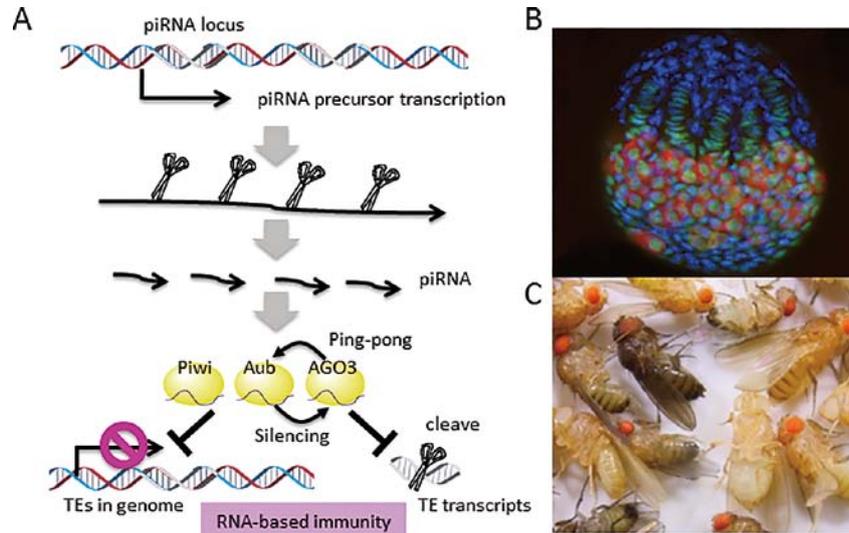


HIBINO, Kayo  
Assistant Professor  
日比野佳代 助教



# The mechanisms of transposon regulation in *Drosophila*

## ショウジョウバエにおけるトランスポゾン制御のメカニズム



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

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

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

### Selected Publications

Kondo S, Vedanayagam J, Mohammed J, Eizadshenass S, Kan L, Pang N, Aradhya R, Siepel A, Steinhauer J, Lai EC. New genes often acquire male-specific functions but rarely become essential in *Drosophila*. *Genes Dev.* 2017 Sep 15;31(18):1841-1846.

Iwasaki YW, Murano K, Ishizu H, Shibuya A, Iyoda Y, Siomi MC, Siomi H, Saito K. Piwi Modulates Chromatin Accessibility by Regulating Multiple Factors Including Histone H1 to Repress Transposons. *Mol Cell.* 2016 Aug 4;63(3):408-19.

Ohtani H, Iwasaki YW, Shibuya A, Siomi H, Siomi MC, Saito K. DmGTSF1 is necessary for Piwi-piRISC-mediated transcriptional transposon silencing in the *Drosophila* ovary. *Genes Dev.* 2013 Aug 1;27(15):1656-61.

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

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

### Saito Group 齋藤研究室



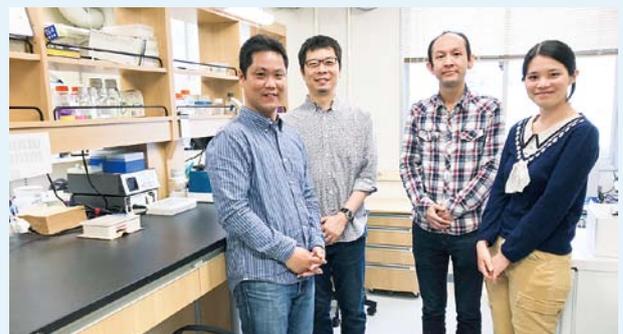
SAITO, Kuniaki  
Professor  
齋藤都暁 教授



KONDO, Shu  
Assistant Professor  
近藤 周 助教

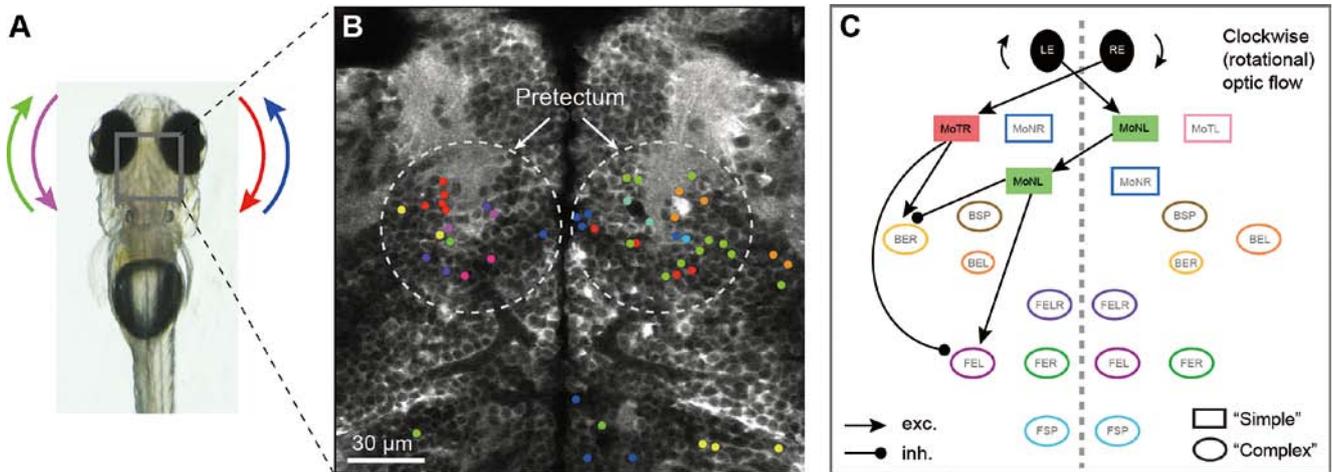


MIYOSHI, Keita  
Assistant Professor  
三好啓太 助教



# Neural circuit mechanisms for visual processing and behavior in zebrafish

## 視覚情報処理と行動制御の神経回路メカニズム



(A) 受精後5日目のゼブラフィッシュ稚魚。矢印は運動視覚刺激の方向を示す。(B) カルシウムイメージングによる神経活動の記録と定量的な解析を行うことで、視覚情報処理に関わる脳領域の神経活動パターンを調べることができる(ここでは前視蓋 (pretectum) を示す)。(C) 運動視覚情報を抽出し、適切な行動を生み出すための神経回路のモデル。

(A) A larval zebrafish at 5 days post fertilization. Arrows indicate visual motion stimuli presented to the zebrafish. (B) Calcium imaging and quantitative analysis reveal the activity pattern of multiple neuron types in a brain region (e.g. pretectum) involved in the visual processing. (C) Predicted wiring diagram of the whole-field motion processing circuit in the pretectum.

多くの動物は、外界の視覚情報にもとづいて目的に応じた行動を生み出します。私たちの研究室では、ゼブラフィッシュをモデルとし、動物が視覚情報を読みとり適切な行動を生み出すための神経回路メカニズムを研究しています。ゼブラフィッシュの利点である遺伝学的、光学的、行動学的アプローチ、さらに定量的データ解析を組み合わせることによって、個々の神経細胞タイプとそれらが構成する神経ネットワークの役割を理解することを目指しています。

Animals generate a range of behaviors depending on visual information that they receive from their outside world. Using zebrafish as a model, our lab studies the neural circuit mechanisms by which visual inputs produce goal-directed behavioral outputs. In particular, we aim to understand the roles of genetically defined neuron types and their circuit connectivity underlying the visually guided behaviors. The approaches that our lab uses include behavioral, genetic and optical techniques, as well as quantitative data analyses.

### Selected Publications

Förster D, Kramer A, Baier H, Kubo F. Optogenetic precision toolkit to reveal form, function and connectivity of single neurons. *Methods*. 2018 Nov 1;150:42-48.

Förster D, Arnold-Ammer I, Laurell E, Barker AJ, Fernandes AM, Finger-Baier K, Filosa A, Helmbrecht TO, Kölsch Y, Kühn E, Robles E, Slanchev K, Thiele TR, Baier H, Kubo F. Genetic targeting and anatomical registration of neuronal populations in the zebrafish brain with a new set of BAC transgenic tools. *Sci Rep*. 2017 Jul 12;7(1):5230.

Hoffman EJ, Turner KJ, Fernandez JM, Cifuentes D, Ghosh M, Ijaz S, Jain RA, Kubo F, Bill BR, Baier H, Granato M, Barresi MJ, Wilson SW, Rihel J, State MW, Giraldez AJ. Estrogens Suppress a Behavioral Phenotype in Zebrafish Mutants of the Autism Risk Gene, CNTNAP2. *Neuron*. 2016 Feb 17;89(4):725-33.

Kubo F, Hablitzel B, Dal Maschio M, Driever W, Baier H, Arrenberg AB. Functional architecture of an optic flow-responsive area that drives horizontal eye movements in zebrafish. *Neuron*. 2014 Mar 19;81(6):1344-1359.

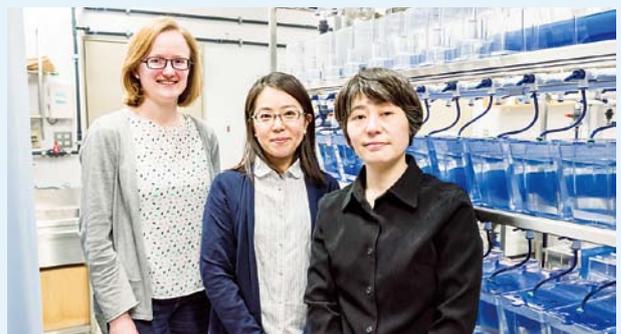
Systems Neuroscience Laboratory システム神経科学研究室

Kubo Group 久保研究室



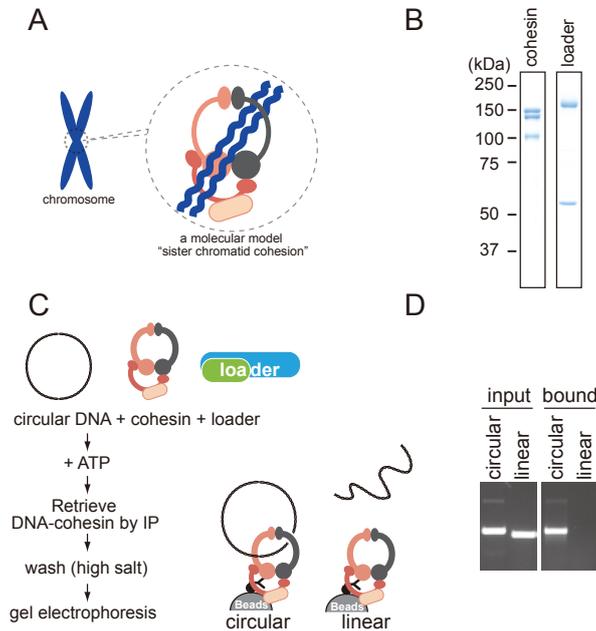
KUBO, Fumi  
Associate Professor  
久保 郁 准教授

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



## Revealing molecular function of SMC complexes in chromosome structural control

## SMC 複合体による染色体構造形成機構の解明



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

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

ゲノム情報を保持する染色体は、細胞の大きさに比べてはるかに長大な分子です。細胞は、これを核内に絡まることなく納め、遺伝子発現、複製、分配といった複雑でダイナミックな反応を同時に制御しています。巨大なリング状のSMC複合体(コヒーシン、コンデンシン、SMC5/6複合体)は染色体構造形成の中心となる制御因子であり、ゴムバンドのようにDNAを束ねて動くと考えられています。私たちは、SMC複合体を含む染色体構造の制御を行うタンパク質を精製し、試験管内再構成することによって、その分子メカニズムを解明しようとしています。

Controlling chromosome structure is essential not only for faithful chromosome segregation but also for gene transcription and DNA replication and repair. Ring-shaped SMC complexes (cohesin, condensin and SMC5/6) are central architects of the chromosome structure. These large complexes topologically entrap DNA strands to allow vital chromosomal functions to be carried out. We have successfully purified the SMC1/3 complex and reconstituted its functional DNA binding reaction. Our aim is to investigate the molecular mechanisms by which SMC complexes regulate the chromosome structure.

## Selected Publications

Murayama Y. DNA entry, exit and second DNA capture by cohesin: insights from biochemical experiments. *Nucleus*. 2018;9(1):492-502.

Murayama Y, Samora CP, Kurokawa Y, Iwasaki H, Uhlmann F. Establishment of DNA-DNA Interactions by the Cohesin Ring. *Cell*. 2018 Jan 25;172(3):465-477.e15.

Murayama Y, Uhlmann F. DNA Entry into and Exit out of the Cohesin Ring by an Interlocking Gate Mechanism. *Cell*. 2015 Dec 17;163(7):1628-40.

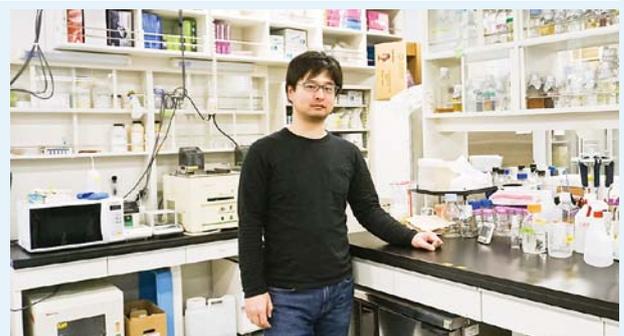
Murayama Y, Uhlmann F. Biochemical reconstitution of topological DNA binding by the cohesin ring. *Nature*. 2014 Jan 16;505(7483):367-71.

Chromosome Biochemistry Laboratory 染色体生化学研究室

Murayama Group 村山研究室



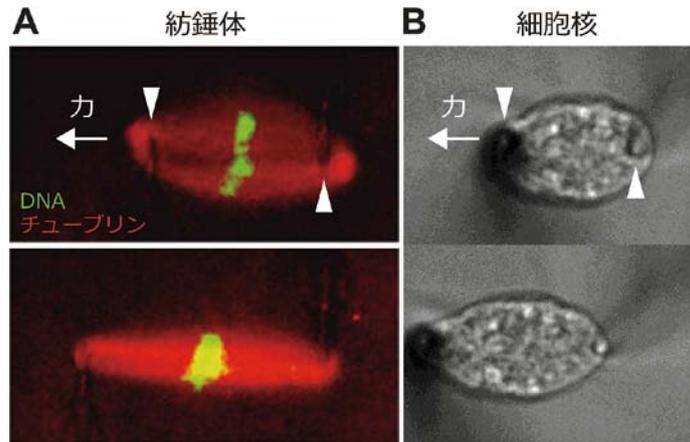
MURAYAMA, Yasuto  
Associate Professor  
村山泰斗 准教授



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

## Cellular mechanochemistry regulating eukaryotic chromosome dynamics

## 真核生物の染色体動態を制御する細胞のメカノケミストリー



研究室で行っているマイクロマニピュレーション実験を捉えた写真。Aは染色体分配装置である紡錘体、Bは遺伝情報の保持や複製を担う細胞核。硬さが校正された一対のガラスマイクロニードル（先端位置を白矢頭で示す）を使って制御された力に刺激を与えることで、これらの細胞装置がメカニカルな力にตอบสนองしながらいかにその構造と機能を維持し、遺伝情報の伝達や制御を行っているかを調べている。

Images show micromanipulation experiments performed in our laboratory for examining the mechanical properties of the spindle (A) and the cell nucleus (B). Using a pair of force-calibrated microneedles (white arrowheads), we study how these structures respond to force while maintaining their structural and functional integrity, in order to ensure the stable transmission and regulation of the genome in a cell.

細胞がメカニカルな力を発生し、またそれを感じて応答する能力は、分裂や分化を初めとするさまざまな生命プロセスにとって必要不可欠です。私達の研究室では、レーザーピンセットやガラスファイバーを用いた力学操作技術、細胞生物学の分子摂動ツール、高解像度の蛍光イメージング手法を組み合わせ、遺伝子動態制御の中核を担う紡錘体や細胞核がどのような物理化学特性を備えているかを調べています。それらのメカニクスと分子反応ケミストリーの関係を定量的に明らかにすることを通して、細胞が機械シグナルに適切に反応するためにどのように構造化されているかを理解し、最終的にはその知識を使って細胞の挙動を任意に制御することを目指して研究しています。

The cell's ability to generate, sense, and respond to mechanical force is crucial to many biological processes, including cell division and differentiation. Our laboratory takes a multi-disciplinary approach, integrating quantitative micromanipulation (e.g., optical tweezers, glass microfibers), biochemical perturbation, and high-resolution fluorescence microscopy (e.g., confocal and TIRF imaging) to characterize physicochemical nature of the mitotic spindle and the cell nucleus. Through quantitative analyses of their micromechanics and molecular biochemistry, we aim to understand the principles of how cells are structured to respond to defined mechanical cues and aim ultimately to use the knowledge to control complex cellular behavior.

## Selected Publications

Takagi J, Shimamoto Y. High-quality frozen extracts of *Xenopus laevis* eggs reveal size-dependent control of metaphase spindle micromechanics. *Mol Biol Cell*. 2017 Aug 1;28(16):2170-2177.

Shimamoto Y, Tamura S, Masumoto H, Maeshima K. Nucleosome-nucleosome interactions via histone tails and linker DNA regulate nuclear rigidity. *Mol Biol Cell*. 2017 Jun 1;28(11):1580-1589.

Shimamoto Y, Maeda YT, Ishiwata S, Libchaber AJ, Kapoor TM. Insights into the micromechanical properties of the metaphase spindle. *Cell*. 2011 Jun 24;145(7):1062-74.

Shimamoto Y, Forth S, Kapoor TM. Measuring Pushing and Braking Forces Generated by Ensembles of Kinesin-5 Crosslinking Two Microtubules. *Dev Cell*. 2015 Sep 28;34(6):669-81.

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

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

## Shimamoto Group 島本研究室



SHIMAMOTO, Yuta  
Associate Professor  
島本勇太 准教授



## Early mammalian development

### 哺乳類の初期発生

我々は、初期胚で見られる最も初期の細胞分化系譜を、in vivo イメージングや細胞操作技術等、いろいろな分子遺伝学的手法を用いて解析している。特に、マウスとヒトの初期胚の比較解析により、細胞に多能性を寄与する機構に関する洞察が得られると期待している。

We use molecular genetic technologies, in vivo imaging and experimental cell manipulation to study blastocyst cell lineages and their derived stem cells. Mouse/human comparisons will provide new insights into the origins of pluripotency.

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



<https://lab.research.sickkids.ca/rossant/>

ROSSANT, Janet  
Senior Scientist, Hospital for Sick Children,  
University Professor, University of Toronto

ロサント, ジャネット  
国際戦略アドバイザー  
(トロント大学教授)

## Genetics and genomics of adaptation and speciation

### 適応と種分化の遺伝ゲノム機構

適応進化と種分化の遺伝基盤とゲノム基盤、行動進化の遺伝基盤と神経基盤、および、性染色体の進化を明らかにする。

My current research is focused on the genetic and genomic basis of adaptation and speciation, the genetic and neural basis of behavioral evolution, and the evolution of sex chromosomes.

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



<http://www.ee.iee.unibe.ch/>

PEICHEL, Katie  
Professor and Head of Division, Evolutionary Ecology, Institute  
of Ecology and Evolution, University of Bern

パイケル, ケイティー  
国際戦略アドバイザー  
(ベルン大学進化生態学研究所・教授/進化生態学部門長)



## Population genetics theory and its application to genomic data

### 集団遺伝学理論とゲノムデータへのその応用

集団、個体、細胞というさまざまな段階における進化パターンを理解するための、DNA配列変異解析の集団・進化遺伝学理論と統計手法の開発。

Development of population/evolutionary genetics theory and statistical methods for analyzing DNA sequence variation at various levels, including between populations, individuals and cells within an individual for understanding underlying evolutionary forces.

Department of Genomics and Evolutionary Biology ゲノム・進化研究系



<https://gsbs.uth.edu/faculty/faculty-directory/faculty-profiles.htm?id=1346199>

FU, Yun-Xin  
Visiting Professor  
(Professor, School of Public Health, University of Texas Health Science Center at Houston)

フー, コンシン  
客員教授  
(テキサス大学ヒューストン健康科学センター公衆衛生学部教授)

## Critical periods of brain development

### 脳発達における臨界期

私たちは、子ども期の経験が脳機能を形作る仕組みを解明してきました：特定のGABA回路が「臨界期」を引きおこし、その後大脳皮質の可塑性を制限します。こうした基本原理のヒトの革新的治療戦略や新たなAIへの応用に精力的に取り組んでいます。

We have revealed how early life experience shapes brain function: specific GABA circuits trigger these “critical periods” then later limit cortical plasticity. We actively translate these basic principles into innovative therapeutic strategies for humans and novel AI.

Department of Gene Function and Phenomics 遺伝形質研究系



<https://henschlab.mcb.harvard.edu/>

HENSCH, Takao K  
Visiting Professor  
(Professor, Center for Brain Science, Harvard University)

ヘンシユ, タカオ K  
客員教授  
(ハーバード大学脳科学センター教授)

## Epigenetics and chromatin

### エピジェネティクスとクロマチン

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

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

Department of Chromosome Science 遺伝メカニズム研究系



<https://research.fhcr.org/henikoff/en.html>

HENIKOFF, Steven  
Visiting Professor  
(Member, Fred Hutchinson Cancer Research Center)

ヘニコフ, スティーブン  
客員教授  
(フレッドハッチンソンがん研究センターメンバー)

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

### 反応拡散メカニズムによるバクテリア細胞分裂過程の空間的制御

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

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

Department of Chromosome Science 遺伝メカニズム研究系



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

MIZUUCHI, Kiyoshi  
Visiting Professor  
(Distinguished Investigator, NIDDKD, NIH)

水内 清  
客員教授  
(米国立保健研究所卓越研究者)

## Chromatin dynamics and evolution

### クロマチン動態と進化

私たちは、生化学、分子、および系統学的なアプローチを組み合わせることで、ヒストンバリエーションの役割や、クロマチンの機能ドメイン形成におけるその動態を調べています。

We combine biochemical, molecular and phylogenetic approaches to study the role of histone variants and their dynamics in shaping functional chromatin domains.

Department of Chromosome Science 遺伝メカニズム研究系



<https://www.gmi.oew.ac.at/research-groups/frederic-berger/>

BERGER, Frederic  
Visiting Professor  
(Senior group leader, Gregor Mendel Institute)

ベルシエ, フレデリック  
客員教授  
(グレゴール・メンデル研究所シニアグループリーダー)

# Share our research findings with society through the technology transfer

## 研究成果の社会還元、イノベーション創出を目指した産学連携活動



(2018年度実績)

知的財産 Intellectual Property	件数 QUANTITY
特許出願 Patent application	7件
特許登録 Patent registration	3件
ライセンス、有償MTA契約 License agreement	20件
MTA Material Transfer Agreement	972件

研究所から生まれた研究成果を活用し、社会に還元、新しいイノベーション創出を目指すことで、基礎研究の進歩に貢献することが我々の使命です。戦略的な知的財産の発掘、保護、活用を図ると共に、共同、受託研究、技術移転等の積極的な産学連携活動、地域、社会連携活動を推進して、研究所の「知」を社会につなげてまいります。

また、名古屋議定書に対応した遺伝資源の取扱いに関する相談窓口として、大学・研究機関への啓発、体制構築支援活動（出張セミナー、講習会、情報発信、国際ワークショップ、意見交換会等）を行なっています。

Aiming at sharing our research findings with society and creating new innovation, we are vigorously promoting active collaboration with industries through joint research and technology transfer.

We are committed to managing our intellectual property derived from research by patenting, maintaining, and licensing in a strategic and efficient way.

We also play an active role as ABS Support Team for Academia to support researchers at universities and research institutions to obtain genetic resources from overseas and utilize them smoothly in accordance with the CBD provisions and the regulations of each country.

### Selected Publications

鈴木睦昭. 海外遺伝資源の大学における利用状況と、名古屋議定書国内措置開始に関するの議題. 環境情報科学, 2018 47 巻 [pp.35]

鈴木睦昭. 我が国の国内措置の概要と学術分野の必要な取り組みについて. 海外遺伝資源利用研究の課題および円滑な推進に必要な取り組みについて, 2018 23 巻9号 p. 9\_60-9\_64

鈴木睦昭. 名古屋議定書国内発効、国内措置（ABS指針）開始薬学分野における対応は？ ファルマシア, 2017 Vol.53 No.10

鈴木睦昭. 「研究成果有体物と遺伝資源に関する円滑な流通に向けて一課題分析と今後の課題解決の展望—」. 知的財産イノベーション研究の諸相, 2014 p114-125. コンテンツシティ出版

NIG INNOVATION

産学連携・知的財産室



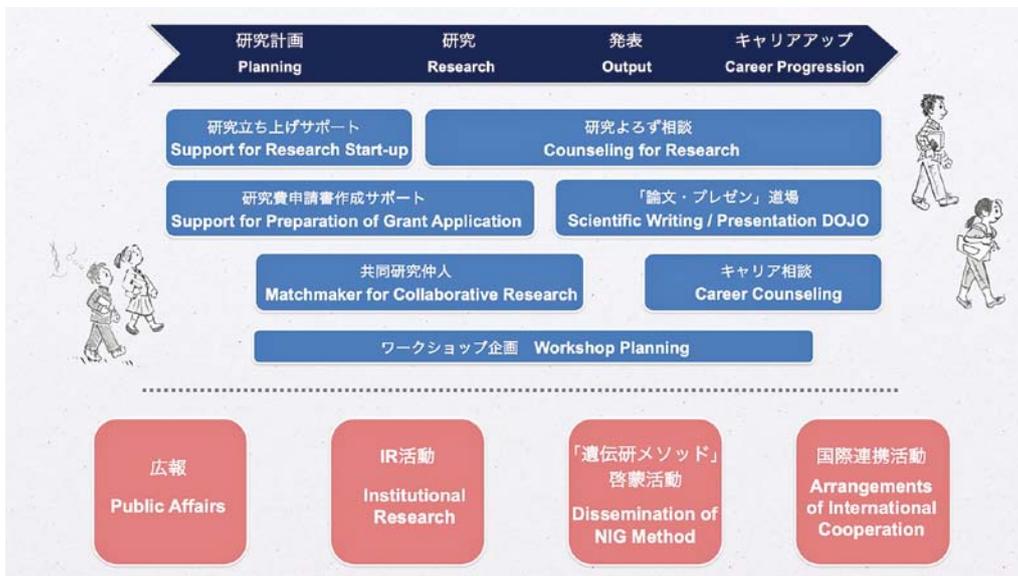
SUZUKI, Mutsuaki  
Director  
鈴木睦昭 室長

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



## Strengthening of research activity, IR (Institutional Research), and Public relations

## 研究力強化、IR (Institutional Research)、広報



「研究に携わる人材が、その能力を最大限に発揮し、さらに能力を伸ばすために」

私たちは、この言葉をモットーに3つのミッション（研究力強化、IR、広報）を推進しています。研究力強化策として、論文発表やプレゼンについての議論や助言、研究費申請の支援、遺伝研メソッドの啓蒙活動、ワークショップ企画や異分野交流の仲介、国際連携活動などを通じ、研究者が新しいアイデアに挑戦するための手助けをします。IRでは、研究活動に関する様々な定量/定性データを収集・分析します。これらの活動で得た情報は、広報活動に展開しています。私たちの活動が遺伝研の優れた研究環境や活発な研究交流と相乗効果を及ぼして、研究者コミュニティの研究力が向上することを目指しています。

“To maximize and further develop the potentials of those involved in research”

With this motto, Office for Research Development (ORD) promotes three missions: Strengthening of research activity, IR, and Public relations. Our activities include organizing workshops, mediating collaborative research, discussion and advice on manuscripts and scientific presentations, dissemination of NIG Method, grant-application support, and arrangements of international cooperation. Data collection and analysis of research activities of NIG contributes to continuous improvement of the institute as well as public relations. Synergizing with the superb research environment and the interactive atmosphere of NIG, we aim to play an instrumental role in strengthening of research activity of the scientific community.

## Writings and Talks

来栖光彦, 磯野靖子, 岡本基, 小川洋子, 笹山浩二, 蓮池岳司, 横尾成子. 大学への貢献を可視化: 共同利用・共同研究の改善に向けた取り組み. RA協議会 第3回年次大会 (2017.8.29-30).

広海健. 研究発表の新機軸: 「遺伝研メソッド」による研究力強化とグローバル化支援. 総研大全学的英語教育事業セミナー (2017.12.26).

来栖光彦. IR・研究力評価について: 大学共同利用機関の貢献度を可視化. RA協議会 第2回年次大会 (2016.9.1-2).

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

Office for Research Development

リサーチ・アドミニストレーター室



KURUSU, Mitsuhiko  
Director  
来栖光彦 室長



SEINO, Hiroaki  
Assistant Professor  
清野浩明 助教

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



# Office for Gender Equality

## 男女共同参画推進室



多目的保育室  
Multi-purpose nursery room



一時保育の様子  
A snapshot from In-house temporary childcare



科学プレゼンテーション講習会  
Training seminar for scientific presentation

2017年、遺伝研に男女共同参画推進室が設立されました。女性研究者活動支援室を前身として、遺伝研のニーズや地域性に合わせ、以下のような支援活動を展開しています。

- 多目的保育室の運営
- 一時保育の提供
- 研究支援者の配置による育児介護支援
- 近郊の保育情報の提供
- 研究力強化のためのセミナー提供

詳しくは遺伝研男女共同参画推進室ホームページ (<https://sites.google.com/site/nigdanjo/home/>) をご覧ください。遺伝研における男女共同参画の歴史や推進室の活動の軌跡も掲載しています。

男女共同参画推進室では、様々な立場で働みなさんが安心して能力を発揮できる環境整備を目指しています。ご意見、ご要望、ご相談は、お気軽に [danjo-nig@nig.ac.jp](mailto:danjo-nig@nig.ac.jp) までおよせください。

The Office for Gender Equality was established at NIG in 2017. It was renamed from the Office for Female Researcher Support, since we wish to provide appropriate support to the needs of NIG people in all categories. Currently we can offer;

- A multi-purpose nursery room
- In-house temporary childcare
- programs to allocate a lab assistant for childcare assistance
- local information about family care
- seminars for research development

Please visit our homepage for more detail.

<https://sites.google.com/site/nigdanjo/home/> (Japanese)  
<https://www.nig.ac.jp/offices/danjo/en/index.html> (English)

The office aims to ensure a comfortable work environment where people can deliver their full potential regardless of sex, age, job category or other personal matters. If you have any problems or requests, please feel free to contact us at [danjo-nig@nig.ac.jp](mailto:danjo-nig@nig.ac.jp).

Office for Gender Equality

## 男女共同参画推進室

<https://sites.google.com/site/nigdanjo/home/>



HIRATA, Tatsumi  
Director

平田たつみ 室長(兼)



YASUIKE, Yuki  
Staff

安池友紀 室員(兼)



YAMATANI, Noriko  
Staff

山谷宣子 室員(兼)



TAKIDA, Masatoshi  
Staff

滝田昌稔 室員(兼)

## Radioisotope Unit

## 放射線・アイソトープ支援ユニット



放射線とアイソトープの管理に用いる台帳と放射線測定器。

Survey meters and files used for the administration of radiation and radioisotopes.

放射線は、生体に及ぼす影響を研究する対象であり、また様々な生命研究において標識として使われます。放射線・アイソトープ支援ユニットは、放射線の管理に携わり、アイソトープを活用する研究をサポートします。

線虫 *Caenorhabditis elegans* には、遺伝子配列より遺伝子機能を探る逆遺伝学に必須である、遺伝子発現細胞の検出や遺伝子改変体の作製を容易に実施できる利点があります。遺伝子制御システムの解明を目指し、遺伝子発現の転写後調節因子であるマイクロRNAを対象に、機能解析に役立つ新規方法の開発、発現調節を受ける標的遺伝子の特定、その調節がもたらす生理機能の解析を進めています。

Radiation is a subject of research to investigate effects on living organisms, and is used for labels in various fields of life science. The Radioisotope Unit is responsible for the administration of radiation, and provides support for studies that take advantage of radioisotopes.

In *Caenorhabditis elegans*, sophisticated methods are available to determine gene expression patterns and to generate genetically modified strains, which are indispensable for reverse genetic analysis. Aiming at the elucidation of gene regulatory system, we study microRNAs, which serve as post-transcriptional regulators of gene expression. Our approaches are to develop novel methods for functional analysis, to identify target genes, and to unravel the physiological roles of microRNAs.

## Selected Publications

Andachi Y, Kohara Y. MicroRNA Detection by Whole-Mount In Situ Hybridization in *C. elegans*. *Methods Mol Biol.* 2018;1680:75-86.

Andachi Y, Kohara Y. A whole-mount in situ hybridization method for microRNA detection in *Caenorhabditis elegans*. *RNA.* 2016 Jul;22(7):1099-106.

Hamashima K, Mori M, Andachi Y, Tomita M, Kohara Y, Kanai A. Analysis of genetic code ambiguity arising from nematode-specific miscacylated tRNAs. *PLoS One.* 2015 Jan 20;10(1):e0116981.

Andachi Y. A novel biochemical method to identify target genes of individual microRNAs: identification of a new *Caenorhabditis elegans* let-7 target. *RNA.* 2008 Nov;14(11):2440-51.

Radioisotope Unit

放射線・アイソトープ支援ユニット



ANDACHI, Yoshiki  
Assistant Professor  
安達佳樹 助教

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



# Unit for Experimental Animal Care

## 動物飼育実験施設

動物飼育実験棟は、マウス・ラットなどの実験動物を用いて先端的な研究が行えるように設置された、遺伝研の主要な飼養保管施設です。同施設では、所内におけるマウス・ラットの飼育及び実験のサポートを行い、研究・教育の推進に貢献しています。研究所内及び所外の研究者に向けて、野生マウス系統などの遺伝研独自の貴重なリソースを用いた研究の支援も行っています。

The Animal Research Building is a major animal facility which was set up for advanced research using experimental animals such as mouse and rat. The facility supports breeding and experiments of mouse and rat, and contributes to the promotion of research and education. We also support research using valuable resources such as wild mouse strains for researchers inside and outside the institute.

### Unit for Experimental Animal Care

#### 動物飼育実験施設



KOIDE, Tsuyoshi  
Head

小出 剛 施設長(兼)



TAKANAMI, Keiko  
Assistant Professor

高浪景子 助教(兼)



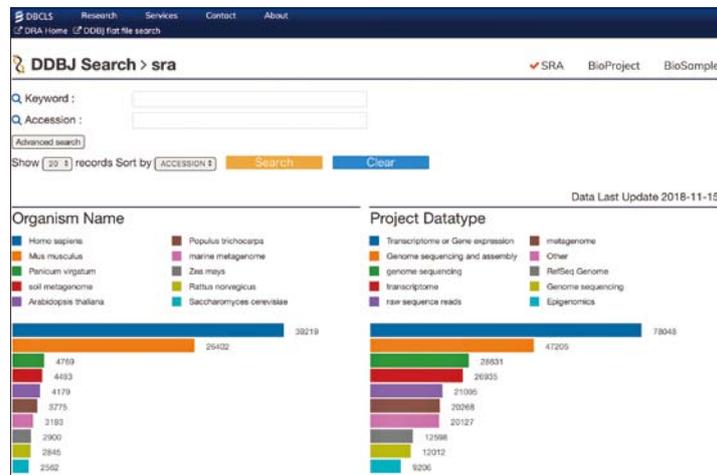
動物飼育実験施設の様子 建物(左)と飼育室内

The Animal Research Building (left) and animal room (right)



# Database Center for Life Science (DBCLS)

## ライフサイエンス統合データベースセンター



公共データベース (SRA [NCBI], ENA [EBI], DRA [DDBJ]) に登録された「次世代シーケンサ」データについて、さまざまな統計情報からデータの検索やダウンロードができる目次サイト DBCLS SRA (<http://sra.dbcls.jp/>)

DBCLS SRA (<http://sra.dbcls.jp/>) is a highly organized index website of huge quantities of next-generation sequencing data available at public databases (SRA [NCBI], ENA [EBI], DRA [DDBJ]). Users can download NGS data after browsing comparing and selecting them in various aspects.

ライフサイエンス分野では、世界中で数千をこえる多様なデータベース (DB) が公開されており、その活用が研究の進展に不可欠になっています。しかし、「必要なDBが見つからない」「使い方がわからない」「データを組み合わせた高度な解析ができない」など、DBの効率的な利用のための環境整備は充分ではありません。本センターはDB統合化の中核組織として2007年に機構直轄のセンターとして設置され、以来、DBの統合化と保全に努め、利用者の利便性を高める情報技術の研究開発やサービスの開発、DBの国際標準化を行ってきました。本センターはまだ専用の施設がなく、2014年度に柏の東京大学施設に移転しましたが、同時に一部を遺伝研内に移しました。ビッグデータの有効活用の点からDDBJセンター等とのシナジーを発揮したいと考えています。

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

### Selected Publications

Bono H. Meta-analysis of hypoxic transcriptomes from public databases. bioRxiv. 2018 DOI: 10.1101/267310

Ono H, Ogasawara O, Okubo K, Bono H. RefEx, a reference gene expression dataset as a web tool for the functional analysis of genes. Sci Data. 2017 Aug 29;4:170105.

Ohta T, Nakazato T, Bono H. Calculating the quality of public high-throughput sequencing data to obtain a suitable subset for reanalysis from the Sequence Read Archive. Gigascience. 2017 Jun 1;6(6):1-8.

Naito Y, Hino K, Bono H, Ui-Tei K. CRISPRdirect: software for designing CRISPR/Cas guide RNA with reduced off-target sites. Bioinformatics. 2015 Apr 1;31(7):1120-3.

Database Center for Life Science (DBCLS)

## ライフサイエンス統合データベースセンター

### Members at NIG 遺伝研で研究しているメンバー

BONO, Hidemasa Project Associate Professor 坊農秀雅 特任准教授	ONO, Hiromasa Project Assistant Professor 小野浩雅 特任助教
NAITO, Yuki Project Assistant Professor 内藤雄樹 特任助教	NAKAZATO, Takeru Project Assistant Professor 仲里猛留 特任助教
OHTA, Tazro Researcher 大田達郎 研究員	

左から、小野、坊農、仲里、内藤、大田  
Ono, Bono, Nakazato, Naito, Ohta (from left)



<https://dbcls.rois.ac.jp/>

## Center for Genome Informatics (CGI)

## ゲノムデータ解析支援センター

**The main goals of the Coelacanth Genome Project**

This project is intended to provide a cornerstone to answer the long-debated and scientifically important question; how vertebrates successfully adapted to terrestrial life, through whole genome sequencing of extant coelacanth species and comparative genomic analyses.

**Assembly Information**

Assembly ID	LatCha_J1.0
Assembly date	Sep. 2012
Accession (GSI)	DF158006-DF196766
BioProject ID	174410
Provider	NIG / Tokyo Tech

**Statistical Information**

Total	2.74Gb
# of scaffolds	37,861
Scaffold N50	331 Kb
Contig N50	9.04 Kb
Longest	2.38 Mb
Rate of 'N'	4.50 %
# of gene locus	29,331
# of non-coding RNA	2,299

What's new  
2012.12.3  
Coelacanth fosmid end data were added.

\*Fosmid clones are available from Comparative Genomics Laboratory, National Institute of Genetics. Please e-mail to clonebank@nig.ac.jp

Home | Contact  
Copyright 2012 National Institute of Genetics

シーラカンスのゲノムブラウザー。シーラカンスゲノム上に注釈付けされた遺伝子やSNVなどの情報の検索と閲覧が行える。BLAST/BLATを用いた相同性検索にも対応しており、アライメントの結果を他のアノテーション情報と共に視覚的に確認することができる。

Coelacanth Genome Browser. Information about the annotated genes and SNVs on the coelacanth genome can be searched and browsed. Homology search using BLAST/BLAT is also available, and the results are visually displayed on the genome browser with other annotations.

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

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

## Selected Publications

Tatsumoto S, Go Y, Fukuta K, Noguchi H, Hayakawa T, Tomonaga M, Hirai H, Matsuzawa T, Agata K, Fujiyama A. Direct estimation of de novo mutation rates in a chimpanzee parent-offspring trio by ultra-deep whole genome sequencing. *Sci Rep.* 2017 Nov 1;7(1):13561.

Maeda J, Kato D, Arima K, Ito Y, Toyoda A, Noguchi H. The complete mitogenome and phylogenetic analysis of Japanese firefly 'Genji Botaru' *Luciola cruciata* (Coleoptera: Lampyridae). *Mitochondrial DNA B.* 2017 2(2), 522-523.

Hoshino A, Jayakumar V, Nitasaka E, Toyoda A, Noguchi H, Itoh T, Shin-I T, Minakuchi Y, Koda Y, Nagano AJ, Yasugi M, Honjo MN, Kudoh H, Seki M, Kamiya A, Shiraki T, Carninci P, Asamizu E, Nishide H, Tanaka S, Park KI, Morita Y, Yokoyama K, Uchiyama I, Tanaka Y, Tabata S, Shinozaki K, Hayashizaki Y, Kohara Y, Suzuki Y, Sugano S, Fujiyama A, Iida S, Sakakibara Y. Genome sequence and analysis of the Japanese morning glory *Ipomoea nil*. *Nat Commun.* 2016 Nov 8;7:13295.

Center for Genome Informatics (CGI)

## ゲノムデータ解析支援センター

## Members at NIG 遺伝研で研究しているメンバー

NOGUCHI, Hideki Head

野口英樹 センター長

KONDO, Shinji Project Associate Professor

近藤伸二 特任准教授

FUKUTA, Kentaro Postdoc

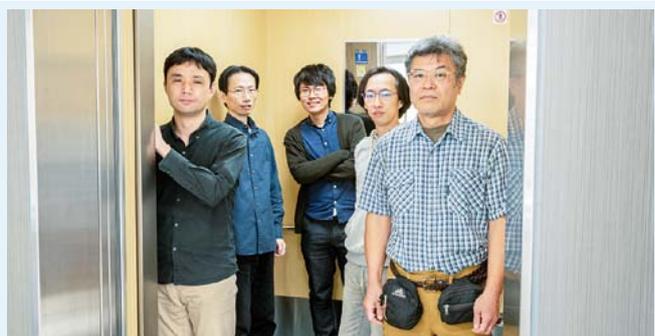
福多賢太郎 博士研究員

TERAUCHI, Makoto Postdoc

寺内 真 博士研究員

MIYAZAWA, Hideyuki Postdoc

宮澤秀幸 博士研究員

<https://genome-info.nig.ac.jp/>





# Intellectual Infrastructure and Collaborative Research

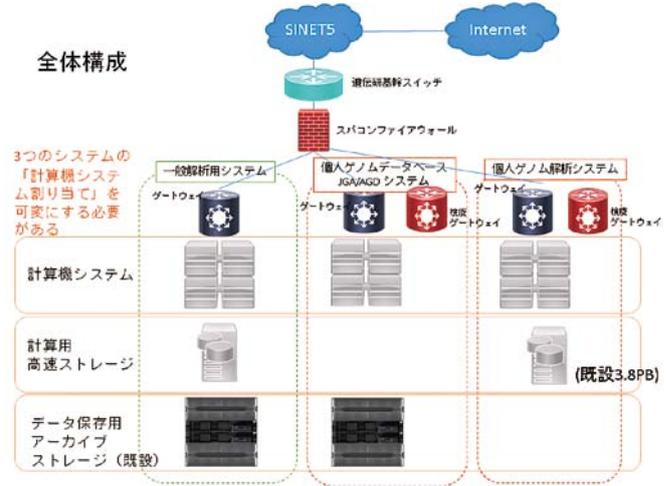
---

共同利用・共同研究



# NIG Supercomputer System

国立遺伝学研究所スーパーコンピュータシステム



遺伝研は、国際塩基配列データベース (INSD) の構築および全国の研究者に計算機資源を提供するため、スーパーコンピュータシステム (遺伝研スパコン) を運用しています。

遺伝研スパコンは生命科学研究に特化した解析環境や充実した公共データの提供が特徴です。2018年に導入した大規模ストレージと、2019年に導入する計算機システムにより、遺伝研 JGA が提供するヒト全ゲノムデータのような、大規模情報を解析できる環境を整えています (下表参照)。国内の研究者からユーザ登録を随時受け付けており、ディスク容量が30TB以下ならば無料で利用いただけます。大規模ユーザにはディスク容量に基づく課金の他、計算ノードを有償で専有するオプションも用意されています。毎年全国130以上の機関から平均して600人のユーザが利用しています。詳細は遺伝研スパコンホームページ (<https://sc.ddbj.nig.ac.jp/>) をご参照ください。

National Institute of Genetics (NIG) operates a super-computer system to develop the International Nucleotide Sequence Database (INSD) and to provide computational resources to domestic researchers.

The key features of the NIG Supercomputer System are the analysis environment specialized to life science research and the comprehensiveness of public data. In 2018 we introduced a large-scale storage system and in 2019 we introduce a new computer system to analyze massive-scale data such as full human genomes that our JGA repository provides (See table below). Domestic researchers can request for a user account throughout the year, and the cost is free for users of less than 30 TB disk usage. Large-scale users exceeding this threshold must pay a prorated volume fee, and other options to rent computation nodes are available for a fee. Every year, average 600 users from 130 institutions register to our computing environment. For details, please visit our website (<https://sc.ddbj.nig.ac.jp/>).

	2012年導入スパコン	2019年導入スパコン (2012年導入分は撤去)	2020年スパコン増強
計算機システム	計算機システム554台	計算機システム204台 AMD EPYC 512GB×136 Intel Xeon Gold 384GB×68	計算機システム約80台
特殊用途の計算機	10TBメモリ計算機×1 2TBメモリ計算機×10	12TBメモリ計算機×1 3TBメモリ計算機×10 (いずれもIntel Xeon Gold)	該当なし
計算用高速ストレージ	7PB	2019年導入分 10PB 2018年導入分 3.8PB	該当なし
データベース用ストレージ	5.6PB	ディスク 15PB テープ 15PB	該当なし
ノード間相互結合網	InfiniBand 4×QDR (40Gbps), 4×FDR (56Gbps)	InfiniBand 4×EDR (100Gbps)	該当なし

導入計算機システム概要 Computing system installed

# Advanced Genomics Center

## 先端ゲノミクス推進センター

国立遺伝学研究所は、学術コミュニティからの大規模ゲノム解析の要望に応え、国内唯一のアカデミアDNAシーケンシングセンターを運用してきました。この間、メダカゲノム、ホヤゲノム、原始紅藻ゲノムの構造決定や、各種生物を対象としたcDNA解析など多くの成果を挙げています。

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

### ■ 先端ゲノミクス推進センターの活動

- 大規模DNAシーケンシング、1分子DNAシーケンシング、1細胞シーケンシング
- ゲノム情報解析パイプラインの開発と提供
- 所内外との連携による共同利用・共同研究の推進
- 受託研究の受け入れ
- 情報共有と情報セキュリティ体制の確立
- 生命研究各分野への先端ゲノミクスの応用と支援

■ 先端ゲノミクス推進センターは、常に最先端の技術と情報をコミュニティに提供できるよう施設の整備を進めています。



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

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

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

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



KUROKAWA, Ken  
Head, Advanced Genomics Center  
Division Head, Data Analysis Division  
黒川 顕  
センター長(兼)  
データ解析部門長(兼)

□シーケンシング部門  
Sequencing Division  
TOYODA, Atsushi  
Project Professor  
Division Head, Sequencing Division  
豊田 敦 シーケンシング部門長(兼)

□データ解析部門  
Data Analysis Division  
KOHARA, Yuji Project Professor  
小原雄治 特任教授(兼)  
FUJIYAMA, Asao Project Professor  
藤山秋佐夫 特任教授(兼)  
INOUE, Ituro Professor  
井ノ上逸朗 教授(兼)

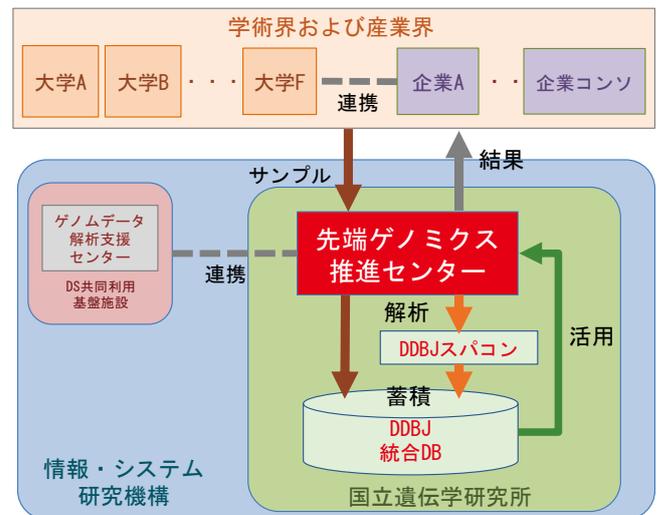
NOGUCHI, Hideki Project Professor  
野口英樹 特任教授(兼)  
BABA, Tomoya Project Associate Professor  
馬場知哉 特任准教授(兼)  
KONDO, Shinji Project Associate Professor  
近藤伸二 特任准教授(兼)  
MORI, Hiroshi Assistant Professor  
森 宙史 助教(兼)

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

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

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

### ■ 共同研究・共同利用・受託研究の流れ



# Genetic Resource Center

## 生物遺伝資源センター

生物遺伝資源センターは、バイオリソース部門、植物育成・開発支援部門、ゲノム変異マウス開発支援部門、バイオリソース情報部門から成り以下の事業を進めています。バイオリソース部門では大腸菌/枯草菌、イネ、マウス、ショウジョウバエ、ゼブラフィッシュ、線虫、ヒドラなどの生命科学を先導する様々な有用実験生物系統を開発すると共に国内外の大学や研究機関への分譲サービス、植物育成・開発支援部門ではイネの実験圃場の管理運営、ゲノム変異マウス開発支援部門では遺伝子改変マウスの開発の共同研究や受託を行なっています。またバイオリソース部門では、これらのバイオリソースに関する情報を、関連する知識情報とともに公開サイトから世界中に発信しています。大腸菌/枯草菌、イネ、ショウジョウバエ、ゼブラフィッシュのリソースについては日本医療研究開発機構 (AMED) のナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) に参画し、各生物種のリソースセンターの中核またはサブ機関として活動しています。バイオリソース部門はNBRPの情報センターとして国内のバイオリソース関連情報発信の中核として活動しています。

The Genetic Resource Center is composed of "Bioresource Management Division", "Plant Resource Development Division", "Division for development of genetic-engineered mouse resource", and "Bioresource Database Division". The Bioresource Division takes responsibility for development, preservation and distribution of forefront bioresources of various organisms including *E. coli/B. subtilis*, Rice, Mouse, *Drosophila*, Zebrafish, *C. elegans* and Hydra, and of collected wild species of those organisms. The Database division makes the above information available to the public through web sites shown below. The BRC/NIG participates actively in the "National Bioresource Project (NBRP)" under the organization of Japan Agency for Medical Research and Development (AMED), in the Cabinet Office of Government of Japan, and takes a role for management of *E. coli/B. subtilis*, Rice, *Drosophila* and Zebrafish as central or sub-central organization for each organism in the project. Furthermore, the Database Division also contributes to NBRP as the national center of bioresource information, by taking responsibility for development and management of the relevant databases.

## Genetic Resource Center 生物遺伝資源センター



NIKI, Hironori  
Head, Genetic Resource Center  
Division Head, Bioresource Management Division  
仁木宏典  
センター長 (兼) バイオリソース部門 部門長 (兼)



NONOMURA, Ken-ichi  
Division Head, Plant Resource Development Division  
野々村賢一  
植物育成・開発支援部門 部門長 (兼)



SAGA, Yumiko  
Division Head, Division for development of genetic-engineered mouse resource  
相賀裕美子  
ゲノム変異マウス開発支援部門 部門長 (兼)



KAWAMOTO, Shoko  
Division Head, Bioresource Databases Division  
川本祥子  
バイオリソース情報部門 部門長 (兼)

### □ バイオリソース部門 Bioresource Management Division

- |  |   |
|--|---|
| KAWAKAMI, Koichi Professor<br>川上浩一 教授 (兼)            | KOIDE, Tsuyoshi Associate Professor<br>小出 剛 准教授 (兼)     |
| SAITO, Kuniaki Professor<br>齋藤都暁 教授 (兼)              | NONOMURA, Ken-ichi Associate Professor<br>野々村賢一 准教授 (兼) |
| SATO, Yutaka Professor<br>佐藤 豊 教授 (兼)                | TAKADA, Toyoyuki Assistant Professor<br>高田豊行 助教 (兼)     |
| KOHARA, Yuji Project Professor<br>小原雄治 特任教授 (兼)      | MUTO, Akira Assistant Professor<br>武藤 彩 助教 (兼)          |
| SAKAI, Noriyoshi Associate Professor<br>酒井則良 准教授 (兼) | KAWASAKI, Toshihiro Assistant Professor<br>河崎敏広 助教 (兼)  |
| IKEO, Kazuho Associate Professor<br>池尾一穂 准教授 (兼)     | KONDO, Shu Assistant Professor<br>近藤 周 助教 (兼)           |

- |  |  |
|--|--|
| MIYOSHI, Keita Assistant Professor<br>三好啓太 助教 (兼)    | AOKI, Keita Assistant Professor<br>青木敬太 助教 (兼)       |
| SUZUKI, Toshiya Assistant Professor<br>鈴木俊哉 助教 (兼)   | TAKANAMI, Keiko Assistant Professor<br>高浪景子 助教 (兼)   |
| TAKAHASHI, Misuzu Assistant Professor<br>高橋美鈴 助教 (兼) | TSUDA, Katsutoshi Assistant Professor<br>津田勝利 助教 (兼) |

### □ 植物育成・開発支援部門 Plant Resource Development Division

- TSUDA, Katsutoshi Assistant Professor  
津田勝利 助教 (兼)

### □ ゲノム変異マウス開発支援部門 Division for development of genetic-engineered mouse resource

- AJIMA, Rieko Assistant Professor  
安島理恵子 助教 (兼)

### □ バイオリソース情報部門 Bioresources Databases Division



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

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

# Platform for Advanced Genome Science (PAGS)

## 先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム（略称：先進ゲノム支援）

生命の理解のためには大量かつ高精度のDNA配列解析が以前にも増して重要になっていますが、これを推進するには実験・情報解析の両面での大規模かつ最先端の解析システムの整備と共有が必須です。「先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム（先進ゲノム支援）」は文部科学省科学研究費助成事業の新学術領域研究『学術研究支援基盤形成』に2016年から6年間の予定で採択されたもので、最先端のゲノム解析及び情報解析のシステムを整備し、科研費課題から公募により選定された課題（毎年100件程度）の支援等を通じて我が国のゲノム科学ひいては生命科学のピーク作りとす野拡大を進めます。

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

### ■ 大規模配列解析拠点ネットワーク支援活動

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

### ■ 高度情報解析支援ネットワーク活動

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

これらの支援活動を推進するために、国立遺伝学研究所を中核機関とし、参加する班員が所属する主な機関を連携機関とするネットワークを形成し、分担して支援及びその高度化にあたります（図B）。研究支援代表者の下、現在研究支援分担者22名、研究支援協力者27名、総勢50名の班員が全国18の大学・研究機関（部局数は27）から参加しています。

In order to understand life, massive and highly accurate DNA sequence analysis has become more important than before. To meet this situation, it is essential to develop a large-scale and state-of-the-art genome analysis system and to share it with the research community. Platform for Advanced Genome Science (PAGS) was adopted for this purpose for six years from 2016 as a platform in Grant-in-Aid for Scientific Research (KAKENHI) on Innovative Areas — Platforms for Advanced Technologies and Research Resources funded by MEXT. We provide such a genome analysis system for researchers who are granted KAKENHI and selected by the selection committee.

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

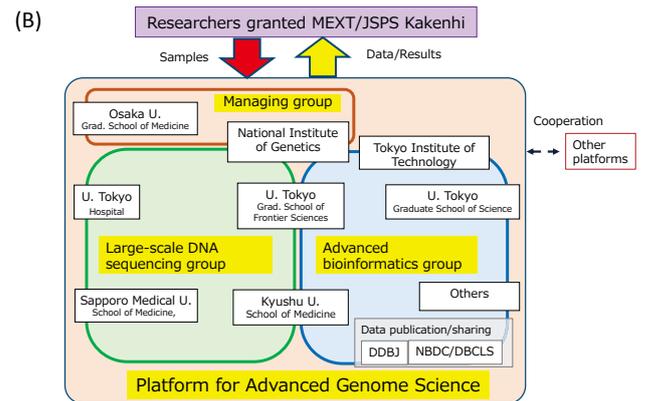
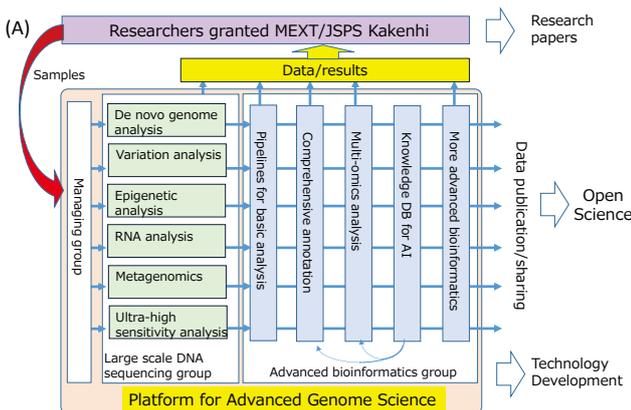
### ■ Large-scale DNA sequence analysis

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

### ■ Advanced bioinformatics analysis

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

To promote the PAGS activity, the National Institute of Genetics as the core institution of PAGS has established a network for cooperation with the institutions to which the participating members belong to promote the PAGS activity. Currently 50 members in total are participating in PAGS from 18 universities and research institutes (27 departments).



## Members at NIG 遺伝研で活動する参加班員

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



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

### □ 大規模ゲノム解析

#### Large-scale DNA sequencing group

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

### □ 高度情報解析

#### Advanced bioinformatics group

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

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

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

### 他の班員所属機関

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

国立遺伝学研究所は、遺伝学に関する総合研究の中核として、大学、他研究機関との共同研究を積極的に受け入れています。

国内外の研究者に共同利用の機会を提供するため、従前より所内の教員と所外の研究者による「共同研究」及び「研究会」を実施しています。

次頁に示すように、毎年多くの共同研究が行われており、2018年度も計100件の共同研究と計19件の研究会を行い、着実な成果をあげています。

As the central institute to study various aspects of genetics, the National Institute of Genetics (NIG) positively accepts joint research between NIG and universities or other institutes. In order to offer joint research opportunities to researchers, NIG has been conducting "Joint Research" and "Joint Research Meeting" between researchers inside and outside of NIG.

As shown in the next page, many joint researches are held every year. In 2018, 100 Joint Researches and 19 Joint Research Meetings have been held and achieved excellent results.

## ▶ NIG-JOINT

## 共同研究

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

「共同研究 (A)」「国際共同研究」に採択されると、実験・討論のために遺伝研を訪問するための旅費・滞在費が支給されます。「共同研究 (B)」では旅費・滞在費及び研究費が支給されます。

Based on the application from researchers outside NIG, NIG researchers collaborate with them for conducting the research on the subject of application. The following three categories are solicited for NIG-JOINT [A], [I] and [B]. In NIG-JOINT [A] and [I], travel and accommodation expenses are provided to visit NIG for conducting discussion and experiment. In NIG-JOINT [B], travel, accommodation and research expenses are provided.

### *In vitro* differentiation of spermatogonia to fertile sperm in the endangered endemic cyprinid, *Gnathopogon caeruleus*.

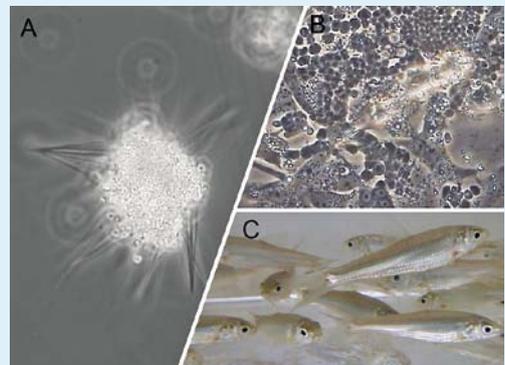
#### 琵琶湖固有魚ホンモロコ生殖細胞の未分化維持, *in vitro* 分化培養の開発

立命館大学  
薬学部 創薬科学科  
高田達之 教授

Department of Pharmaceutical Sciences  
College of Pharmaceutical Science  
Ritsumeikan University  
TAKADA, Tatsuyuki, Professor

琵琶湖は世界有数の古代湖であり、17種類の固有魚類が確認されているがその約半数(9種)が絶滅危惧種に指定され、絶滅を想定した保全対策が必要である。我々は、絶滅が危惧される代表的な琵琶湖固有魚・ホンモロコ (*Gnathopogon caeruleus*) の保全のため、精子形成の全過程を *in vitro* で再現し、未分化な精原細胞から受精能をもつ精子を作成する精子分化培養系を確立した。

Honmoroko (*Gnathopogon caeruleus*) is an endangered endemic cyprinid, which inhabits ancient lake Biwa. We tried to establish *in vitro* spermatogenesis to avoid its extinction and succeeded to recapitulate the entire process of spermatogenesis to produce fertile sperm *in vitro*.



A: *in vitro* 培養で作製された精子  
B: 精原細胞の *in vitro* 分化培養  
C: *in vitro* 精子で誕生したホンモロコ

A: sperm differentiated *in vitro*  
B: *in vitro* differentiation of spermatogonia  
C: Juveniles generated by the *in vitro* sperm

## ▶ Joint Research Meeting

## 研究会



「研究会」とは、国立遺伝学研究所内外の研究者からの申込みに基づき、国立遺伝学研究所内外の比較的少人数で実施する研究会です。各研究会では、活発な討論が行われています。

Based on the application from researchers inside or outside of NIG, Joint Research Meetings in small groups are held for information exchange and active discussion.

# List of Funded Proposals (NIG-JOINT)

## 共同研究 (A)

### 研究課題

- 1A2018 オーキシンデグロン法を用いた複製クランプPCNAの新規機能の解析  
2A2018 真核生物染色体分配複合体の構造と機能解析  
3A2018 オートファジー分解からのDNA逃避の解析  
4A2018 新規ゲム編集技術 CRISPR/Transposon gene integration (CRITGI) を使った様々な生物種でのタンパク発現システムの確立  
5A2018 真核生物におけるDNA複製開始とクロマチン制御の関わり  
6A2018 光合成能を喪失させた“藻類”における分裂制御メカニズムの解明に向けて  
7A2018 ミトコンドリアとリソソームの相互作用における分子メカニズムの解明  
8A2018 D1/D2ドーパミン受容体遺伝子操作マウスを用いた大脳基底核回路の運動調節と学習記憶機能の解明  
9A2018 ゼブラフィッシュの遺伝子トラップシステムを用いたlncRNAの機能解析  
10A2018 Screening for zebrafish transgenic lines for in vivo studies of cardiovascular development and disease  
11A2018 Dissecting the hindbrain oculomotor circuit in zebrafish  
12A2018 Identification of novel promoters for vision research  
13A2018 Screening and Characterization of Novel Liver Transgenic Lines in Zebrafish  
14A2018 Identification of novel transgenic zebrafish lines to understand digestive system function  
15A2018 Functional study of tissue-specific genes during embryonic development  
16A2018 Measuring the metabolic cost of ion regulation and chemoreception in zebrafish  
17A2018 てんかん脳の神経活動イメージング  
18A2018 オーストリック民族の起源・民族移動過程の検証：インドシナ半島・島嶼部間の少数民族を中心に  
19A2018 Analyses of rodent genomes for understanding mammalian genome evolution  
20A2018 メダカ科魚類における性的二型の多様化に関わる分子遺伝基盤の解明  
21A2018 発達段階および経験依存的に変化する鱗食魚の利きの遺伝的基盤  
22A2018 スラウェシ島のメダカにおける性染色体ターンオーバーの進化的役割  
23A2018 薬剤性難聴の遺伝的要因と発症機構の解明  
24A2018 増幅遺伝子のゲムDNAコピー数減少の分子機構解明  
25A2018 HLA-omicsに基づく薬剤副作用予防診断システムの構築  
26A2018 Transcriptome Profiling of Tobacco induced Oral Squamous Cell Carcinoma of South India using Next Generation Sequencing  
27A2018 シロイヌナズナ近縁種における転移因子の進化機構の解明  
28A2018 アサガオにおけるトランスポゾンのエピジェネティックな制御  
29A2018 シロイヌナズナ花成時における茎頂分裂組織での遺伝子発現ならびにヒストン修飾動態変化の解析  
30A2018 高温ストレス活性型レトロトランスポゾンのエピジェネティックな転移制御機構の解析  
31A2018 遺伝子様トランスポゾンGLTが喪失したトランスポゾン識別標識の探索  
32A2018 シロイヌナズナのトランスポゾンVANDAL21のDNAメチル化制御の解析  
33A2018 大脳皮質中間神経前駆細胞を介して分化するニューロンタイプの解析  
34A2018 造血系細胞における神経軸索ガイダンス因子Sema6bの機能解析  
35A2018 維管束植物の道管細胞の二次壁肥厚パターンを制御する分子機構の解明  
36A2018 モータータンパク質Myosin10が海綿骨量と身長を制御する機構の解明  
37A2018 micro-CTイメージングを用いたマウス骨形態の遺伝学的解析  
38A2018 日本産野生マウス由来コンソミックシステムを用いた、マウス肺腫瘍発生関連遺伝子のマッピング  
39A2018 様々な動物の体内に住むカイサン類の寄生生態に関する研究—X線CT装置によるアプローチ  
40A2018 減数分裂の誘導機構に関する研究  
41A2018 Notchシグナルの調節因子Tm2d3の機能  
42A2018 心筋分化機構の解析  
43A2018 マウスの系統差に着目した痒み過敏性の行動遺伝学解析  
44A2018 ノックアウトマウスを用いた新生仔の生理学的機能性における母乳中ケモカインの役割の検討  
45A2018 野生由来コンソミックマウス系統群を用いたアルコール嗜好性の遺伝子メカニズム解析  
46A2018 マウス順向遺伝学を用いた情動伝染にかかわる遺伝子の探索  
47A2018 聴覚過敏モデルマウスの聴覚機能の行動実験による解析  
48A2018 ガーナの巨大齧歯類グラスカッターの家畜化に向けたゲノム解析  
49A2018 琵琶湖固有魚ホンモロコシ生殖細胞の未分化維持, in vitro分化培養の開発  
50A2018 低線量放射線被曝がシロサケ孵化稚魚に及ぼす遺伝的影響  
51A2018 イネ胚乳におけるトランスポゾンの挙動  
52A2018 植物免疫制御ペプチドによるイネの成長制御に関する分子遺伝学的解析  
53A2018 イネ科植物の維管束細胞分化における転写制御ネットワークの解析  
54A2018 イネ胚乳発生機構に関する研究  
55A2018 イネにおける種子休眠・発芽制御の分子メカニズムの解明  
56A2018 大腸菌染色体の新奇分配因子CrfCダイナミンホモログのタイムラプス動態解析  
57A2018 バクテリアアクチンによる細胞極性制御機構の解析  
58A2018 DNA二本鎖切断修復に関与するRecN SMC様タンパク質の機能解析  
59A2018 細胞増殖とゲノム損傷応答のバランスのとれる仕組み  
60A2018 ショウジョウバエにおけるヒストンH3K36メチル化酵素の網羅的解析  
61A2018 温泉ガエル・リュウキュウカジガエルの高温耐性獲得に関わるゲノム変異の解明  
62A2018 小児の希少遺伝性疾患のゼブラフィッシュによる発症機序の解明  
63A2018 生細胞内における高次クロマチン構造の解析  
64A2018 HPIによる動的クロマチン構造変換の制御  
65A2018 微小重力環境におけるオルガネラ恒常性についての解析  
66A2018 細胞内オルガネラゾーンの解析  
67A2018 ショウジョウバエ視覚中枢において見られるカラム構造の超微細構造解析  
68A2018 細胞内小胞輸送に関するショウジョウバエ分子変異体の機能形態解析

### 研究代表者

- 九州大学 大学院理学研究院 高橋達郎  
東京理科大学 大学院基礎工学研究科 西野達哉  
静岡大学 理学部 丸丸敬史  
長崎大学 医学部共同利用研究センター 増本博司  
高知工科大学 環境理工学群 田中誠司  
京都大学 大学院人間・環境学研究所 神川龍馬  
琉球大学 研究基盤センター 八木沢英美  
新潟大学 脳研究所生命科学リソース研究センター 笹岡俊邦  
北海道大学 大学院薬学研究院 中川真一  
University of Madras, Department of Genetics B. Anandan  
Laboratoire Jean Perrin CNRS/UPMC Debregues Georges  
University of Sussex, School of Life Sciences Tom Baden  
University of Copenhagen, Novo Nordisk Foundation Center for Stem Cell Biology Elke Annette Ober  
Harvard University Jenna Sternberg  
Shanghai Institutes for Biological Sciences, Chinese Academy of Sciences Qing Jing  
University of Ottawa, Faculty of Science Steve Perry  
青山学院大学 理工学部 荻野一豊  
天理大学 国際学部 奥島美夏  
Southern University for Science and Technology Babarinde Isaac Adeyemi  
基礎生物学研究所 バイオリソース研究室 安齋 賢  
富山大学 大学院・医学薬学研究所(医学) 竹内勇一  
琉球大学 熱帯生物圏研究センター 山平寿智  
国立成育医療研究センター研究所 ゲム医療研究部 要 匡  
鹿児島大学 歯学総合研究科 古川龍彦  
金沢大学 医薬保健研究域医学系 細道一善  
University of Madras A.K. Munirajan  
京都産業大学 総合生命科学部 河邊 昭  
基礎生物学研究所 多様性生物学研究室 星野 敦  
東京大学 大学院理学系研究科 阿部光弘  
北海道大学 大学院理学研究院 伊藤秀臣  
東京大学 理学系研究科 藤 泰子  
東京大学 大学院理学系研究科 佐々木 卓  
大阪大学 大学院生命機能研究科 畠中由美子  
東京大学医科学研究所 先端医療研究センター 福山朋房  
奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科 大谷美沙都  
熊本大学 生命資源研究・支援センター 岡太郎  
理化学研究所 バイオリソースセンター 田村 勝  
香川大学 総合生命科学研究センター 宮下信泉  
鹿児島大学 大学院理工学研究科 上野大輔  
熊本大学 発生医学研究所 石黒啓一郎  
国際医療福祉大学 医学部 北川元生  
広島大学 大学院医歯薬保健学研究科 小久保博樹  
岡山大学 大学院自然科学研究科理学部附属臨界実験所 坂本浩隆  
静岡大学 学術院農学専攻 茶山和敏  
東京都医学総合研究所 依存性薬物プロジェクト 笠井慎也  
麻布大学 獣医学部 菊水健史  
長岡技術科学大学 生物機能工学専攻 霧田 靖  
京都大学 野生動物研究センター 村山美穂  
立命館大学 薬学部 高田達之  
東北大学 大学院農学研究科 中嶋正道  
横浜市立大学 木原生物学研究所 木下 哲  
奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科 西條雄一  
奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科 出村 拓  
名古屋大学 生物機能開発利用研究センター 服部束穂  
静岡大学 理学部 木崎暁子  
九州大学 大学院薬学研究院 片山 勉  
立教大学 理学部・生命理学科 塩見大輔  
学習院大学 理学部 妻田 卓  
京都大学 放射線生物研究センター 古谷寛治  
千葉大学 理学部 浦 聖恵  
広島大学 両生類研究センター 井川 武  
大阪母子医療センター研究所 代謝部門 岡本伸彦  
東京大学 定量生命科学研究所 胡桃坂仁志  
基礎生物学研究所 クロマチン制御研究部門 中山潤一  
東京女子医科大学 看護学部 榊 潤二郎  
立教大学 理学部・生命理学科 後藤 聡  
金沢大学 新学術創成研究機構 佐藤 純  
東邦大学 理学部 菅根雅紀

## 研究課題

- 69A2018 ヒメイカ神経系の電子顕微鏡解析  
 70A2018 クラゲ類の環境変化にตอบสนองした表現型シフトの機能形態解析  
 71A2018 神経過興奮に対する神経保護にシナプス前終末のミトコンドリアが果たす役割  
 72A2018 神経細胞の分化におけるAptの機能に関する解析  
 73A2018 動脈硬化抑制に寄与する核内受容体の標的因子の網羅的探索  
 74A2018 比較ゲノム解析によるピフィス菌の機能性の解析  
 75A2018 新規細胞タイプ登場の進化メカニズム  
 76A2018 ハプロタイプを区別したゲノムアセンブラの開発  
 77A2018 大腸菌高速増殖変異株のゲノム解析  
 78A2018 豊長類ゲノム難読領域の構造解析  
 79A2018 コキノシタ科チャルメルソウ属の比較ゲノム解析による適応進化・種分化メカニズムの解明  
 80A2018 Xenopus属における異質四倍体化後に生じるサブゲノムの進化に関する解析  
 81A2018 日本産ゲンジおよびヘイケボタルのゲノム解析と遺伝子の地域間比較による多様性解析  
 82A2018 イネの栽培化関連遺伝子の機能解析  
 83A2018 イネにおける葉の表皮構造の遺伝的制御機構の解析  
 84A2018 イネの花粉成熟過程における葯パート細胞のプログラム細胞死・オートファジー・活性酸素シグナル制御機構の解明  
 113A2018 クロマチン制御複合体の質量分析解析  
 114A2018 イネの花粉形成に重要なカロール合成遺伝子の解析  
 115A2018 基本転写因子制御による新規難治性癌抑制戦略の確立  
 116A2018 神経疾患モデルの病態に対するWgシグナルの効用  
 117A2018 Shelf-screen for Gal4 transgenic zebrafish with otic-specific expression  
 118A2018 Divergent Functions of Agr2 in Wound Repair and Appendage Regeneration  
 119A2018 Exploring apoptotic and non-apoptotic control of caspases in *Drosophila*

## 研究代表者

- 北海道大学 理学研究院 田中暢明  
 東北大学 学際科学フロンティア研究所 中嶋悠一郎  
 首都大学東京 理工学研究所 安藤香奈絵  
 中国山東農業大学 発育遺伝学研究室 劉 慶信  
 福山大学 薬学部 松岡浩史  
 東京農業大学 生物産業学部 遠藤明仁  
 筑波大学 生命環境系 和田 洋  
 東京工業大学 生命理学院 伊藤武彦  
 北海道大学 大学院理学研究院化学部門 北原 圭  
 国立成育医療研究センター グノム医療研究部 黒木陽子  
 国立科学博物館 植物研究部 奥山雄大  
 東京大学 大学院理学系研究科 平良真規  
 鹿児島大学 学術研究院 加藤太郎  
 神戸大学大学院 農学研究科 石井尊生  
 東京大学 大学院農学生命科学研究科 伊藤純一  
 東京理科大学 理工学部 朽津和幸  
 名古屋市立大学 大学院システム自然科学研究科 田上英明  
 秋田県立大学 生物資源科学部 上田健治  
 京都大学 大学院医学研究科 長久保靖彦  
 東京工業大学 生命理学院 鈴木崇之  
 University of Alberta, Faculty of Biological Sciences Andrew Waskiewicz  
 University of Miami, Department of Biology Sandra Rieger  
 King's College London Darren William Williams

## 共同研究 (B)

## 研究課題

- 85B2018 精製タンパク質を用いた再現実験から探索する複製フォーク停止機構  
 86B2018 脳梁投射細胞の自発活動と軸索投射発達のイメージング技術の確立  
 87B2018 イトヨの鰓における浸透圧調節遺伝子の発現調節メカニズムの解析  
 88B2018 国立遺伝学研究所所蔵の野生イネレガシーデータを用いたゲノムワイド関連解析

## 研究代表者

- 埼玉医科大学 中央研究施設RI部門 日詰光治  
 鹿児島大学 大学院医歯学総合研究科 田川義晃  
 静岡大学 理学部 日下部 誠  
 東京大学 大学院農学生命科学研究科 鐘ヶ江弘美

## 国際共同研究

## 研究課題

- 89I2018 Identification of facial epithelial-specific Gal4 transgenic fish  
 90I2018 Identification of retinal cell subtypes in zebrafish  
 91I2018 Functional analysis of *SCUTELLUM LESS 1* gene for maize and rice embryogenesis  
 92I2018 Engineering and analysis of ABC transporter genes in *Drosophila*  
 93I2018 Spatial organization of organelles: from theoretical models to analytic tools

## 研究代表者

- Gyeongsang National University Chong Pyo Choe  
 King's College London Robert Hindges  
 University of Florida Masaharu Suzuki  
 University of Massachusetts Amherst Michele Markstein  
 University of Extremadura Ángel-Carlos Román

## 研究会

## 研究課題

- 94R2018 自然界の生物種間における遺伝情報の多様性をもたらす“DNA水平伝播”の解析と活用法  
 95R2018 生命科学系フロンティアミーティング2018  
 96R2018 哺乳類脳の機能的神経回路の構築メカニズム  
 97R2018 DNAからみたヒトの進化  
 98R2018 理論分子進化学の新機軸  
 99R2018 マクロ生態学と遺伝学の融合  
 100R2018 転移因子と宿主の相互作用による生命機能と進化  
 101R2018 マウス遺伝学・温故知新  
 102R2018 遺伝要因と環境要因の相互作用による行動決定のメカニズム  
 103R2018 イネ分子遺伝学の飛躍  
 104R2018 イネ遺伝学分子生物学ワークショップ  
 105R2018 単細胞生物における細胞装置の機能と連携  
 106R2018 ゲノムの維持継承を支える分子基盤の包括的理解とその発展  
 107R2018 クロマチン・細胞核の動的構造変換とゲノム機能制御  
 108R2018 線虫研究の未来を考える会  
 109R2018 流れと澁みを語る会2018  
 110R2018 生命情報データの拡大と分子進化研究の進展  
 111R2018 微生物生態から見てくる新しい生理機能とその応用  
 112R2018 研究プレゼンテーション研究会：遺伝研メソッドとその先

## 研究代表者

- 東京工業大学 生命理学院 金子真也  
 筑波大学 医学医療系 尾崎 遼  
 国立遺伝学研究所 神経回路構築研究室 岩里球治  
 金沢大学 医薬保健研究域医学系 田嶋 敦  
 名古屋市立大学 大学院システム自然科学研究科 鈴木善幸  
 東京工業大学 生命理学院 田中幹子  
 名古屋大学 大学院生命農学研究科 一柳健司  
 国立遺伝学研究所 哺乳動物遺伝研究室 高田豊行  
 東京農業大学 生命科学部 喜田 聡  
 東京大学 大学院農学生命科学研究科 伊藤純一  
 名古屋大学 大学院生命農学研究科 中園幹生  
 京都大学 ウイルス・再生医科学研究科 秋山芳展  
 京都大学 放射線生物研究センター 古谷寛治  
 基礎生物学研究所 クロマチン制御研究部門 中山潤一  
 関西学院大学 理工学部 西脇清二  
 名古屋大学 医学系研究科 宮田卓樹  
 名古屋大学 大学院情報科学研究科 太田元規  
 筑波大学 高細精医療イノベーション研究コア 大津敏生  
 国立遺伝学研究所 リサーチ・アドミニストレーター室 広海 健

共同研究先	研究課題（研究題目）	研究代表者	契約期間
協和発酵キリン株式会社 株式会社モノクローナル抗体研究所 Genome Research Limited	トランスポソンの哺乳動物細胞への応用に関する研究 モノクローナル抗体によるクロマチン修飾解析法の評価 Synthetic growth and lethal screenings with the loss of MCM8/9 using CRISPR/Cas9	発生遺伝学研究室 教授 川上浩一 先端ゲノミクス推進センター 特任教授 藤山秋佐夫 分子細胞工學研究室 教授 鐘巻将人	'18.01.01~'19.03.31 '16.04.01~'19.03.31 '16.09.20~'19.09.20
ファイメクス株式会社 大日本住友製薬株式会社 トヨタ自動車株式会社 三菱ケミカル株式会社 名古屋大学・大日本住友製薬株式会社 産業技術総合研究所・三菱ケミカル株式会社 東京大学・三菱ケミカル株式会社 味の素株式会社	Auxin Inducible Degron (AID) 技術の in vivo 応用研究 AID 技術の膜蛋白への応用 居住環境中における微生物のヒト心身への影響の研究 工業廃水処理汚泥のメタゲノム解析 腸内細菌とパーキンソン病との関係を検討する共同研究 活性汚泥高効率運用に向けた基盤研究 活性汚泥高効率運用に向けた基盤研究 味の素株式会社に設置されているサーバーへの MicrobeDB.jp システムの実装に向けた研究	分子細胞工學研究室 教授 鐘巻将人 分子細胞工學研究室 教授 鐘巻将人 ゲノム進化研究室 教授 黒川 頌 ゲノム進化研究室 教授 黒川 頌 ゲノム進化研究室 教授 黒川 頌 ゲノム進化研究室 教授 黒川 頌 ゲノム進化研究室 教授 黒川 頌	'18.04.01~'20.03.31 '19.01.18~'20.01.17 '18.07.01~'19.06.30 '18.11.14~'19.03.31 '17.09.07~'19.03.06 '18.06.01~'19.03.31 '18.05.01~'19.03.31 '19.02.04~'19.09.30
大日本住友製薬株式会社	野生由来 MSM マウス及びその他遺伝的変異マウス (JF1) を用いた中枢性薬剤の薬理評価	マウス開発研究室 准教授 小出 剛	'18.03.01~'19.02.28
アニコム先進医療研究所株式会社 DIC 株式会社 かずさDNA 研究所・株式会社ツムラ 理化学研究所 理化学研究所・神戸医療産業都市推進機構・名古屋大学・横浜国立大学 海洋研究開発機構 東北大学東北メディカル・バンク機構	人に対する懐きと攻撃行動に関わる遺伝領域の同定 耐熱耐酸フィコシアニン高産生藻株作出に関する研究 メタボロームによる生薬効能に関する研究 形態異常を示す各種突然変異マウスの解析 野生由来系統を用いた老化関連遺伝子機能の解明 環境影響評価・修復法の開発へ向けた環境メタゲノム解析 ゲノム情報などの機微性が高い情報の震災に備えたバックアップの研究	マウス開発研究室 准教授 小出 剛 共生細胞進化研究室 教授 宮城島進也 生命ネットワーク研究室 教授 有田正規 哺乳動物遺伝研究室 教授 城石俊彦 哺乳動物遺伝研究室 教授 城石俊彦 比較ゲノム解析研究室 特任教授 豊田 敦 データベース運用開発研究室 教授 高木利久	'18.06.01~'19.03.31 '18.07.01~'19.06.30 '18.04.01~'21.03.31 '08.04.01~'19.03.31 '18.04.01~'19.03.31 '14.04.01~'19.03.31 '14.08.01~'19.03.31
残留農業研究所	毒性試験に用いる実験動物の遺伝的基盤整備：近交系マウスを用いたステロイドホルモンに対する感受性を修飾する遺伝子群の解析	マウス開発研究室 准教授 小出 剛	'17.04.01~'19.03.31
静岡がんセンター	点突然変異のあるヒト p53 遺伝子を保有する遺伝子改変マウスの作出	マウス開発研究室 准教授 小出 剛	'18.08.01~'19.03.31
理化学研究所 がん研究会がん研究所 北海道大学	D1x 遺伝子変異が社会性行動に及ぼす影響の解析 細胞老化の生体内における機能解析 骨細胞特異的アルカリフォスファターゼ、ENPP1 過剰発現マウス骨組織における組織学的検索	マウス開発研究室 准教授 小出 剛 発生工學研究室 教授 相賀裕美子 発生工學研究室 教授 相賀裕美子	'18.11.01~'21.03.31 '17.09.01~'18.08.31 '18.01.20~'19.03.31
慶應義塾大学 京都大学 iPS 細胞研究所 京都大学 iPS 細胞研究所	腸管上皮幹細胞の制御機構における味覚受容体の役割 赤芽球分化におけるクロマチン構造解析 iPS 細胞及びヒト iPSC を用いた筋萎縮性側索硬化症の研究	発生工學研究室 教授 相賀裕美子 ゲノムダイナミクス研究室 教授 前島一博 発生遺伝学研究室 教授 川上浩一	'18.04.01~'19.03.31 '18.02.16~'21.03.31 '18.02.01~'21.01.31
Konkuk University	Molecular analysis of seed dormancy and germination in wild species of rice	植物遺伝研究室 教授 佐藤 豊	'18.01.01~'20.12.31
奈良先端科学技術大学院大学・東京工業大学	イネ種子微生物叢を介した種子形質及び微生物共生の制御基盤構築	植物遺伝研究室 教授 佐藤 豊	'18.04.01~'21.03.31
創価大学 岡山理科大学 九州大学	光ファイバを用いた根圏ケミカルセンサーの研究開発 AID 技術に必要な化合物開発 味細胞 - 味神経可塑的マッピング機構の解明	生命ネットワーク研究室 特任教授 櫻井 望 分子細胞工學研究室 教授 鐘巻将人 発生工學研究室 教授 相賀裕美子 助教 安島理恵子	'18.06.01~'19.03.31 '19.01.18~'20.03.31 '19.01.04~'20.03.31
株式会社ヤクルト	生後2年間の腸内フローラ構成および機能の動的変化の解析	ゲノム進化研究室 教授 黒川 頌	'19.03.01~'22.03.31

# Commissioned Research

委託者	研究課題（研究題目）	研究代表者	契約期間
科学技術振興機構 科学技術振興機構	ゲノム折り畳み・転写動態のイメージングと転写モデルの検証 包括的1細胞トランスクリプトーム解析と組織多様性のパイオンフオマティクス	ゲノムダイナミクス研究室 教授 前島一博 遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂	'15.10.01~'20.03.31 '15.10.01~'20.03.31
科学技術振興機構 科学技術振興機構	ゲノム解析アプリケーション技術に関する研究 DNA メチル化変動のゲノムワイド解析を中心としたエピゲノム頑健性の理解と設計基盤の構築	生命情報・DDBJセンター 特任教授 小笠原 理 エピゲノム研究室 教授 角谷徹仁	'15.10.01~'20.03.31 '15.12.01~'20.03.31
科学技術振興機構	植物のタンパク質分解系を応用した高機能RNAウイルスベクター遺伝子操作・細胞改変技術の開発	分子細胞工學研究室 教授 鐘巻将人	'17.10.01~'19.03.31
科学技術振興機構	植物免疫のエピジェネティック制御機構の解明とその人為的制御	エピゲノム研究室 助教 稲垣宗一	'17.10.01~'20.03.31
科学技術振興機構 科学技術振興機構 科学技術振興機構 科学技術振興機構 科学技術振興機構 科学技術振興機構 科学技術振興機構 科学技術振興機構	ヒトゲノム多型・変異データベースの拡充 MicrobeDB.jp の実用化に向けた研究開発と運用 弱酸性海水を用いた微細藻類培養系及び利用系の構築 物質循環を考慮したメタボロミクス情報基盤 単細胞紅藻シジミ類の機能性食品・飼料としての開発 根圏ケミカルワールドの解明と作物頑健性制御への応用 ショウジョウバエ染色体工學による超巨大DNAや大規模遺伝子回路の構築法	人類遺伝研究室 教授 井ノ上逸朗 ゲノム進化研究室 教授 黒川 頌 共生細胞進化研究室 教授 宮城島進也 生命ネットワーク研究室 教授 有田正規 共生細胞進化研究室 教授 宮城島進也 生命ネットワーク研究室 特任教授 櫻井 望 無脊椎動物遺伝研究室 助教 近藤 周	'17.04.01~'20.03.31 '17.04.01~'20.03.31 '17.11.01~'20.03.31 '18.04.01~'20.03.31 '18.10.01~'19.03.31 '18.06.01~'20.03.31 '18.10.01~'20.03.31

委託者	研究課題 (研究題目)	研究代表者	契約期間
日本医療研究開発機構	病原体による宿主脂質ハイジャック機序の解明と創薬への応用	生命ネットワーク研究室 教授 有田正規	'17.04.01~'19.03.31
日本医療研究開発機構	細胞核のマイクロメカニクスと機械受容メカニズムの解明	定量メカバイオロジー研究室 准教授 島本 勇太	'17.04.01~'19.03.31
日本医療研究開発機構	ヒトマイクロバイオーム研究開発支援拠点の形成	比較ゲノム解析研究室 特任教授 豊田 敦	'17.10.01~'19.03.31
日本医療研究開発機構	モデル動物等研究コーディネーティングネットワークによる希少・未診断疾患の病因遺伝子変異候補の機能解析研究	人類遺伝研究室 教授 井ノ上逸朗	'17.11.14~'19.03.31
名古屋市立大学 (日本医療研究開発機構)	次世代シーケンシングデータの解析とアノテーション	遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂	'17.04.01~'19.03.31
理化学研究所 (日本医療研究開発機構)	生体試料を用いた大規模機能ゲノム解析による創薬等支援及び技術基盤の整備 (高度化)	遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂	'17.04.01~'19.03.31
名古屋大学 (日本医療研究開発機構)	ゲノム不安定性疾患データベースの構築	大量遺伝情報研究室 教授 中村保一	'17.04.14~'19.03.31
京都大学 (日本医療研究開発機構)	成熟個体の機能低下を起こす栄養履歴の特性の追求ならびに老化マーカーの探索	生命ネットワーク研究室 特任准教授 櫻井 望	'18.06.01~'19.03.31
京都大学 (日本医療研究開発機構)	ヒトサンプルおよび食品成分のメタボロームデータの統合的解析によるマクロ栄養素摂取量に関するバイオマーカーの開発	生命ネットワーク研究室 特任准教授 櫻井 望	'18.06.01~'19.03.31
農業・食品産業技術総合研究機構	魚類において生殖系幹細胞を皮下移植して卵を得る技術の開発	小型魚類遺伝研究室 准教授 酒井則良	'17.08.23~'19.03.31
学校法人慶應義塾 (日本医療研究開発機構)	真に個別患者の診療に役立つ領域横断的に高い拡張性を有する変異・多型情報データベースの創成	生命情報・DDBJセンター 特任准教授 小笠原 理	'18.12.28~'19.03.31
日本学術振興会	シングルセルゲノミクスによる中枢神経原発リンパ腫の分子病態理解	人類遺伝研究室 教授 井ノ上逸朗	'17.04.01~'19.12.31
日本学術振興会	インド・日本脳動脈瘤患者における感受性領域9p21のゲノムおよびエピゲノム解析	人類遺伝研究室 教授 井ノ上逸朗	'17.06.01~'19.01.31
理化学研究所	ヘテロジニアス・メニーコア計算機による大規模計算科学 (ゲム解析)	ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕	'17.11.10~'19.03.31
バイオ産業情報化コンソーシアム	スキル標準の指標に基づく社会人向け教育講座の開発	生命ネットワーク研究室 教授 有田正規	'18.09.03~'19.02.25
三菱ケミカル株式会社	工業廃水処理汚泥のメタゲノム解析	ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕	'18.11.14~'19.03.31
農業・食品産業技術総合研究機構	食を通じた健康システムの確立による健康寿命の延伸への貢献	ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕	'18.11.09~'19.03.31
農業・食品産業技術総合研究機構	バイオ・デジタルデータ統合流通基盤の構築	生命ネットワーク研究室 特任准教授 櫻井 望	'18.11.07~'19.03.31
株式会社イワキ	新規タンクアッセイなどに利用される行動解析装置の委託研究	ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕	'18.04.01~'19.03.31

## 2018年度 科学技術人材育成費補助金

事業名	事業実施センター責任者	事業実施期間
文部科学省 テニュアトラック普及・定着事業	新分野創造センター センター長 相賀裕美子 '15.08.06~'18.12.31 センター長 澤 育 '19.01.01~	'15.08.06~'19.03.31

## 2018年度 医療研究開発推進事業費補助金

### ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP)

研究課題 (研究題目)	課題管理者	研究期間
日本医療研究開発機構 日本医療研究開発機構 イネ属遺伝資源の利活用高度化プロジェクト	植物遺伝研究室 教授 佐藤 豊	'18.4.1~'19.3.31
日本医療研究開発機構 日本医療研究開発機構 モデル原核生物 (大腸菌・枯草菌) リソースの維持、拡充と利用促進	微生物機能研究室 教授 仁木宏典	'18.4.1~'19.3.31
日本医療研究開発機構 日本医療研究開発機構 ショウジョウバエ遺伝資源の戦略的収集・維持管理および提供	無脊椎動物遺伝研究室 教授 齋藤都暁	'18.4.1~'19.3.31
日本医療研究開発機構 日本医療研究開発機構 ゼブラフィッシュの収集・保存および提供 (トランスジェニックゼブラフィッシュ系統及び近交系ゼブラフィッシュの収集・保存及び提供)	発生遺伝学研究室 教授 川上浩一	'18.4.1~'19.3.31
日本医療研究開発機構 日本医療研究開発機構 情報発信体制の整備とプロジェクトの総合的推進	系統情報研究室 准教授 川本祥子	'18.4.1~'19.3.31
日本医療研究開発機構 日本医療研究開発機構 有用ゼブラフィッシュ系統のゲノム情報整備による高品質化	発生遺伝学研究室 教授 川上浩一	'18.7.1~'19.3.31
日本医療研究開発機構 日本医療研究開発機構 ショウジョウバエ・ゲノム編集系統の配列情報整備	無脊椎動物遺伝研究室 教授 齋藤都暁	'18.7.1~'19.3.31
日本医療研究開発機構 日本医療研究開発機構 薬理・生理・病理学研究に適した大型カイコ実験系統のゲノムリサーチエンシング (Sequel・Illumina両システムを用いたカイコと野蚕のゲノム解析)	比較ゲノム研究室 特任教授 豊田 敦	'18.7.1~'19.3.31
日本医療研究開発機構 日本医療研究開発機構 ロングリードを用いたキク属モデル系統のゲノム解析 (キク属モデル系統の配列決定とアセンブリ解析)	比較ゲノム研究室 特任教授 豊田 敦	'18.7.1~'19.3.31
日本医療研究開発機構 日本医療研究開発機構 野生イネ遺伝資源へのゲノム編集技術適用のための基盤技術整備	植物遺伝研究室 教授 佐藤 豊	'18.4.1~'19.3.31
日本医療研究開発機構 日本医療研究開発機構 系統保存の高信頼性を可能にする基盤技術整備	無脊椎動物遺伝研究室 助教 近藤 周	'18.4.1~'19.3.31
日本医療研究開発機構 日本医療研究開発機構 マウスの監視微生物ゲノム情報整備 (マウス病原細菌のゲノム配列決定と寄生原虫のRNA-seq解析)	比較ゲノム研究室 特任教授 豊田 敦	'18.7.1~'19.3.31

# International Activities

## 国際交流



### ■ 国際交流・国際連携の強化のための活動

国立遺伝学研究所では国際交流や国際連携をさらに強化させるために様々な活動を行っています。「遺伝研共同研究」の制度では、2015年に国際共同研究のための新たな枠を作り、積極的に国外からの研究者を受け入れています。生物遺伝資源事業においても、提供しているリソースの約40%が国外の研究機関宛です。近年では機構の国際ネットワーク形成・MOU推進プロジェクトを活用して、将来有望な国際共同研究にむけた国際交流の支援を行ってきました。その成果として、過去5年間に7件の国際交流協定が締結されました。

また、日本の研究者コミュニティのグローバル化を支援するために、科学英語教育プログラム「遺伝研メソッド」を開発し、その普及をめざした活動を行っています。このような活動や取り組みを通じ、国際研究コミュニティ全体の研究力強化に貢献しています。

### ■ Activities toward international cooperations

NIG conducts various programs to support the entire scientific community and to strengthen interactions among researchers worldwide. The “NIG-Joint” collaboration grant includes a special program to support visitors from abroad. Among the genetic strains resources that NIG develops and provides to the community, more than 40% are sent to researchers outside Japan. NIG has supported many workshops aimed towards promising international collaborations and cooperations in the future. Enhancing scientific communication skills is another way that NIG contributes to promote international collaborations. NIG has developed an educational curriculum for effective scientific presentation - called the “NIG Method” - and disseminates this methodology to aid globalization of the scientific community.



### ■ 国際シンポジウム

国立遺伝学研究所は、国内外の最先端の研究を推進している研究者と交流し、研究の発展に資することを目的に、毎年さまざまな分野の国際シンポジウムを主催しています。2018年は、近年の生物学におけるゲノム編集技術の革新的な発展を鑑みて、“国立遺伝学研究所国際シンポジウム2018 Genome Editing and Functional Genomics (ゲノム編集と機能ゲノム学)”を開催しました。国外6名、国内3名の招待講演者と遺伝研研究者6名が最新の研究成果について講演し、活発な質疑応答が行われました。また学生、ポスドクから若手研究者によるポスターセッションが併設して行われ、ポスターの前での活発な議論を通して招待講演者らとの交流が行われました。

#### シンポジウムウェブサイト:

<http://kawakami.lab.nig.ac.jp/sympo2018/index.html>

- 会期: 2018年7月4-5日
- 場所: 三島市民文化会館 (三島)

### ■ NIG International Symposium

Every year National Institute of Genetics (NIG) organizes an international symposium of various fields of biology and genetics to promote research and academic interactions among researchers from NIG, Japan, and all over the world. In 2018, due to the innovative development of genome editing technology in recent years, "International Symposium of NIG 2018 Genome Editing and Functional Genomics" was held. 6 international and 3 domestic invited lecturers and 6 NIG researchers gave lectures on their latest research, and active question and answer sessions took place. In addition, a poster session by young researchers including students and postdocs was held jointly, and interactions with invited speakers were held through active discussions in front of the posters.

#### Symposium website:

<http://kawakami.lab.nig.ac.jp/sympo2018/index.html>

- Date: July 4-5, 2018
- Venue: City Hall of Mishima



### ■ 英語での研究・生活のサポート

遺伝研の国際的な研究環境を整備・発展させるために、国際化推進委員会が様々な活動を行っています。国外出身の研究者・留学生が言葉の壁を感じることなく研究に専念できるよう、国際化推進ヘルプデスクが来日前のビザ申請から、来日後の事務手続き、住居探しや三島エリアの生活情報の提供に至るまで、幅広いサポートを提供しています。また、日本語の無料レッスンも行っています。



### ■ Support for International Researchers

NIG is committed to support international researchers so that they can dedicate themselves to research in a stimulating but yet unfamiliar environment. New international NIG members will receive assistance from the NIG Internationalization Promotion Committee with their initial move to Japan – and throughout their stay at NIG / SOKENDAI. The support includes help in visa applications, administrative procedures upon relocation/employment, flat hunting and medical care. We will also provide useful information of the area to enrich your academic and personal life in Mishima. Free Japanese lessons are offered to those who wish to learn Japanese language.

For more details, visit Committee web page:

<https://www.nig.ac.jp/jimu/soken/info-int/Support.html>

Please contact the English Help Desk with any inquiries:

[info-int@nig.ac.jp](mailto:info-int@nig.ac.jp)

### International Researchers in NIG 国外出身の研究者の研究課題

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

Project Researcher 特任研究員  
TA, Kim Nhung  
タ キム ニュング

Genome wide association study on seed traits in wild species of rice  
野生イネが示す種子関連形質のゲノムワイドアソシエーション解析

Plant Genetics Laboratory  
植物遺伝研究室

Project Researcher 特任研究員  
LEE, Kyungbun  
李 慶範

Reception and quality control of the massive submissions at DDBJ  
DDBJにおける塩基配列大量登録情報の受入対応と高水準化

Bioinformation and DDBJ Center  
生命情報・DDBJセンター

Project Researcher 特任研究員  
CONSTANCE, William Duncan  
コンスタンス ウィリアム ダンカン

Exploring the role of insulin signaling in control of neuron size and its relationship with rare disease  
ニューロンサイズの制御におけるインシュリンシグナル経路の役割解明と希少疾患との関連に関する研究

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

Project Researcher 特任研究員  
KAWASHIMA, Kent Diel  
カワシマ ケント ディエル

High resolution population genomic analysis methods  
高解像度な集団遺伝学的解析手法の開発

Evolutionary Genetics Laboratory  
進化遺伝研究室

Project Researcher 特任研究員  
SUNDARAMOORTHY, Revathi Devi  
スンドラムルティー レバティ デビ

Model organism research on rare genetic diseases  
モデル生物を用いた希少疾患のメカニズム解析

Human Genetics Laboratory  
人類遺伝研究室

# Activities and Events for Research Promotion

## 研究を促進するための活動と行事

### ▶ Activities for Research Promotion

研究を促進するための活動



NIG Colloquium  
内部交流セミナー



Biological Symposium presented by Dr. HENSCH, Takao K  
バイオロジカルシンポジウム Dr. HENSCH, Takao K講演

#### ■ 内部交流セミナー

研究所内における研究成果を発表し、討論する会で、毎週金曜日に開かれます。教員による発表の他、D5プログレスレポートとして博士課程5年生の研究紹介の場としても利用されています。

#### ■ バイオロジカルシンポジウム

先端の研究を行っている国内外の研究者を研究所に招き、講演討論を行います。幅広い分野の優れた講演が年間約70回行われています。

#### ■ NIG Colloquia

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

#### ■ Biological Symposia

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

### ▶ Events

行事



Open House on April 6, 2019  
一般公開 2019年4月6日



Public Lecture Presented by Dr. KAWAMOTO, Shoko  
公開講演会 川本祥子 准教授講演

#### ■ 研究所の一般公開

科学技術週間における行事の一環として、毎年4月上旬に各研究部門の展示や学術講演を行い、研究所の一部を一般の方々に公開しています。

#### ■ 公開講演会

年1回、東京地区を中心に本研究所教員を講師として、一般の方々を対象に遺伝学公開講演会を開催しています。

国立遺伝学研究所 2018年度の公開講演会

● 講演タイトル

遺伝情報を受け継ぐしくみ／村山泰斗 准教授

研究を支える生き物・情報・ヒト／川本祥子 准教授

#### ■ Open House

As one of the events of the Science and Technology Week, NIG opens its grounds and facilities to the public. Visitors attend exhibits and special lectures as well as enjoying cherry blossoms in the campus.

#### ■ Public Lecture

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



この博物館は、1999年に国立遺伝学研究所の創立50周年を記念して、遺伝学の研究の中身を、わかりやすく、楽しく知っていただけるようにと企画して作ったものです。2009年、創立60周年にあたり、構成を一新するとともに、時代の流れに則した内容を新たに付け加えました。

新聞やニュースなどで、「遺伝子」、「DNA」、「ゲノム」といった言葉が毎日のように流れています。いまや、遺伝学の研究は専門家だけに任せておいてはいけな時代、沢山の方が理解して判断を迫られる時代となっているのです。この「遺伝学電子博物館」では、学生・学校の先生・ジャーナリストだけでなく、科学の研究に興味のある多くの方々に向けて、遺伝学についての正確な情報を提供しています。では、少しでも中身を紹介しましょう。

### ■ 遺伝学の歴史 …… メンデルから現代まで

昔から「子は親に似る」ということわざがあるように、親子、兄弟は何となく顔や姿が似ていることは疑う余地がありません。遺伝現象の研究が近代科学として成立したのは、オーストリアの修道院の牧師であったメンデルが重要な遺伝の法則を発見したことから始まります。

### ■ 進化と遺伝 …… 生きものはどこから来たか

科学としての進化論は、C. ダーウィンが1859年に『種の起原』を発表したことから始まりました。ダーウィンは遺伝の原理を知りませんでしたので、自然淘汰の機構について充分説明できず大変悩んだようです。1968年、木村資生が提唱した中立説に始まり、分子レベルで進化を考えることが始まりました。

### ■ 分子遺伝学 …… DNAの視点から生命を考える

1953年、X線を使ってDNAの二重らせん構造が発見されました。そこには遺伝情報を正確に子孫に伝え、体のかたちを作り、生命活動を行う精巧な仕組みが秘められていました。近年活発なゲノムプロジェクトについてもご紹介します。

### ■ 生物種の遺伝学 …… いろんな生物のゲノム研究

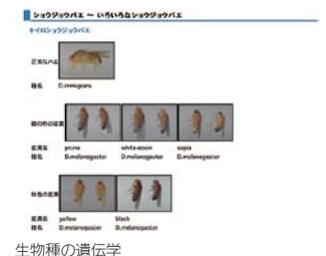
ゲノムプロジェクトにより、生命現象の基本プログラムの詳細な姿を明らかにするための基礎となる「情報」が日々蓄積されています。それらは、ゲノムの構造と密接に関連した生物情報知識ベースとしてコンピュータ化され、バイオサイエンス研究の基盤情報として広く使われているのです。

### ■ マルチメディア資料館 生物・ザ・ムービー …… ムービーで見る分子の世界

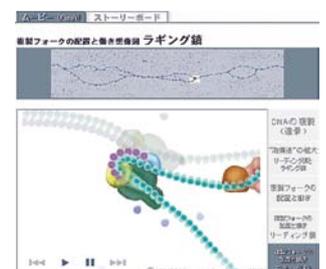
DNAが複製・転写・翻訳される様子を3Dのムービーにしました。RNAポリメラーゼの専門家とタンパク質の立体構造の専門家が製作に参加し、分子生物学の正確な知見を踏まえて作られています。

### ■ クイズ遺伝学 ゲノムアニメ劇場 电脑紙芝居 …… 楽しく遺伝学を知ろう!

ゲノムって何?オーダーメイド医療って?研究者はどんな考え方をしている?素朴な疑問にクイズやアニメで楽しみながら学べます。狙った遺伝子を破壊できるノックアウト技術を使ったマウスの研究の紹介アニメが新たに追加されました。



生物種の遺伝学



マルチメディア資料館：DNAの複製



生物・ザ・ムービー



ゲノムアニメ劇場

国立大学法人 総合研究大学院大学 生命科学研究所

## 遺伝学専攻

Department of Genetics

# SOKENDAI

国立遺伝学研究所（遺伝研）は、総合研究大学院大学（SOKENDAI）生命科学研究所 遺伝学専攻として、大学院生の教育を行っています。遺伝学を中核に多様な分野の研究が集積する優れた環境の中で、幅広い視野をもつ研究者を育成し、次世代の生命科学に貢献したいと考えています。5年一貫制博士課程と3年次編入学の2種類の課程があります。5年一貫制課程の対象者は大学卒業、または、それと同等の資格を有する方、3年次編入学の対象者は修士号取得者、または、それと同等以上の学力があると認められた方です。

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

National Institute of Genetics (NIG) functions as the Department of Genetics, SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies) and offers PhD programs in Genetics. Our 5-year program accepts those with a bachelor's degree or equivalent. Those with Master's degree or similar qualifications are also eligible to apply to our 3-year program. Our graduate programs provide interdisciplinary education with frequent seminars, journal clubs, and workshops on scientific writing and presentation. Highly qualified students can receive financial aid. For more information please visit the web site of our graduate program.

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



# Department of Genetics, School of Life Science, SOKENDAI

総合研究大学院大学 生命科学研究科 遺伝学専攻



## 遺伝研で学びませんか？

### ▶ SOKENDAI

### 遺伝学専攻の特色

#### ■ 質の高い研究

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

#### ■ 少人数教育

遺伝研では、教授も准教授もそれぞれ独立の研究室を組織して研究を行っています。各研究室の構成員は10人前後と小規模ですので、教員と頻繁な密度の濃い議論が可能です。博士課程の大学院生1人あたりの教員数は2.08人であり、大学院大学ならではの非常に恵まれた研究教育環境であるといえます。

#### ■ High Quality Research

United under the term “Genetics”, graduate students at NIG continue to expand the frontiers of life sciences in molecular and cell biology, development, neurosciences, evolution, structural biology and bioinformatics. The quality of NIG research is evident from the frequent citations of papers published from the institute and the high funding rates for our grant proposals. NIG houses tremendous resources for basic research in life sciences, such as the well-established DNA database (DDBJ), an extensive collection of natural variants and mutant strains of various model organisms, and state of the art research equipments.

#### ■ Small Lab Size

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





### ■ 多彩な授業と豊富なセミナー

遺伝学専攻では、生命科学をはじめとする様々な分野について基礎から最先端まで学べます。基礎的知識の教授と議論が中心の授業を併設し、原著論文を批判的に読み、ディスカッションすることを通して「考える力」や「討論する力」を育てることを重視しています。遺伝研で行われる授業だけでなく、遠隔講義システムを活用して他の専攻で実施されている幅広い分野の授業に参加することも可能です。また、英語による口頭発表や論文作成など、成果発表のための実践的技術を身につけるための授業も行っています。遺伝研では、多岐分野にわたるセミナーが頻繁に開催されています。週1度の所内演者による内部交流セミナーに加えて、国内外の著名研究者を招いたバイオリジカルシンポジウムが毎週のように開かれ、活発な論議が行われています。セミナー演者と大学院生との昼食会に参加すれば、あこがれの研究者と実際に会って個人的に話をすることができます。

### ■ 複数教員による教育制度

遺伝学専攻は、「一人一人の大学院生を全教員で指導する」という理念のもとに大学院教育を行っています。もちろん各大学院生はそれぞれ一人の指導教員のもとでその研究グループに所属して研究を行います。それを補う形で、複数教員の指導によるユニークな「生命科学プログレス制度」を実施しています。この制度は、「各々の学生が選んだ教員が小委員会を組織し、学生の相談にのり助言をおこなう」というものです。5年一貫制博士課程の1、3年次では、指導教員以外の教員1名との個人面談で研究計画の討論を行い、研究テーマの設定について助言を得ることができます（生命科学プログレスⅠ、Ⅲ）。2、4年次には、それまでの研究内容のレポートを提出し、指導教員以外の4人の教員からなる小委員会に対して口頭で発表を行います（生命科学プログレスⅡ、Ⅳ）。さらに5年次には、研究所全体での公開のセミナーを行い、聴衆や小委員会のメンバーと討論します（生命科学プログレスⅤ）。それ以外にも学生は年一回プログレスポスター発表会で研究発表を行います。これらの制度が、研究が行き詰まったときの助けになるのはもちろんですが、様々な分野の研究者の意見を聞く機会をもつことで、研究者としての視野を広げるのに役立っています。また、英語論文を書くための準備やプレゼンテーションの訓練という意味でも経験を積むことができます。

### ■ Diverse Courses and Frequent Seminars

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

### ■ Team Teaching

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



### ■ 研究者間の活発な交流

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

### ■ 生命科学リトリート

総研大の生命科学研究科は、遺伝研を基盤機関とする遺伝学専攻、岡崎の生理研、基生研を基盤機関とする生理学専攻、基礎生物学専攻から成り立っています。これら3専攻に葉山の生命共生体進化専攻を加えた4専攻合同の生命科学リトリートが年1回開催されています。

### ■ Close Network of Research Groups

NIG is famous for active interactions and discussions among the in-house researchers. Because each research group is small, many groups have joint lab meetings with other labs, and collaborations between groups are very common. Graduate students also actively and freely visit other research groups to acquire new techniques and knowledge, which is another advantage of small groups. NIG also hosts various types of researchers, such as postdoctoral fellows, collaborative researchers and visiting scientists from abroad. Interacting and networking with researchers with diverse levels and backgrounds is an ideal way for students to develop broad and balanced views as mature scientists.

### ■ Life Science Joint Retreat

SOKENDAI houses the largest number of life science faculty in Japan. In addition to the Department of Genetics in Mishima, the Okazaki area has two departments, the Department of Physiological Sciences and the Department of Basic Biology, and a fourth department, the Department of Evolutionary Studies and Biosystems, is located in Hayama. These four life science departments hold a joint retreat every year for scientific interactions.





## ▶ Various Aids to Students

## 学生に対する様々な支援活動

大学院生としての生活は人生の中で決して「楽な」時期ではありません。一人前の研究者と同様に高いレベルの研究成果をあげることを期待されているにもかかわらず、「指導を受けている」学生という身分であるため、仕事をするために授業料を支払わなければなりません。アメリカでは、大学院生の授業料は学部や指導教官が申請するグラントによって負担され、また学生には給与 (stipend) が支給されるのが普通ですが、現在の日本の制度では大学院が学生に経済的な援助を与えるシステムは極めて限られています。このような制約の下でも、遺伝学専攻は、学生が「一人前の研究者に育つ」という目標を達成するために出来る限りの支援をしようとしています。

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

### ■ 経済的支援

遺伝学専攻では、大学院生をリサーチアシスタントに採用し、給与を支給しています。額は5年一貫制1、2年次が年額55万円、3年次以上が年額60万円です。また、日本学生支援機構の奨学金の貸与を希望する者は、入学後選考のうえ、日本学生支援機構に推薦します。最近の実績では、希望者全員が奨学金給付を認められています。入学料、授業料については、経済的理由により納付が困難で、かつ学業優秀な者等に対し、入学後選考のうえ、半額免除又は徴収猶予が認められる制度があります。

### ■ 就職支援活動

在学生や修了生を対象に、「求人情報のメーリングリスト」を作成しています。個々の教員に寄せられるポスドクなどの求人情報が素早く入手できる便利な制度です。静岡大学キャリア創造プログラム及び広島大学次世代研究者育成プログラムに参画しており、企業への就職を希望する学生の相談にも対応します。

### ■ 海外での学会参加の助成

研究成果をあげたら、次は国際学会での発表です。遺伝学専攻では、学生の国際学会への参加旅費を援助し、発表を奨励しています。国際共同研究活動や国際的研究能力育成のための長期間海外派遣で、研究や研修を行う制度もあります。

### ■ 遺伝研宿舎

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

### ■ 科学発表の授業

研究者にとっては、単に研究能力だけでなくその成果を外に発表する能力も大切です。特に英語で表現・議論する能力は国際的に活躍するためには是非身につけたい能力です。博士号取得までに「英語で理解・議論・表現する力」を獲得できるよう、遺伝学専攻は独自に開発した「遺伝研メソッド」による研究者育成を行っています。詳細は以下 URL をご覧ください。

[https://www.nig.ac.jp/jimu/soken/courses/OSC/OSC\\_I.html](https://www.nig.ac.jp/jimu/soken/courses/OSC/OSC_I.html)

### ■ Financial Aid

Students accepted to the special graduate program for international students will be granted financial support. Third year students can also apply to a "Research Fellowship for Young Scientists" grant sponsored by JSPS. Other financial aids are also available.

### ■ Aid in Finding a Job

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

### ■ Travel Funds

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

### ■ NIG Dormitory

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

### ■ Courses on Scientific Writing and Presentation

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

[https://www.nig.ac.jp/jimu/soken/courses/OSC/OSC\\_I.html](https://www.nig.ac.jp/jimu/soken/courses/OSC/OSC_I.html)



## ▶ Research Internship

体験入学プログラム

### ■ 学部学生のための遺伝研体験プログラム

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

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

### ■ Undergraduate Research Internships at NIG

NIG offers a 6-week undergraduate research internship program for international students who wish to gain experience in scientific lab work. Each intern will join ongoing research projects in a world class research group, and will be provided with latitude as well as responsibility to conduct “real” research, i.e. something that no one in the world has done before. Interns also participate in various departmental activities, such as lectures for our graduate students, journal clubs, and seminars by outstanding researchers in and out of NIG. Japanese lessons are also available. Stipend will be provided to cover travel and living expenses. If you want to find out what it is like to do research, this is the best way to spend a summer.

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

## ▶ Graduate Education at NIG

大学院進学を考えている人へ

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

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



#### Requirement of the 3'-UTR-dependent suppression of DAZL in oocytes for pre-implantation mouse development.

Fukuda K, Masuda A, Naka T, Suzuki A, Kato Y, Saga Y. PLoS Genet. 2018 Jun 8;14(6):e1007436.

福田胡桃 FUKUDA, Kurumi



#### Differential dynamics of cortical neuron dendritic trees revealed by long-term in vivo imaging in neonates.

Nakazawa S, Mizuno H, Iwasato T. Nat Commun. 2018 Aug 6;9(1):3106.

中沢信吾 NAKAZAWA, Shingo

## ▶ Programs to Host Researchers

遺伝研で研究しよう

遺伝研は、他大学の大学院生の教育にも貢献しています。遺伝学またはこれに関連する学問分野を専攻している大学院生（修士・博士課程）であれば、「特別共同利用研究員」として遺伝研で研究することが可能です。授業料などの費用はかかりません。そのほか、企業に所属しながら遺伝研で研究する「受託研究員」制度や、大学卒業の資格で遺伝研で研究する「遺伝研研究生」の制度もあります。詳細は以下 URL をご覧ください。

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

NIG accepts students who belong to other graduate programs (master's course or doctor's course) and provides research environment at the Institute. NIG also offers ample opportunity for post-graduate education and international exchanges. In addition to institutionally-funded postdoc positions (NIG postdoctoral fellow), one can also work at NIG through externally-funded postdoc grants (MEXT and JSPS Programs) or grants to individual laboratory. In addition, NIG welcomes sabbatical stays of foreign faculty. Please contact your proposed mentor/host/hostess for details on the programs.

# NIG Data

---

遺伝研データ



(2019年4月1日現在)

## 運営会議 Advisory Committee

研究所の運営に関する重要事項その他共同研究計画に関する事項で、所長が必要と認めるものについて、所長の諮問に応じる。  
The Advisory Committee gives advice to the Director-General on administrative affairs including joint research programs.

漆原秀子 URUSHIHARA, Hideko	筑波大学名誉教授 Professor Emeritus, University of Tsukuba	高木利久 TAKAGI, Toshihisa	富山国際大学教授 Professor, Toyama University of International Studies
胡桃坂仁志 KURUMIZAKA, Hitoshi	東京大学定量生命科学研究所教授 Professor, Institute for Quantitative Biosciences, The University of Tokyo	館田英典 TACHIDA, Hidenori	九州大学名誉教授 Professor Emeritus, Kyusyu University
塩見美喜子 SIOMI, Mikiko	東京大学大学院理学系研究科教授 Professor, Graduate School of Sciences, The University of Tokyo	西田栄介 NISHIDA, Eisuke	理化学研究所生命機能科学研究センター長 Director, RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research
篠崎一雄 SHINOZAKI, Kazuo	理化学研究所環境資源科学研究センター長 Director, RIKEN Center for Sustainable Resource Science	松崎文雄 MATSUZAKI, Fumio	理化学研究所生命機能科学研究センターチームリーダー Team Leader, RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research
菅野純夫 SUGANO, Sumio	東京医科歯科大学非常勤講師 Part-time Lecturer, Tokyo Medical and Dental University	森川耿右 MORIKAWA, Kousuke	京都大学大学院生命科学研究所研究員 Researcher, Graduate School of Biostudies, Kyoto University

(所外委員)

仁木宏典 NIKI, Hironori	副所長 Vice-Director	斎藤成也 SAITOU, Naruya	ゲノム・進化研究系研究主幹 Head, Department of Genomics and Evolutionary Biology	岩里琢治 IWASATO, Takuji	遺伝形質研究系教授 Professor, Department of Gene Function and Phenomics
荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	副所長 Vice-Director	川上浩一 KAWAKAMI, Koichi	遺伝形質研究系研究主幹 Head, Department of Gene Function and Phenomics	前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro	遺伝メカニズム研究系教授 Professor, Department of Chromosome Science
相賀裕美子 SAGA, Yumiko	副所長 Vice-Director	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji	遺伝メカニズム研究系研究主幹 Head, Department of Chromosome Science		
黒川 顕 KUROKAWA, Ken	副所長 Vice-Director	澤 斉 SAWA, Hitoshi	新分野創造センター長 Head, Center for Frontier Research		
大久保公策 OKUBO, Kousaku	情報研究系研究主幹 Head, Department of Informatics				

(所内委員)

## アドバイザリーボード Advisory Board

研究所に係る重要事項について、所長又は運営会議の求めに応じ助言を行う。  
The board members give advice to the Director-General and/or the Advisory Committee regarding the principles and policies of the institute.

榊 佳之 SAKAKI, Yoshiyuki	東京大学名誉教授 Professor Emeritus, The University of Tokyo	田中啓二 TANAKA, Keiji	(公財)東京都医学総合研究所理事長 Chairperson, Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science
竹市雅俊 TAKEICHI, Masatoshi	理化学研究所生命機能科学研究センターチームリーダー Team Leader, RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research	WIESCHAUS, Eric	Professor, Princeton University
		HUNT, Tim	Emeritus Scientist, The Francis Crick Institute

## 総合企画会議 Council for Strategy Planning

所長の指揮の下、研究所の運営に関する基本方針の企画立案等を行う。  
Under the Director-General's supervision, the Council makes basic plans and policies on NIG management.

議長 Chair	花岡文雄 HANAOKA, Fumio	メンバー Members	仁木宏典 NIKI, Hironori	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	相賀裕美子 SAGA, Yumiko	黒川 顕 KUROKAWA, Ken
-------------	------------------------	-----------------	------------------------	-------------------------	-----------------------	-----------------------

## 機構本部連携調整会議 Council for intra-ROIS liaison and Coordination

機構本部との連携に関する必要な調整等を行う。  
The Council plays the coordination role to cooperate with ROIS headquarters.

議長 Chair	花岡文雄 HANAOKA, Fumio	研究企画担当 Research Planning	仁木宏典 NIKI, Hironori	評価担当 Evaluation	中村保一 NAKAMURA, Yasukazu
			荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	産学連携・知的財産担当 NIG INNOVATION	鈴木睦昭 SUZUKI, Mutsuaki
			相賀裕美子 SAGA, Yumiko	男女共同参画推進室担当 Gender Equality	平田たつみ HIRATA, Tatsumi
			黒川 顕 KUROKAWA, Ken	広報担当 Public Relations	来栖光彦 KURUSU, Mitsuhiro
		情報・システム研究機構戦略企画会議担当 ROIS Strategic Planning Committee	仁木宏典 NIKI, Hironori		

## 所長補佐 Assistant to the Director-General

所長の命を受け、特命事項を迅速かつ機動的に処理する。  
Under the order from the Director-General, the Assistant to the Director-General carries out special missions flexibly and expeditiously.

評価担当 Evaluation	中村保一 NAKAMURA, Yasukazu	教育担当 Education	平田たつみ HIRATA, Tatsumi	動物実験担当 Animal Experiments	小出 剛 KOIDE, Tsuyoshi
--------------------	----------------------------	-------------------	--------------------------	------------------------------	-------------------------

運営会議共同利用委員会 Inter-University Collaboration Committee

(委員長) Chair

澤 斉 新分野創造センター長  
SAWA, Hitoshi Head, Center for Frontier Research

(所外委員) Non-NIG members

舘田英典 九州大学名誉教授  
TACHIDA, Hidenori Professor Emeritus, Kyusyu University  
菅野純夫 東京医科歯科大学非常勤講師  
SUGANO, Sumio Part-time Lecturer, Tokyo Medical and Dental University  
塩見美喜子 東京大学大学院理学系研究科教授  
SIOMI, Mikiko Professor, Graduate School of Sciences, The University of Tokyo

(所内委員) NIG members

澤 斉 新分野創造センター長  
SAWA, Hitoshi Head, Center for Frontier Research  
角谷徹仁 遺伝メカニズム研究系研究主幹  
KAKUTANI, Tetsuji Head, Department of Chromosome Science  
相賀裕美子 副所長  
SAGA, Yumiko Vice-Director  
佐藤 豊 ゲノム・進化研究系教授  
SATO, Yutaka Professor, Department of Genomics and Evolutionary Biology

(2019年度委員)

各種/個別委員会 委員長 NIG Committees (Chair)

将来計画委員会 Future Planning	仁木宏典 NIKI, Hironori	図書委員会 Library	北野 潤 KITANO, Jun	博士研究員選考委員会 PD Selection	北野 潤 KITANO, Jun
予算委員会 Budget	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	セミナー委員会 Seminar	岩里琢治 IWASATO, Takuji	遺伝学博物館委員会 Museum of Genetics	斎藤成也 SAITOU, Naruya
施設整備委員会 Facility Management	仁木宏典 NIKI, Hironori	事業委員会 NIG Projects	前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro	国際化推進委員会 Internationalization	木村 暁 KIMURA, Akatsuki
共通機器委員会 Common Equipment	川上浩一 KAWAKAMI, Koichi	広報委員会 Publicity	木村 暁 KIMURA, Akatsuki		
電子計算機委員会 Computer	黒川 顕 KUROKAWA, Ken	知的財産委員会 Intellectual Property	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji		

放射線安全委員会 RI Safety	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji	イネ小委員会 Rice Bioresource	佐藤 豊 SATO, Yutaka	利益相反委員会 Conflict of Interests	所長 Director-General
遺伝子組換え実験安全委員会 Recombinant Experiments	井ノ上逸朗 INOUE, Ituro	大腸菌小委員会 E. Coli Bioresource	仁木宏典 NIKI, Hironori	DNAデータ研究利用委員会 DDBJ	有田正規 ARITA, Masanori
動物実験委員会 Animal Experiment	小出 剛 KOIDE, Tsuyoshi	ハラスメント防止・対策委員会 Harassment Prevention	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	新分野創造センター運営委員会 Center for Frontier Research	所長 Director-General
防火・防災管理委員会 Fire & Disaster Prevention	管理部長 General Manager	人を対象とする研究倫理審査委員会 Ethics of Human Subjects Research	大久保公策 OKUBO, Kousaku	変異マウス開発支援運営委員会 Engineered mouse supporting division	相賀裕美子 SAGA, Yumiko
生物遺伝資源委員会 Genetic Resources	仁木宏典 NIKI, Hironori	ヒトゲノム・遺伝子解析研究倫理審査委員会 Ethics of Human Genome Research	大久保公策 OKUBO, Kousaku		
マウス小委員会 Mouse Bioresource	小出 剛 KOIDE, Tsuyoshi	安全衛生委員会 Safety & Health	井ノ上逸朗 INOUE, Ituro		

(2018年度委員)

DNAデータ研究利用委員会 所外委員 DNA Database Advisory Committee (Non-NIG members)

伊藤 剛 ITO, Takeshi	農業・食品産業技術総合研究機構高度解析センターゲノム情報大規模解析チーム長 Leader, Advanced Analysis Center National Agriculture and Food Research Organization	林 哲也 HAYASHI, Tetsuya	九州大学大学院医学研究院教授 Professor, Department of Bacteriology, Faculty of Medical Sciences, Kyushu University
笠原雅弘 KASAHARA, Masahiro	東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻准教授 Associate Professor, Department of Computational Biology and Medical Science, Graduate School of Frontier Science, The University of Tokyo	平井優美 HIRAI Yokota, Masami	理化学研究所環境資源科学研究所センター代謝システム研究チームリーダー Team Leader, RIKEN Center for Sustainable Resource Science
菅野純夫 SUGANO, Sumio	東京医科歯科大学非常勤講師 Part-time Lecturer, Tokyo Medical and Dental University	星 潤一 HOSHI, Jun-ichi	科学技術振興機構/バイオサイエンスデータベースセンター企画運営室長 Director, Department of Planning and management, NBDC Japan Science and Technology Agency
長洲毅志 NAGASU, Takeshi	科学技術振興機構/バイオサイエンスデータベースセンター統合化推進プログラム研究総括 Research Supervisor, Database Integration Coordination Program, NBDC Japan Science and Technology Agency	松岡 聡 MATSUOKA, Satoshi	理化学研究所計算科学研究センター長 Director, RIKEN Center for Computational Science
二階堂 愛 NIKAIDO, Itoshi	理化学研究所生命機能科学研究所センターバイオインフォマティクス研究開発ユニットリーダー Team Leader, Laboratory for Bioinformatics Research RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research	宮野 悟 MIYANO, Satoru	東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター教授 Professor, Human Genome Center, Institute of Medical Science, The University of Tokyo
服部正平 HATTORI, Masahira	早稲田大学理工学術院先進理工学研究科教授 Professor, Graduate School of Advanced Science and Engineering, Faculty of Science and Engineering, Waseda University	水島 洋 MIZUSHIMA, Hiroshi	国立保健医療科学院研究情報支援センター長 Director of Center for Public Health Informatics, National Institute of Public Health

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

秋山靖人 AKIYAMA, Yasuto	静岡県立静岡がんセンター研究所免疫治療研究部部長 Chief, Immunotherapy Division, Shizuoka Cancer Center Research Institute	小林公子 KOBAYASHI, Kimiko	静岡県立大学食品栄養科学部食品生命科学科教授 Professor, School of Food and Nutritional Sciences, University of Shizuoka
-------------------------	--	---------------------------	--

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

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

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

明石 良 AKASHI, Ryo	宮崎大学農学部畜産草地科学科教授 Professor, Department of Animal and Grassland Science, University of Miyazaki	中瀧直己 NAKAGATA, Naomi	熊本大学生命資源研究・支援センター資源開発分野教授 Professor, Division of Reproductive Engineer, Institute of Resource Development and Analysis, Kumamoto University
浅野雅秀 ASANO, Masahide	京都大学大学院医学研究科附属動物実験施設教授 Professor, Institute of Laboratory Animals, Graduate School of Medicine, Kyoto University	中桐 昭 NAKAGIRI, Akira	鳥取大学農学部附属菌類きのこ二遺伝資源研究センター長 Director, Fungus/Mushroom Resource and Research Center, Faculty of Agriculture, Tottori University
江面 浩 EZURA, Hiroshi	筑波大学生命環境系教授 Professor, Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba	中村克樹 NAKAMURA, Katsuki	京都大学霊長類研究所教授 Professor, Cognitive Neuroscience Section, Primate Research Institute Kyoto University
大熊盛也 OHKUMA, Moriya	理化学研究所バイオリソース研究センター微生物材料開発室長 Head, Microbe Division, RIKEN BioResource Research Center	中村太郎 NAKAMURA, Taro	大阪市立大学大学院理学研究科教授 Professor, Graduate School of Science, Osaka City University
小笠原直毅 OGASAWARA, Naotake	奈良先端科学技術大学院大学名誉教授 Professor Emeritus, Nara Institute of Science and Technology	中村幸夫 NAKAMURA, Yukio	理化学研究所バイオリソース研究センター細胞材料開発室長 Head, Cell Engineering Division, RIKEN BioResource Research Center
岡田清孝 OKADA, Kiyotaka	龍谷大学農学部植物生命科学科教授 Professor, Department of Plant Life Science, Faculty of Agriculture, Ryukoku University	長村登紀子 NAGAMURA, Tokiko	東京大学医科学研究所附属病院セロプロセスング・輸血部准教授 Associate Professor, Department of Cell Processing and Transfusion, Cell Resource Center, The Institute of Medical Science, The University of Tokyo
岡本 仁 OKAMOTO, Hitoshi	理化学研究所脳神経科学研究センター意思決定回路動態研究チームリーダー Team Leader, Neural Circuit Dynamics of Decision Making, RIKEN Center for Brain Science	那須田周平 NASUDA, Shuhei	京都大学大学院農学研究科准教授 Associate Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University
荻野 肇 OGINO, Hajime	広島大学両生類研究センター教授 Professor, Amphibian Research Center, Hiroshima University	成瀬 清 NARUSE, Kiyoshi	自然科学研究機構基礎生物学研究所進化多様性生物学領域特任教授 Specially Appointed Professor, Laboratory of Bioresources, Evolutionary Biology and Biodiversity, National Institute for Basic Biology
小幡裕一 OBATA, Yuichi	理化学研究所バイオリソース研究センター長 Director, RIKEN BioResource Research Center	仁田坂英二 NITASAKA, Eiji	九州大学大学院理学研究院准教授 Associate Professor, Department of Biology, Graduate School of Sciences, Kyushu University
折原 裕 ORIHARA, Yutaka	東京大学大学院薬学系研究科准教授 Associate Professor, Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Faculty of Pharmaceutical Sciences, The University of Tokyo	仁藤伸昌 NITO, Nobumasa	近畿大学生物理工学部地域交流センター長 Director, Regional Exchange Center, Faculty of Biology-Oriented Science and Technology, Kindai University
加藤 浩 KATO, Hiroshi	農業・食品産業技術総合研究機構遺伝資源センター長 Director, Genetic Resources Center, National Agriculture and Food Research Organization	伴野 豊 BANNO, Yutaka	九州大学大学院農学研究科遺伝子資源開発研究センター教授 Professor, Institute of Genetic Resources, Faculty of Agriculture, Kyushu University
上村陽一郎 KAMIMURA, Yoichiro	理化学研究所生命機能科学研究センター細胞シグナル動態研究チーム上級研究員 Senior Research Scientist, Laboratory for Cell Signaling Dynamics, RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research	福田裕穂 FUKUDA, Hiroo	東京大学大学院理学系研究科教授 Professor, Graduate School of Science, The University of Tokyo
河地正伸 KAWACHI, Masanobu	国立環境研究所生物・生態系環境研究センター生物多様性資源保全研究推進室長 Head, Biodiversity Resource Conservation Office, Center for Environmental Biology and Ecosystem Studies, National Institute for Environmental Studies	藤島政博 FUJISHIMA, Masahiro	山口大学大学院創成科学研究科教授 (特命) Specially Appointed Professor, Graduate School of Sciences and Technology for Innovation, Yamaguchi University
北柴大泰 KITASHIBA, Hiroyasu	東北大学大学院農学研究科准教授 Associate Professor, Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University	細矢 剛 HOSOYA, Tsuyoshi	国立科学博物館植物研究部菌類・藻類研究グループ長 Senior Curator, Department of Botany, National Museum of Nature and Science
草場 信 KUSABA, Makoto	広島大学大学院理学研究科附属植物遺伝子保管実験施設長 Director, Laboratory of Plant Chromosome and Gene Stock, Graduate School of Science, Hiroshima University	榎屋啓志 MASUYA, Hiroshi	理化学研究所バイオリソース研究センター統合情報開発事業推進ユニットリーダー Unit Leader, Resource Advancement Unit, Integrated Bioresource Information Division, RIKEN BioResource Research Center
小林正智 KOBAYASHI, Masatomu	理化学研究所バイオリソース研究センター実験植物開発室長 Head, Experimental Plant Division, RIKEN BioResource Research Center	松居靖久 MATSUI, Yasuhisa	東北大学加齢医学研究所医用細胞資源センター教授 Professor, Cell Resource Center for Biomedical Research, Institute of Development, Aging and Cancer, Tohoku University
小原有弘 KOHARA, Arihiro	医薬基盤・健康・栄養研究所培養資源研究室研究リーダー Project Leader, Laboratory of Cell Cultures, National Institute of Biomedical Innovation, Health and Nutrition	松田洋一 MATSUDA, Yoichi	名古屋大学大学院生命農学研究科附属鳥類バイオサイエンス研究センター長 Director, Avian Bioscience Research Center, Nagoya University Graduate School of Bioagricultural Sciences
酒泉 満 SAKAIZUMI, Mitsuru	新潟大学自然科学系教授 Professor, Dept. of Environmental Science, Faculty of Science, Niigata University	三谷昌平 MITANI, Shohei	東京女子医科大学医学部生理学講座教授 Professor, Department of Physiology, Tokyo Women's Medical University School of Medicine
笹倉靖徳 SASAKURA, Yasunori	筑波大学下田臨海実験センター長 Director, Shimoda Marine Research Center, University of Tsukuba	村田武英 MURATA, Takehide	理化学研究所バイオリソース研究センター遺伝子材料開発室専任研究員 Senior Research Scientist, Gene Engineering Division, RIKEN BioResource Research Center
佐藤和広 SATO, Kazuhiro	岡山大学資源植物科学研究科教授 Professor, Institute of Plant Science and Resources, Okayama University	森 郁恵 MORI, Ikuo	名古屋大学大学院理学研究科教授 Professor, Graduate School of Science, Nagoya University
神野浩二 JINNO, Koji	製品評価技術基盤機構バイオテクノロジーセンター生物資源利用促進課課長 Director, Culture Collection Division, Biological Resource Center, National Institute of Technology and Evaluation	矢口貴志 YAGUCHI, Takashi	千葉大学真菌医学研究センター准教授 Associate Professor, Medical Mycology Research Center, Chiba University
末盛博文 SUEMORI, Hirofumi	京都大学ウイルス・再生医科学研究科准教授 Associate Professor, Laboratory of Embryonic Stem Cell Research, Institute for Frontier Life and Medical Sciences, Kyoto University	湯本貴和 YUMOTO, Takakazu	京都大学霊長類研究所長 Director, Primate Research Institute, Kyoto University
杉山峰崇 SUGIYAMA, Minetaka	大阪大学大学院工学研究科准教授 Associate Professor, Graduate School of Engineering, Osaka University	吉木 淳 YOSHIKI, Atsushi	理化学研究所バイオリソース研究センター実験動物開発室長 Head, Experimental Animal Division, RIKEN BioResource Research Center
高野敏行 TAKANO, Toshiyuki	京都工芸繊維大学昆虫先端研究推進拠点シヨウジョウ(工)遺伝資源研究部門教授 Professor, Department of Drosophila Genomics and Genetic Resources, Kyoto Institute of Technology	渡辺敦史 WATANABE, Atsushi	九州大学大学院農学研究科准教授 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University
田中香お里 TANAKA, Kaori	岐阜大学科学研究基盤センター嫌気性菌研究分野教授 Professor, Division of Anaerobe Research, Life Science Research Center, Gifu University		

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

浅野雅秀 ASANO, Masahide	京都大学大学院医学研究科附属動物実験施設教授 Professor, Institute of Laboratory Animals, Graduate School of Medicine, Kyoto University	中瀧直己 NAKAGATA, Naomi	熊本大学生命資源研究・支援センター資源開発分野教授 Professor, Division of Reproductive Engineer, Institute of Resource Development and Analysis, Kumamoto University
荒木喜美 ARAKI, Kimi	熊本大学生命資源研究・支援センター疾患モデル分野教授 Professor, Division of Developmental Genetics, Institute of Resource Development and Analysis, Kumamoto University	林元展人 HAYASHIMOTO, Nobuhito	実験動物中央研究所 ICLAS モニタリングセンター長 Director, ICLAS Monitoring Center, Central Institute for Experimental Animals
小幡裕一 OBATA, Yuichi	理化学研究所バイオリソース研究センター長 Director, RIKEN BioResource Research Center	吉木 淳 YOSHIKI, Atsushi	理化学研究所バイオリソース研究センター実験動物開発室長 Head, Experimental Animal Division, RIKEN BioResource Research Center
木南 凌 KOMINAMI, Ryo	新潟大学医学部名誉教授 Professor Emeritus, School of Medicine, Niigata University	米川博通 YONEKAWA, Hiromichi	東京都医学総合研究所シニア研究員 Senior Researcher, Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science
鈴木 治 SUZUKI, Osamu	医薬基盤・健康・栄養研究所疾患モデル小動物研究室研究リーダー Research Leader, Laboratory of Animal Models for Human Diseases, National Institutes of Biomedical Innovation, Health and Nutrition (NIBIOHN)	若林雄一 WAKABAYASHI, Yuichi	千葉県がんセンター研究所がん研究グループ実験動物研究室長 Team Leader, Division of Experimental Animal Research, Chiba Cancer Center Research Institute

(2018年度委員)

イネ小委員会 所外委員 Rice Bioresource Committee (Non-NIG members)

芦苺基行 ASHIKARI, Motoyuki	名古屋大学生物機能開発利用研究センター教授 Professor, Bioscience and Biotechnology Center, Nagoya University	佐藤和広 SATO, Kazuhiro	岡山大学資源植物科学研究所教授 Professor, Institute of Plant Science and Resources, Okayama University
井澤 毅 IZAWA, Takeshi	東京大学大学院農学生命科学研究科教授 Professor, Graduate School of Agricultural and Life sciences, University of Tokyo	寺内良平 TERAUCHI, Ryohei	京都大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University
石川隆二 ISHIKAWA, Ryuji	弘前大学農学生命科学部教授 Professor, Faculty of Agriculture and Life Science, Hirosaki University	土井一行 DOI, Kazuyuki	名古屋大学大学院生命農学研究科准教授 Associate Professor, Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University
江花薫子 EBANA, Kaworu	農業・食品産業技術総合研究機構遺伝資源センターチーム長 Team Leader, Genetic Resources Center, National Agriculture and Food Research Organization	土門英司 DOMON, Eiji	農業・食品産業技術総合研究機構本部知的財産室知的財産戦略室上級研究員 Senior Researcher, Office for Intellectual Property Strategy, Intellectual Property department, National Agriculture and Food Research Organization
奥本 裕 OKUMOTO, Yutaka	京都大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University	那須田周平 NASUDA, Shuhei	京都大学大学院農学研究科准教授 Associate Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University
河瀬眞琴 KAWASE, Makoto	筑波大学生命環境系教授 Professor, Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba	松岡 信 MATSUOKA, Makoto	名古屋大学生物機能開発利用研究センター教授 Professor, Bioscience and Biotechnology Center, Nagoya University
北野英己 KITANO, Hidemi	名古屋大学生物機能開発利用研究センター教授 Professor, Bioscience and Biotechnology Center, Nagoya University	安井 秀 YASUI, Hideshi	九州大学大学院農学研究科准教授 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University
久保貴彦 KUBO, Takahiko	九州大学大学院農学研究科准教授 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University	吉村 淳 YOSHIMURA, Atsushi	九州大学特任教授 Specially Appointed Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University
熊丸敏博 KUMAMARU, Toshihiro	九州大学大学院農学研究科教授 Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University		

大腸菌小委員会 所外委員 E. Coli Bioresource Committee (Non-NIG members)

饗場弘二 AIBA, Hiroji	鈴鹿医療科学大学薬学部客員教授 Visiting Professor, Faculty of Pharmaceutical Sciences, Suzuka University of Medical Science	川岸郁朗 KAWAGISHI, Ikuro	法政大学生命科学部教授 Professor, Department of Frontier Bioscience, Hosei University
秋山芳展 AKIYAMA, Yoshinori	京都大学ウイルス・再生医科学研究所教授 Professor, Institute for Frontier Life and Medical Sciences, Kyoto University	佐藤 勉 SATO, Tsutomu	法政大学生命科学部教授 Professor, Department of Frontier Bioscience, Hosei University
板谷光泰 ITAYA, Mitsuhiro	慶應義塾大学環境情報学部教授 Professor, Faculty of Environment and Information Studies, Keio University	関根靖彦 SEKINE, Yasuhiko	立教大学理学部教授 Professor, College of Science, Rikkyo University
伊藤維昭 ITO, Koreaki	京都産業大学タンパク質動態研究所シニアリサーチフェロー Senior Research Fellow, Institute for Protein Dynamics, Kyoto Sangyo University	田中 寛 TANAKA, Kan	東京工業大学科学技術創成研究院教授 Professor, Institute of Innovative Research, Tokyo Institute of Technology
小笠原直毅 OGASAWARA, Naotake	奈良先端科学技術大学院大学名誉教授 Professor Emeritus, Nara Institute of Science and Technology	戸邊 亨 TOBE, Toru	大阪大学大学院医学系研究科教授 Professor, Graduate School of Medicine, Osaka University
小倉光雄 OGURA, Mitsuo	東海大学海洋研究所教授 Professor, Institute of Oceanic Research and Development, Tokai University	矢口貴志 YAGUCHI, Takashi	千葉大学真菌学医学研究センター准教授 Associate professor, Medical Mycology Research Center, Chiba University
小椋義俊 OGURA, Yoshitoshi	九州大学大学院医学研究科准教授 Associate Professor, Faculty of Medical Sciences, Kyushu University	吉川博文 YOSHIKAWA, Hirofumi	東京農業大学生命科学部名誉教授 Professor Emeritus, Faculty of Life Sciences, Tokyo University of Agriculture
片山 勉 KATAYAMA, Tsutomu	九州大学大学院薬学研究科教授 Professor, Faculty of Pharmaceutical Sciences, Kyushu University	吉田健一 YOSHIDA, Ken-ichi	神戸大学大学院科学技術イノベーション研究科教授 Professor, Graduate School of Science, Technology and Innovation, Kobe University

人を対象とする研究倫理審査委員会 所外委員 Ethics of Research Involving Human Subject Committee (Non-NIG members)

上田龍太郎 UEDA, Ryutarou	日本大学短期大学部食物栄養学教授 Professor, Department of Food and Nutrition Junior College at Mishima Nihon University	小林設郎 KOBAYASHI, Setsuro	静岡県立富士宮東高等学校教諭 Senior High School Teacher, Shizuoka Prefectural Fujinomiya East High School
小田 司 ODA, Tsukasa	日本大学法学部教授 Professor, Nihon University College of Law	野口基子 NOGUUCHI, Motoko	元・静岡大学教授 Former Professor, Shizuoka University
黒澤健司 KUROSAWA, Kenji	神奈川県立こども医療センター遺伝科部長 Director, Division of Medical Genetics, Kanagawa Children's Medical Center	渡邊妙子 WATANABE, Taeko	公益財団法人佐野美術館館長 Director, Public Interest Incorporated Foundation Sano Art Museum

ヒトゲノム・遺伝子解析研究倫理審査委員会 所外委員 Ethics of Human Genome Research Committee (Non-NIG members)

上田龍太郎 UEDA, Ryutarou	日本大学短期大学部食物栄養学教授 Professor, Department of Food and Nutrition Junior College at Mishima Nihon University	小林設郎 KOBAYASHI, Setsuro	静岡県立富士宮東高等学校教諭 Senior High School Teacher, Shizuoka Prefectural Fujinomiya East High School
小田 司 ODA, Tsukasa	日本大学法学部教授 Professor, Nihon University College of Law	野口基子 NOGUUCHI, Motoko	元・静岡大学教授 Former Professor, Shizuoka University
黒澤健司 KUROSAWA, Kenji	神奈川県立こども医療センター遺伝科部長 Director, Division of Medical Genetics, Kanagawa Children's Medical Center	渡邊妙子 WATANABE, Taeko	公益財団法人佐野美術館館長 Director, Public Interest Incorporated Foundation Sano Art Museum

利益相反委員会 所外委員 Conflict of Interests Committee (Non-NIG members)

瀬戸 篤 SETO, Atsushi	小樽商科大学大学院商学研究科教授 Professor, Graduate School of Commerce, Otaru University of Commerce
-----------------------	--

(2019年4月1日現在)

所長	花岡文雄	Director-General	HANAOKA, Fumio
副所長	仁木宏典	Vice-Director	NIKI, Hironori
副所長	荒木弘之	Vice-Director	ARAKI, Hiroyuki
副所長	相賀裕美子	Vice-Director	SAGA, Yumiko
副所長	黒川 顕	Vice-Director	KUROKAWA, Ken
所長補佐	中村保一	Assistant to the Director-General	NAKAMURA, Yasukazu
所長補佐	平田たつみ	Assistant to the Director-General	HIRATA, Tatsumi
所長補佐	小出 剛	Assistant to the Director-General	KOIDE, Tsuyoshi

## 情報研究系 Department of Informatics

研究主幹(兼)	大久保公策	Head	OKUBO, Kousaku
◦ 生命ネットワーク研究室 Biological Networks Laboratory			
教授	有田正規	Prof.	ARITA, Masanori
特任准教授	櫻井 望	Project Assoc. Prof.	SAKURAI, Nozomu
助教	川島武士	Assist. Prof.	KAWASHIMA, Takeshi
博士研究員	佐藤允治	Postdoc	SATO, Mitsuharu
博士研究員	時松敏明	Postdoc	TOKIMATSU, Toshiaki
博士研究員	細木 藍	Postdoc	HOSOKI, Ai
博士研究員	李 東暎	Postdoc	LI, Donghan
研究員	吉本美和	Researcher	YOSHIMOTO, Miwa
総研大生 (学振特別研究員)	多田一風太	JSPS Research Fellow DC	TADA, Ipputa
総研大生	サッティ, マリア アルタフ	SOKENDAI Student	SATTI, Maria Altaf
総研大生	ノウリーン, メウイッシュ	SOKENDAI Student	NOUREEN, Mehwish
総研大生	竹中伸巧郎	SOKENDAI Student	TAKENAKA, Shinkuro

◦ 系統情報研究室 Genetic Informatics Laboratory			
准教授	川本祥子	Assoc. Prof.	KAWAMOTO, Shoko

◦ ゲノム進化研究室 Genome Evolution Laboratory			
教授	黒川 顕	Prof.	KUROKAWA, Ken
助教	森 宙史	Assist. Prof.	MORI, Hiroshi
博士研究員	東 光一	Postdoc	HIGASHI, Koichi
博士研究員	村上 匠	Postdoc	MURAKAMI, Takumi

◦ 大量遺伝情報研究室 Genome Informatics Laboratory			
教授	中村保一	Prof.	NAKAMURA, Yasukazu
助教	谷澤靖洋	Assist. Prof.	TANIZAWA, Yasuhiro
博士研究員	藤澤貴智	Postdoc	FUJISAWA, Takatomo
博士研究員	坂本美佳	Postdoc	SAKAMOTO, Mika
博士研究員	矢倉 勝	Postdoc	YAGURA, Masaru
研究員	望月(土屋)孝子	Researcher	MOCHIZUKI (TUCHIYA), Takako

◦ 遺伝子発現解析研究室 Gene-Expression Analysis Laboratory			
教授	大久保公策	Prof.	OKUBO, Kousaku

## ゲノム・進化研究系 Department of Genomics and Evolutionary Biology

研究主幹(兼)	斎藤成也	Head	SAITOU, Naruya
◦ 進化遺伝研究室 Evolutionary Genetics Laboratory			
教授	アカシ, ヒロシ	Prof.	AKASHI, Hiroshi
助教	松本知高	Assist. Prof.	MATSUMOTO, Tomotaka
博士研究員	カシマ, ケント ディエル	Postdoc	KAWASHIMA, Kent Diel

総研大生	山下永香	SOKENDAI Student	YAMASHITA, Haruka
総研大生	アブドゥラ, ハッサン シブロ	SOKENDAI Student	ABDULLA DAANAA, Hassan Sibro

◦ 遺伝情報分析研究室 DNA Data Analysis Laboratory			
准教授	池尾一穂	Assoc. Prof.	IKEO, Kazuho
博士研究員	金城その子	Postdoc	KINJO, Sonoko
博士研究員	松本 薫	Postdoc	MATSUMOTO, Kaoru
博士研究員	井元順一	Postdoc	IMOTO, Junichi
総研大生 (学振特別研究員)	飯塚朋代	JSPS Research Fellow DC	IIZUKA, Tomoyo

◦ 人類遺伝研究室 Human Genetics Laboratory			
教授	井ノ上逸朗	Prof.	INOUE, Ituro
助教	中岡博史	Assist. Prof.	NAKAOKA, Hirofumi
博士研究員	木村哲晃	Postdoc	KIMURA, Tetsuaki
博士研究員	スダラムルティ, ラヴィ D.	Postdoc	SUNDARAMOORTHY, Ravathi D.
研究員	杉本竜太	Researcher	SUGIMOTO, Ryota
総研大生	中倉沙弥	SOKENDAI Student	NAKAKURA, Saya
総研大生	羅 鈞軒	SOKENDAI Student	LO, ChunHsuan
総研大生	下山凌太	SOKENDAI Student	SHIMOYAMA, Ryota
総研大生	チュウワ, シャーリン	SOKENDAI Student	CHUA, Sharlyn
総研大生	グエン, フォン T.	SOKENDAI Student	NGUYEN, Phuong T.
総研大生	西村瑠佳	SOKENDAI Student	NISHIMURA, Ruka
遺伝研研究生	クルス, アントニオ	Research Student	CRUZ, Antonio

◦ 生態遺伝学研究室 Ecological Genetics Laboratory			
教授	北野 潤	Prof.	KITANO, Jun
助教	石川麻乃	Assist. Prof.	ISHIKAWA, Asano
博士研究員	柿岡 諒	Postdoc	KAKIOKA, Ryo
博士研究員	山崎 曜	Postdoc	YAMASAKI, Yo
博士研究員	後藤寛貴	Postdoc	GOTO, Hiroki
総研大生	細木拓也	SOKENDAI Student	HOSOKI, Takuya

◦ 集団遺伝研究室 Population Genetics Laboratory			
教授	斎藤成也	Prof.	SAITOU, Naruya
助教	ジナム, テイモシー A.	Assist. Prof.	JINAM, Timothy A.
博士研究員	井上 潤	Postdoc	INOUE, Jun

◦ 植物遺伝研究室 Plant Genetics Laboratory			
教授	佐藤 豊	Prof.	SATO, Yutaka
助教	鈴木俊哉	Assist. Prof.	SUZUKI, Toshiya
助教	高橋(野坂)実鈴	Assist. Prof.	TAKAHASHI (NOSAKA), Misuzu
博士研究員	タ ニュン	Postdoc	TA, Nhung
博士研究員	吉田悠里	Postdoc	YOSHIDA, Yuri
総研大生	手塚拓海	SOKENDAI Student	TEZUKA, Takumi

◦ 比較ゲノム解析研究室 Comparative Genomics Laboratory			
特任教授	豊田 敦	Project Prof.	TOYODA, Atsushi
研究員	会津智幸	Researcher	AIZU, Tomoyuki
研究員	清岡美穂	Researcher	KIYOOKA, Miho
研究員	吉田 悟	Researcher	YOSHIDA, Satoru
研究員	石崎比奈子	Researcher	ISHIZAKI, Hinako
研究員	陳 薇	Researcher	CHEN, Wei
研究員	塚本ゆみ	Researcher	TSUKAMOTO, Yumi
研究員	許山肖子	Researcher	MOTOYAMA, Ayuko
研究員	江島文緒	Researcher	EJIMA, Fumiwo

遺伝形質研究系 Department of Gene Function and Phenomics

研究主幹(兼)	川上浩一	Head	KAWAKAMI, Koichi
□ 脳機能研究室 Brain Function Laboratory			
教授	平田たつみ	Prof.	HIRATA, Tatsumi
助教	川崎能彦	Assist. Prof.	KAWASAKI, Takahiko
助教	トウ, ヤン	Assist. Prof.	ZHU, Yan
日本学術振興会 特別研究員	岩井(竹越)玲奈	JSPS Research Fellow	IWAI (TAKEKOSHI), Lena
総研大生	河内舟月	SOKENDAI Student	KAWACHI, Shugetsu
□ 神経回路構築研究室 Laboratory of Mammalian Neural Circuits			
教授	岩里琢治	Prof.	IWASATO, Takuji
助教	中川直樹	Assist. Prof.	NAKAGAWA, Naoki
博士研究員	中沢信吾	Postdoc	NAKAZAWA, Shingo
総研大生	カンガサミ, ラマサミ	SOKENDAI Student	KANDASAMY, Ramasamy
総研大生	王 魯偉	SOKENDAI Student	WANG, Luwei
総研大生	中嶋ちえみ	SOKENDAI Student	NAKAJIMA, Chiemi
総研大生	パネルジー, ピュ	SOKENDAI Student	BANERJEE, Piu

□ 発生遺伝学研究室 Laboratory of Molecular and Developmental Biology			
教授	川上浩一	Prof.	KAWAKAMI, Koichi
助教	武藤 彩	Assist. Prof.	MUTO, Akira
博士研究員	田辺英幸	Postdoc	TANABE, Hideyuki
博士研究員	白木知也	Postdoc	SHIRAKI, Tomoya
日本学術振興会 特別研究員	小谷友理	JSPS Research Fellow	KOTANI, Yuri
研究員	毛利直子	Researcher	MOURI, Naoko

□ マウス開発研究室 Mouse Genomics Resource Laboratory			
准教授	小出 剛	Assoc. Prof.	KOIDE, Tsuyoshi
助教	高浪景子	Assist. Prof.	TAKANAMI, Keiko
総研大生	永山博通	SOKENDAI Student	NAGAYAMA, Hiromichi
総研大生	マラープ, ラリタ デヴィ	SOKENDAI Student	MALLARAPU, Lalitha Devi
総研大生 (学振特別研究員)	上田奈央子	JSPS Research Fellow DC	UEDA, Naoko

□ 共生細胞進化研究室 Symbiosis and Cell Evolution Laboratory			
教授	宮城島進也	Prof.	MIYAGISHIMA, Shin-ya
助教	藤原崇之	Assist. Prof.	FUJIWARA, Takayuki
博士研究員	廣岡俊亮	Postdoc	HIROOKA, Shunsuke
日本学術振興会 特別研究員	大沼 亮	JSPS Research Fellow	ONUMA, Ryo
日本学術振興会 特別研究員	小林優介	JSPS Research Fellow	KOBAYASHI, Yusuke
総研大生 (学振特別研究員)	ジョン, リン ウエイ	JSPS Research Fellow DC	JONG, Lin Wei

□ 微生物機能研究室 Microbial Physiology Laboratory			
教授	仁木宏典	Prof.	NIKI, Hironori
助教	青木敬太	Assist. Prof.	AOKI, Keita
博士研究員	野崎晋五	Postdoc	NOZAKI, Shingo
博士研究員	岡本 尚	Postdoc	OKAMOTO, Sho
博士研究員	矢野晃一	Postdoc	YANO, Koichi
博士研究員	秋山光市郎	Postdoc	AKIYAMA, Koichiro

□ 植物細胞遺伝研究室 Plant Cytogenetics Laboratory			
准教授	野々村賢一	Assoc. Prof.	NONOMURA, Ken-ichi
助教	津田勝利	Assist. Prof.	TSUDA, Katsutoshi
博士研究員	小野聖二郎	Postdoc	ONO, Seijiro
日本学術振興会 特別研究員	三村真生	JSPS Research Fellow	MIMURA, Manaki

総研大生 ソマシカー, ハーシャ SOKENDAI Student SOMASHEKAR, Harsha

□ 細胞制御研究室 Cell Dynamics and Signaling Laboratory			
教授	小田祥久	Prof.	ODA, Yoshihisa
博士研究員	佐々木武馬	Postdoc	SASAKI, Takema
博士研究員	杉山友希	Postdoc	SUGIYAMA, Yuki

□ 発生工学研究室 Mammalian Development Laboratory			
教授	相賀裕美子	Prof.	SAGA, Yumiko
助教	加藤 譲	Assist. Prof.	KATO, Yuzuru
助教	安島理恵子	Assist. Prof.	AJIMA, Rieko
博士研究員	平野孝昌	Postdoc	HIRANO, Takamasa
博士研究員	井上弘貴	Postdoc	INOUE, Hiroki
博士研究員	岡田 甫	Postdoc	OKADA Hajime
研究員	村岡正文	Researcher	MURAOKA, Masafumi
総研大生 (学振特別研究員)	島田龍輝	JSPS Research Fellow DC	SHIMADA, Ryuki
総研大生	ライト, ダネル	SOKENDAI Student	WRIGHT, Danelle
特別共同利用研究員 (東京大学大学院)	キム, ジェシカ	Special Collaboration Research Student	KIM, Jessica

□ 小型魚類遺伝研究室 Model Fish Genetics Laboratory			
准教授	酒井則良	Assoc. Prof.	SAKAI, Noriyoshi
助教	河崎敏広	Assist. Prof.	KAWASAKI, Toshihiro
博士研究員	今井裕紀子	Postdoc	IMAI, Yukiko

□ 多細胞構築研究室 Multicellular Organization Laboratory			
教授	澤 斉	Prof.	SAWA, Hitoshi
助教	根岸剛文	Assist. Prof.	NEGISHI, Takefumi
博士研究員	柴田珠杉	Postdoc	SHIBATA, Misa

□ 遺伝子回路研究室 Gene Network Laboratory			
准教授	鈴木えみ子	Assoc. Prof.	SUZUKI, Emiko
博士研究員	宮崎隆明	Postdoc	MIYAZAKI, Takaaki

□ 哺乳動物遺伝研究室 Mammalian Genetics Laboratory			
助教	高田豊行	Assist. Prof.	TAKADA, Toyoyuki
博士研究員	嵯峨井知子	Postdoc	SAGAI, Tomoko

遺伝メカニズム研究系 Department of Chromosome Science

研究主幹(兼) 角谷徹仁 Head KAKUTANI, Tetsuji

□ 微生物遺伝研究室 Microbial Genetics Laboratory			
教授	荒木弘之	Prof.	ARAKI, Hiroyuki
研究員	牧野仁志穂	Researcher	MAKINO, Nishiho

□ エピゲノム研究室 Epigenomics Laboratory			
教授	角谷徹仁	Prof.	KAKUTANI, Tetsuji
助教	樽谷芳明	Assist. Prof.	TARUTANI, Yoshiaki
助教	稲垣宗一	Assist. Prof.	INAGAKI, Soichi
博士研究員	塚原小百合	Postdoc	TSUKAHARA, Sayuri
総研大生 (学振特別研究員)	齋藤 絡	JSPS Research Fellow DC	SAITO, Raku
学振特別研究員 (東京大学大学院)	大矢恵代	JSPS Research Fellow DC	OYA, Satoyo
特別共同利用研究員 (東京大学大学院)	星野 新	Special Collaboration Research Student	HOSHINO, Arata

□ 分子細胞工学研究室 Molecular Cell Engineering Laboratory			
教授	鐘巻将人	Prof.	KANEMAKI, Masato
助教	夏目豊彰	Assist. Prof.	NATSUME, Toyoaki

博士研究員	サントーサ, ベニー	Postdoc	SANTOSA, Venny
博士研究員	斎藤裕一郎	Postdoc	SAITO, Yuichiro
研究員	水口明美	Researcher	MIZUGUCHI, Akemi
研究員	芦川朋子	Researcher	ASHIKAWA, Tomoko
研究員	鈴木智子	Researcher	SUZUKI, Tomoko
研究員	北本直美	Researcher	KITAMOTO, Naomi
総研大生	イェソボトヴァ, アイシャ	SOKENDAI Student	YESBOLATOVA, Aisha

◦ 細胞建築研究室 Cell Architecture Laboratory

教授	木村 暁	Prof.	KIMURA, Akatsuki
助教	鳥澤高征	Assist. Prof.	TORISAWA, Takayuki
総研大生	藤井 謙	SOKENDAI Student	FUJII, Ken
総研大生	鶴飼大知	SOKENDAI Student	UKAI, Daichi

◦ ゲノムダイナミクス研究室 Genome Dynamics Laboratory

教授	前島一博	Prof.	MAESHIMA, Kazuhiro
助教	井手 聖	Assist. Prof.	IDE, Satoru
助教	日比野佳代	Assist. Prof.	HIBINO, Kayo
博士研究員	イレイ インファンテ, フレイト	Postdoc	PRIETO, Eloise Infante
博士研究員	伊藤優志	Postdoc	ITOH, Yuji
研究員	田村佐知子	Researcher	TAMURA, Sachiko
研究員	大地弘子	Researcher	OCHI, Hiroko
遺伝学研究生 (東京理科大学)	佐藤かな	Research Student	SATO, Kana

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

教授	齋藤都暁	Prof.	SAITO, Kuniaki
助教	近藤 周	Assist. Prof.	KONDO, Shu
助教	三好啓太	Assist. Prof.	MIYOSHI, Keita
博士研究員	コンスタンス, ウィリアム	Postdoc	CONSTANCE, William
総研大生	猪谷紗来	SOKENDAI Student	ITANI, Sara

新分野創造センター Center for Frontier Research

センター長(兼)	澤 斉	Head	SAWA, Hitoshi
----------	-----	------	---------------

◦ システム神経科学研究室 Systems Neuroscience Laboratory

准教授	久保 郁	Assoc. Prof.	KUBO, Fumi
博士研究員	松田光司	Postdoc	MATSUDA, Koji

◦ 染色体生化学研究室 Chromosome Biochemistry Laboratory

准教授	村山泰斗	Assoc. Prof.	MURAYAMA, Yasuto
博士研究員	黒川裕美子	Postdoc	KUROKAWA, Yumiko

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

准教授	島本勇太	Assoc. Prof.	SHIMAMOTO, Yuta
博士研究員	白土 玄	Postdoc	SHIRATSUCHI, Gen
研究員	山岡恵美	Researcher	YAMAOKA, Megumi

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

◦ トロント大学 Hospital for Sick Children, University of Toronto

教授	ロサント, ジャネット	University Professor Senior Scientist	ROSSANT, Janet
----	-------------	--	----------------

◦ ベルン大学

Evolutionary Ecology, Institute of Ecology and Evolution, University of Bern

教授/部門長	パイクル, ケイティ	Professor Head of Division	PEICHEL, Katie
--------	------------	-------------------------------	----------------

客員教授 Visiting Professor

◦ ゲノム・進化研究系 Department of Genomics and Evolutionary Biology

客員教授	フー, ユンシン	Visiting Prof.	FU, Yun-Xin
------	----------	----------------	-------------

◦ 遺伝形質研究系 Department of Gene Function and Phenomics

客員教授	ヘンシユ, タカオ K	Visiting Prof.	HENSCH, Takao K
------	-------------	----------------	-----------------

◦ 遺伝メカニズム研究系 Department of Chromosome Science

客員教授	ヘニコフ, スティーブン	Visiting Prof.	HENIKOFF, Steven
客員教授	水内 清	Visiting Prof.	MIZUUCHI, Kiyoshi
客員教授	ベルシエ, フレデリック	Visiting Prof.	BERGER, Frederic

生命情報・DDBJセンター Bioinformation and DDBJ Center

センター長(兼)	有田正規	Head	ARITA, Masanori
----------	------	------	-----------------

特任教授	中村春木	Project Prof.	NAKAMURA, Haruki
特任教授	清水厚志	Project Prof.	SHIMIZU, Atsushi
教授(兼)	大久保公策	Prof.	OKUBO, Kousaku
特任准教授(兼)	櫻井 望	Project Assoc. Prof.	SAKURAI, Nozomu
助教(兼)	川島武士	Assist. Prof.	KAWASHIMA, Takeshi
助教(兼)	谷澤靖洋	Assist. Prof.	TANIZAWA, Yasuhiro

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

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

◦ データベース部門 Database Division

部門長(兼)	中村保一	Division Head	NAKAMURA, Yasukazu
博士研究員	李 慶範	Postdoc	LEE, KyungBum
博士研究員	大城戸利久	Postdoc	OKIDO, Toshihisa
博士研究員	小菅武英	Postdoc	KOSUGE, Takehide
博士研究員	児玉悠一	Postdoc	KODAMA, Yuichi
博士研究員	時松敏明	Postdoc	TOKIMATSU, Toshiaki
博士研究員	真島 淳	Postdoc	MASHIMA, Jun
研究員	青野英雄	Researcher	AONO, Hideo
研究員	筒井波留	Researcher	TSUTSUI, Haru
研究員	秦 千比呂	Researcher	HATA, Chihiro
研究員	福田亜沙美	Researcher	FUKUDA, Asami

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

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

特任教授(兼)	小原雄治	Project Prof.	KOHARA, Yuji
特任教授(兼)	藤山秋佐夫	Project Prof.	FUJIYAMA, Asao
教授(兼)	井ノ上逸朗	Prof.	INOUE, Ituro
特任教授(兼)	豊田 敦	Project Prof.	TOYODA, Atsushi
特任教授(兼)	野口英樹	Project Prof.	NOGUUCHI, Hideki
特任准教授(兼)	馬場知哉	Project Assoc. Prof.	BABA, Tomoya
特任准教授(兼)	近藤伸二	Project Assoc. Prof.	KONDO, Shinji
助教(兼)	森 宙史	Assist. Prof.	MORI, Hiroshi
博士研究員(兼)	寺内 真	Postdoc	TERAUCHI, Makoto
博士研究員(兼)	東 光一	Postdoc	HIGASHI, Koichi
博士研究員(兼)	宮澤秀幸	Postdoc	MIYAZAWA, Hideyuki
博士研究員(兼)	村上 匠	Postdoc	MURAKAMI, Takumi
博士研究員	金野宏之	Postdoc	KONNO, Hiroyuki

研究員(兼)	石崎比奈子	Researcher	ISHIZAKI, Hinako
研究員(兼)	陳 薇	Researcher	CHEN, Wei
研究員	平木秀明	Researcher	HIRAKI, Hideaki
研究員	植田ゆみ子	Researcher	UETA, Yumiko

生物遺伝資源センター Genetic Resource Center

センター長(兼)	仁木宏典	Head	NIKI, Hironori
----------	------	------	----------------

バイオリソース部門 Bioresource Management Division

部門長(兼)	仁木宏典	Division Head	NIKI, Hironori
教授(兼)	川上浩一	Prof.	KAWAKAMI, Koichi
教授(兼)	齋藤都暁	Prof.	SAITO, Kuniaki
教授(兼)	佐藤 豊	Prof.	SATO, Yutaka
特任教授(兼)	小原雄治	Project Prof.	KOHARA, Yuji
准教授(兼)	酒井則良	Assoc. Prof.	SAKAI, Noriyoshi
准教授(兼)	池尾一穂	Assoc. Prof.	IKEO, Kazuho
准教授(兼)	小出 剛	Assoc. Prof.	KOIDE, Tsuyoshi
准教授(兼)	野々村賢一	Assoc. Prof.	NONOMURA, Ken-ichi
助教(兼)	高田豊行	Assist. Prof.	TAKADA, Toyoyuki
助教(兼)	武藤 彩	Assist. Prof.	MUTO, Akira
助教(兼)	河崎敏広	Assist. Prof.	KAWASAKI, Toshihiro
助教(兼)	近藤 周	Assist. Prof.	KONDO, Shu
助教(兼)	三好啓太	Assist. Prof.	MIYOSHI, Keita
助教(兼)	青木敬太	Assist. Prof.	AOKI, Keita
助教(兼)	鈴木俊哉	Assist. Prof.	SUZUKI, Toshiya
助教(兼)	高浪景子	Assist. Prof.	TAKANAMI, Keiko
助教(兼)	高橋実鈴	Assist. Prof.	TAKAHASHI, Misuzu
助教(兼)	津田勝利	Assist. Prof.	TSUDA, Katsutoshi

植物育成・開発支援部門 Plant Resource Development Division

部門長(兼)	野々村賢一	Division Head	NONOMURA, Ken-ichi
助教(兼)	津田勝利	Assist. Prof.	TSUDA, Katsutoshi

ゲノム変異マウス開発支援部門  
Division for development of genetic-engineered mouse resource

部門長(兼)	相賀裕美子	Division Head	SAGA, Yumiko
助教(兼)	安島理恵子	Assist. Prof.	AJIMA, Rieko

バイオリソース情報部門	Bioresource Database Division		
部門長(兼)	川本祥子	Division Head	KAWAMOTO, Shoko

情報基盤ユニット IT Unit

ユニット長(兼)	黒川 顕	Head	KUROKAWA, Ken
----------	------	------	---------------

教授(兼)	大久保公策	Prof.	OKUBO, Kousaku
-------	-------	-------	----------------

放射線・アイソトープ支援ユニット Radioisotope Unit

ユニット長(兼)	仁木宏典	Head	NIKI, Hironori
----------	------	------	----------------

助教	安達佳樹	Assist. Prof.	ANDACHI, Yoshiki
----	------	---------------	------------------

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

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

助教(兼)	高浪景子	Assist. Prof.	TAKANAMI, Keiko
-------	------	---------------	-----------------

産学連携・知的財産室 NIG INNOVATION

室長	鈴木睦昭	Director	SUZUKI, Mutsuaki
----	------	----------	------------------

博士研究員	鹿兒島 浩	Postdoc	KAGOSHIMA, Hiroshi
-------	-------	---------	--------------------

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

室長・主任URA・ 特任准教授	来栖光彦	Director	KURUSU, Mitsuhiko
--------------------	------	----------	-------------------

助教	清野浩明	Assist. Prof.	SEINO, Hiroaki
----	------	---------------	----------------

男女共同参画推進室 Office for Gender Equality

室長(兼)	平田たつみ	Director	HIRATA, Tatsumi
-------	-------	----------	-----------------

室員(兼)	安池友紀	Staff	YASUIKE, Yuki
-------	------	-------	---------------

室員(兼)	山谷宣子	Staff	YAMATANI, Noriko
-------	------	-------	------------------

室員(兼)	滝田昌稔	Staff	TAKIDA, Masatoshi
-------	------	-------	-------------------

Research Staff and Students of ROIS

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

センター長	野口英樹	Head	NOGUCHI, Hideki
-------	------	------	-----------------

特任准教授	近藤伸二	Project Assoc. Prof.	KONDO, Shinji
博士研究員	福多賢太郎	Postdoc	FUKUTA, Kentaro
博士研究員	寺内 真	Postdoc	TERAUCHI, Makoto
博士研究員	宮澤秀幸	Postdoc	MIYAZAWA, Hideyuki

ライフサイエンス統合データベースセンター Database Center for Life Science

遺伝研で研究しているメンバー Members at NIG

センター長	小原雄治	Head	KOHARA, Yuji
教授(兼)	大久保公策	Prof.	OKUBO, Kousaku
准教授(兼)	川本祥子	Assoc. Prof.	KAWAMOTO, Shoko
特任准教授	坊農秀雅	Project Assoc. Prof.	BONO, Hidemasa
特任助教	小野浩雅	Project Assist. Prof.	ONO, Hiromasa
特任助教	内藤雄樹	Project Assist. Prof.	NAITO, Yuki
特任助教	仲里猛留	Project Assist. Prof.	NAKAZATO, Takeru
研究員	大田達郎	Researcher	OHTA, Tazro

管理部 Department of Administration				技術課 Technical Section			
管理部長	平尾耕二	General Manager	HIRAO, Koji	課長	古海弘康	Manager	FURUUMI, Hiroyasu
				技術専門員	奈倉雅彦	Senior Technical Specialist	NAGURA, Masahiko
総務企画課 General Affairs and Project Section				基盤支援技術班 Research infrastructure Technical Unit			
課長	小林 純	Manager	KOBAYASHI, Jun	<ul style="list-style-type: none"> <li>情報基盤支援チーム Information Technology Team</li> </ul>			
副課長	鈴木由美子	Deputy Manager	SUZUKI, Yumiko	係長(兼)	奈倉雅彦	Subsection Chief	NAGURA, Masahiko
<ul style="list-style-type: none"> <li>総務・教育チーム General Affairs / Education Team</li> </ul>				<ul style="list-style-type: none"> <li>リソース開発支援チーム Resource Development Team</li> </ul>			
係長	滝田昌稔	Subsection Chief	TAKIDA, Masatoshi	係長	木曾 誠	Subsection Chief	KISO, Makoto
<ul style="list-style-type: none"> <li>人事・労務チーム Personnel Team</li> </ul>				技術職員	山谷宣子	Technical Staff	YAMATANI, Noriko
係長(兼)	鈴木由美子	Subsection Chief	SUZUKI, Yumiko	プロジェクト技術班 Project Technical Unit			
<ul style="list-style-type: none"> <li>研究推進チーム Research Promotion Team</li> </ul>				係長	鈴木貴晴	Subsection Chief	SUZUKI, Takaharu
財務課 Financial Affairs Section				<ul style="list-style-type: none"> <li>プロジェクト支援チーム Project Support Team</li> </ul>			
課長	穴戸文雄	Manager	SHISHIDO, Fumio	係長	坂本佐知子	Subsection Chief	SAKAMOTO, Sachiko
<ul style="list-style-type: none"> <li>資産管理・検収室 Office for Property Management / Receiving Inspection</li> </ul>				<ul style="list-style-type: none"> <li>遺伝資源事業支援チーム Genetic Resource Project Team</li> </ul>			
室長(兼)	穴戸文雄	Head	SHISHIDO, Fumio	係長	矢野弘之	Subsection Chief	YANO, Hiroyuki
<ul style="list-style-type: none"> <li>財務チーム Financial Affairs Team</li> </ul>				技術職員	宮林登志江	Technical Staff	MIYABAYASHI, Toshie
係長	渡邊 晃	Subsection Chief	WATANABE, Akira	技術職員(兼)	柏原美紗子	Technical Staff	KASHIHARA, Misako
<ul style="list-style-type: none"> <li>調達チーム Supplies Team</li> </ul>				施設機器技術班 Facility and Equipment Technical Unit			
係長	齊藤麻衣子	Subsection Chief	SAITO, Maiko	技術専門職員	前野哲輝	Technical Specialist	MAENO, Akiteru
<ul style="list-style-type: none"> <li>施設チーム Facilities Team</li> </ul>				<ul style="list-style-type: none"> <li>共通機器チーム Common Equipment Team</li> </ul>			
係長	光江一之	Subsection Chief	mitsue, Kazuyuki	係長	大石あかね	Subsection Chief	OISHI, Akane
専門職員	内藤顕之	Specialist	NAITO, Akiyuki	<ul style="list-style-type: none"> <li>実験施設チーム Experimental Facility Team</li> </ul>			
				係長	坂 季美子	Subsection Chief	SAKA, Kimiko
				技術職員	今井悠二	Technical Staff	IMAI, Yuji
				技術職員	柏原美紗子	Technical Staff	KASHIHARA, Misako

所長	1	Director - General
教授	23	Professors
准教授	9	Associate Professors
助教	32	Assistant Professors
客員教授	5	Visiting Professors
小計 (所長、客員教授を除く)	64	(excluding Director - General and Visiting Professors) Subtotal
管理部	18	Administration Staffs
技術課	12	Technicians
合計 (所長、客員教授を除く)	94	(excluding Director - General and Visiting Professors) Total

(2019年4月1日現在)

# History

1949年	6月1日	文部省所轄研究所として設置 庶務部及び3研究部で発足
	8月10日	小熊 捍 初代所長就任
1953年	1月1日	研究部を形質遺伝部, 細胞遺伝部, 生理遺伝部に改組
	8月1日	生化学遺伝部設置
1954年	7月1日	応用遺伝部設置
1955年	9月15日	変異遺伝部設置
	10月1日	木原 均 第2代所長就任



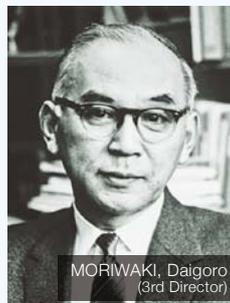
1960年	4月30日	人類遺伝部設置
1962年	4月1日	微生物遺伝部設置
1964年	4月1日	集団遺伝部設置
1969年	4月1日	森脇大五郎 第3代所長就任, 分子遺伝部設置
1974年	4月1日	植物保存研究室設置
1975年	3月1日	田島彌太郎 第4代所長就任
	10月1日	遺伝実験生物保存研究施設動物保存 研究室設置
1976年	10月1日	遺伝実験生物保存研究施設微生物保存 研究室設置
1983年	10月1日	松永 英 第5代所長就任
1984年	4月12日	大学共同利用機関に改組 遺伝実験 生物保存研究センター(哺乳動物保存・ 無脊椎動物保存・植物保存・微生物 保存・遺伝資源の5研究室), 遺伝情報 研究センター(構造・組換えの2 研究室), 実験圃場設置
1985年	4月1日	遺伝情報研究センターに合成・遺伝 情報分析の2研究室を設置
1987年	1月12日	日本DNAデータバンク稼働
1988年	4月8日	放射線・アイソトープセンター設置, 遺伝情報研究センターにライブラリー 研究室を設置
	10月1日	総合研究大学院大学生命科学研究科 遺伝学専攻設置
1989年	10月1日	富澤純一 第6代所長就任
1993年	4月1日	遺伝実験生物保存研究センターに発 生工学研究室を設置
1994年	6月24日	遺伝情報研究センターに遺伝子機能 研究室を設置
1995年	4月1日	生命情報研究センター設置
1996年	5月11日	構造遺伝学研究センター設置 (遺伝情報研究センターの改組) (生体高分子研究室設置, 超分子機能・ 構造制御・超分子構造・遺伝子回路 の4研究室振替)
1997年	4月1日	系統生物研究センター設置 (遺伝実験生物保存研究センターの 改組)



OGUMA, Kan  
(1st Director)



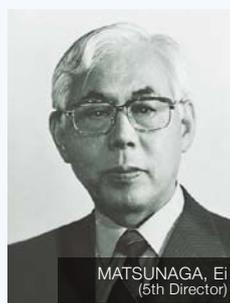
KIHARA, Hitoshi  
(2nd Director)



MORIWAKI, Daigoro  
(3rd Director)



TAJIMA, Yataro  
(4th Director)



MATSUNAGA, Ei  
(5th Director)

1949	Jun. 1	Established under the jurisdiction of the Ministry of Education, Science, Sports and Culture. Started with an administrative department and three research departments.
	Aug. 10	Prof. Kan Oguma was elected the 1st Director.
1953	Jan. 1	Three research departments were reorganized as the Departments of Morphological Genetics, Cytological Genetics and Physiological Genetics.
	Aug. 1	Department of Biochemical Genetics was added.
1954	Jul. 1	Department of Applied Genetics was added.
1955	Sep. 15	Department of Induced Mutation was added.
	Oct. 1	Prof. Hitoshi Kihara was elected the 2nd Director.
1960	Apr. 30	Department of Human Genetics was added.
1962	Apr. 1	Department of Microbial Genetics was added.
1964	Apr. 1	Department of Population Genetics was added.
1969	Apr. 1	Prof. Daigoro Moriwaki was elected the 3rd Director. Department of Molecular Biology was added.
1974	Apr. 1	Plant Genetic Stock Laboratory was established.
1975	Mar. 1	Dr. Yataro Tajima was elected the 4th Director.
	Oct. 1	Animal Section was added in the Genetic Stock Center.
1976	Oct. 1	Microbial Section was added in the Genetic Stock Center.
1983	Oct. 1	Dr. Ei Matsunaga was elected the 5th Director.
1984	Apr. 12	Reorganized as an inter-university research institute for joint use by universities. The DNA Research Center (DNA Structure and Recombinant DNA Laboratories) and the Experimental Farm were established. The Genetic Stock Research Center was expanded into five laboratories: the Genetic Resources Laboratory was added and the Animal Section was divided into the Mammalian and Invertebrate Laboratories.
1985	Apr. 1	The DNA Synthesis and DNA Data Analysis Laboratories were added in the DNA Research Center.
1987	Jan. 12	The DNA Data Bank of Japan began its operations.
1988	Apr. 8	The Radio-isotope Center was established. The Gene Library Laboratory was added in the DNA Research Center.
	Oct. 1	The Graduate University for Advanced Studies was established. The Department of Genetics, School of Life Science of the University began accepting students.
1989	Oct. 1	Dr. Jun-ichi Tomizawa was elected the 6th Director.
1993	Apr. 1	The Mammalian Development Laboratory was added in the Genetic Stock Research Center.
1994	Jun. 24	The Gene Function Research Laboratory was added in the DNA Research Center.
1995	Apr. 1	The Center for Information Biology was established.
1996	May. 11	The DNA Research Center was reorganized as the Structural Biology Center consisting of 5 laboratories (Biological Macromolecules, Molecular Biomechanism, Multicellular Organization, Biomolecular Structure and Gene Network).
1997	Apr. 1	The Genetic Stock Research Center was reorganized as the Genetic Strains Research Center consisting of 5 laboratories (Mammalian Genetics, Mammalian Development, Plant Genetics, Microbial Genetics and Invertebrate

		(マウス系統研究分野哺乳動物遺伝研究室・発生工学研究室、イネ系統研究分野植物遺伝研究室、大腸菌系統研究分野原核生物遺伝研究室、無脊椎動物系統研究分野無脊椎動物遺伝研究室の5研究室振替) 生物遺伝資源情報総合センター設置(系統情報研究室振替, 生物遺伝資源情報研究室設置)			
	10月1日	堀田凱樹 第7代所長就任			
1998年	4月9日	個体遺伝研究系に初期発生研究部門を設置, 総合遺伝研究系に脳機能研究部門を設置		1998	Oct. 1 Apr. 9
2001年	4月1日	生命情報・DDBJ研究センター設置(生命情報研究センターの改組)(分子分類研究室振替, データベース運用開発研究室設置, 遺伝子発現解析研究室設置)		2001	Apr. 1
2002年	4月1日	系統生物研究センターに遺伝子改変系統開発研究分野マウス開発研究室, 小型魚類開発研究室を設置		2002	Apr. 1
2003年	4月1日	分子遺伝研究系に分子機構研究室, 系統生物研究センターに新分野創造研究室, 生物遺伝資源情報総合センターに比較ゲノム解析研究室, 広報知財権研究室を設置		2003	Apr. 1
2004年	4月1日	大学共同利用機関法人情報・システム研究機構国立遺伝学研究所設置			
	12月1日	小原雄治 第8代所長就任			
2005年	4月1日	知的財産室を設置(2018年4月1日付産学連携・知的財産室に改称)		2004	Apr. 1
2006年	4月1日	新分野創造センター設置(細胞系譜研究室, 神経形態研究室, 細胞建築研究室設置)			
2011年	10月1日	先端ゲノミクス推進センター設置		2005	Dec. 1 Apr. 1
2012年	4月1日	研究センターの改組、共同利用事業センター(生物遺伝資源センター、DDBJセンター)、支援センター(情報基盤ユニット、マウス研究支援ユニット)を設置		2006	Apr. 1
	12月1日	桂 勲 第9代所長就任			
2014年	4月1日	リサーチ・アドミニストレーター室を設置		2011	Oct. 1
2015年	4月1日	動物飼育実験施設を設置, 女性研究者活動支援室を設置(2017年4月1日付男女共同参画推進室に改称)		2012	Apr. 1
2018年	12月	花岡文雄 第10代所長就任			
2019年	1月	既存の5研究系、3研究センター(系統生物研究センター、構造遺伝学研究センター、生命情報研究センター)、実験圃場、放射線・RIセンターを廃止。新たに、4つの研究系(情報研究系、ゲノム・進化研究系、遺伝形質研究系、遺伝メカニズム研究系)を設置。共同利用事業センターであるDDBJセンターを生命情報・DDBJセンターに名称変更。支援センターの改組(放射線・アイントープユニットの設置等)		2014	Dec. 1 Apr. 1 Apr. 1 Dec. 1 Jan. 1
				2015	Apr. 1
				2018	Dec. 1
				2019	Jan. 1



# Publications in 2018

Journal Title	# of published	Journal Title	# of published	Journal Title	# of published
<i>Science</i>	2	<i>Nature Chemical Biology</i>	1	<i>PNAS</i>	4
<i>Cell</i>	1	<i>Nature Struct. &amp; Mol. Biol.</i>	2	<i>Genes &amp; Development</i>	3
<i>Nature Genetics</i>	2	<i>Nature Communications</i>	3	<i>Current Biology</i>	3
<i>Nature Methods</i>	1	<i>Nucleic Acids Reserach</i>	3		
<i>Cell Stem Cell</i>	1	<i>Mol. Biol. and Evol.</i>	1		

- Ameku, T., Yoshinari, Y., Texada, M.J., Kondo, S., Amezawa, K., Yoshizaki, G., Shimada-Niwa, Y., and Niwa, R. (2018). Midgut-derived neuropeptide F controls germline stem cell proliferation in a mating-dependent manner. *PLoS Biol.* 16, e2005004.
- An, Y., Kawaguchi, A., Zhao, C., Toyoda, A., Sharifi-Zarchi, A., Mousavi, S.A., Bagherzadeh, R., Inoue, T., Ogino, H., Fujiyama, A., et al. (2018). Draft genome of *Dugesia japonica* provides insights into conserved regulatory elements of the brain restriction gene *nou-darake* in planarians. *Zool. Lett.* 4, 24.
- Ando, T., Matsuda, T., Goto, K., Hara, K., Ito, A., Hirata, J., Yatomi, J., Kajitani, R., Okuno, M., Yamaguchi, K., et al. (2018). Repeated inversions within a pannier intron drive diversification of intraspecific colour patterns of ladybird beetles. *Nat. Commun.* 9, 3843.
- Asakawa, K., and Kawakami, K. (2018). Protocadherin-Mediated Cell Repulsion Controls the Central Topography and Efferent Projections of the Abducens Nucleus. *Cell Rep.* 24, 1562–1572.
- Burla, B., Arita, M., Arita, M., Bendt, A.K., Cazenave-Gassiot, A., Dennis, E.A., Ekroos, K., Han, X., Ikeda, K., Liebis, G., et al. (2018). MS-based lipidomics of human blood plasma: a community-initiated position paper to develop accepted guidelines. *J. Lipid Res.* 59, 2001–2017.
- Eaton, J.D., Davidson, L., Bauer, D.L.V., Natsume, T., Kanemaki, M.T., and West, S. (2018). Xrn2 accelerates termination by RNA polymerase II, which is underpinned by CPSF73 activity. *Genes Dev.* 32, 127–139.
- Endo, A., Maeno, S., Tanizawa, Y., Kneifel, W., Arita, M., Dicks, L., and Salminen, S. (2018). Fructophilic Lactic Acid Bacteria, a Unique Group of Fructose-Fermenting Microbes. *Appl. Environ. Microbiol.* 84, e01290-18.
- Enya, S., Kawakami, K., Suzuki, Y., and Kawaoka, S. (2018). A novel zebrafish intestinal tumor model reveals a role for *cyp7a1*-dependent tumor-liver crosstalk in causing adverse effects on the host. *Dis. Model. Mech.* 11, dmm032383.
- Förster, D., Kramer, A., Baier, H., and Kubo, F. (2018). Optogenetic precision toolkit to reveal form, function and connectivity of single neurons. *Methods* 150, 42–48.
- Fujimoto, M., Sazuka, T., Oda, Y., Kawahigashi, H., Wu, J., Takanashi, H., Ohnishi, T., Yoneda, J.-I., Ishimori, M., Kajiya-Kanegae, H., et al. (2018). An adjustment in BMP4 function represents a treatment for pith parenchyma of sorghum stems. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 115, E8783–E8792.
- Fujita, Y., Tominaga, T., Abe, H., Kangawa, Y., Fukushima, N., Ueda, O., Jishage, K.-I., Kishi, S., Murakami, T., Saga, Y., et al. (2018). An adjustment in BMP4 function represents a treatment for diabetic nephropathy and podocyte injury. *Sci. Rep.* 8, 13011.
- Fukuda, K., Masuda, A., Naka, T., Suzuki, A., Kato, Y., and Saga, Y. (2018). Requirement of the 3'-UTR-dependent suppression of *DAZL* in oocytes for pre-implantation mouse development. *PLoS Genet.* 14, e1007436.
- Gaouda, H., Hamaji, T., Yamamoto, K., Kawai-Toyooka, H., Suzuki, M., Noguchi, H., Minakuchi, Y., Toyoda, A., Fujiyama, A., Nozaki, H., et al. (2018). Exploring the Limits and Causes of Plastid Genome Expansion in *Volvocine Green Algae*. *Genome Biol. Evol.* 10, 2248–2254.
- Gibcus, J.H., Samejima, K., Goloborodko, A., Samejima, I., Naumova, N., Nuebler, J., Kanemaki, M.T., Xie, L., Paulson, J.R., Earnshaw, W.C., et al. (2018). A pathway for mitotic chromosome formation. *Science* 359, eaao6135.
- Gupta, A., and Kitagawa, D. (2018). Ultrastructural diversity between centrioles of eukaryotes. *J. Biochem.* 164, 1–8.
- Hamaji, T., Kawai-Toyooka, H., Uchimura, H., Suzuki, M., Noguchi, H., Minakuchi, Y., Toyoda, A., Fujiyama, A., Miyagishima, S.-Y., Umen, J.G., et al. (2018). Anisogamy evolved with a reduced sex-determining region in *volvocine green algae*. *Commun. Biol.* 1, 17.
- Hanada, K., Tezuka, A., Nozawa, M., Suzuki, Y., Sugano, S., Nagano, A.J., Ito, M., and Morinaga, S.-I. (2018). Functional divergence of duplicate genes several million years after gene duplication in *Arabidopsis*. *DNA Res.* 25, 327–339.
- Hansen, J.C., Connolly, M., McDonald, C.J., Pan, A., Pryamkova, A., Ray, K., Seidel, E., Tamura, S., Rogge, R., and Maeshima, K. (2018). The 10-nm chromatin fiber and its relationship to interphase chromosome organization. *Biochem. Soc. Trans.* 46, 67–76.
- Higaki, S., Todo, T., Teshima, R., Tooyama, I., Fujioka, Y., Sakai, N., and Takada, T. (2018). Cryopreservation of male and female gonial cells by vitrification in the critically endangered cyprinid *honmoro* *Gnathopogon caeruleus*. *Fish Physiol. Biochem.* 44, 503–513.
- Higashi, K., Kawai, Y., Baba, T., Kurokawa, K., and Oshima, T. (2018). Essential cellular modules for the proliferation of the primitive cell. *Geosci. Front.* 9, 1155–1161.
- Higashi, K., Suzuki, S., Kurosawa, S., Mori, H., and Kurokawa, K. (2018). Latent environment allocation of microbial community data. *PLoS Comput. Biol.* 14, e1006143.
- Hizume, K., Endo, S., Muramatsu, S., Kobayashi, T., and Araki, H. (2018). DNA polymerase  $\epsilon$ -dependent modulation of the pausing property of the CMG helicase at the barrier. *Genes Dev.* 32, 1315–1320.
- Honda, E., Yew, C.-L., Yoshikawa, T., Sato, Y., Hibara, K.-I., and Itoh, J.-I. (2018). LEAF LATERAL SYMMETRY1, a Member of the WUSCHEL-RELATED HOMEBOX3 Gene Family, Regulates Lateral Organ Development Differentially from Other Paralogs, NARROW LEAF2 and NARROW LEAF3 in Rice. *Plant Cell Physiol.* 59, 376–391.
- Hori, K., Yamada, Y., Purwanto, R., Minakuchi, Y., Toyoda, A., Hirakawa, H., and Sato, F. (2018). Mining of the Uncharacterized Cytochrome P450 Genes Involved in Alkaloid Biosynthesis in California Poppy Using a Draft Genome Sequence. *Plant Cell Physiol.* 59, 222–233.
- Horikawa, Y., Hosomichi, K., Enya, M., Ishiura, H., Suzuki, Y., Tsuji, S., Sugano, S., Inoue, I., and Takeda, J. (2018). No novel, high penetrant gene might remain to be found in Japanese patients with unknown MODY. *J. Hum. Genet.* 63, 821–829.
- Hosaka, A., and Kakutani, T. (2018). Transposable elements, genome evolution and transgenerational epigenetic variation. *Curr. Opin. Genet. Dev.* 49, 43–48.
- Ichino, F., Bono, H., Nakazato, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Iwabuchi, K., Sato, R., and Tabunoki, H. (2018). Construction of a simple evaluation system for the intestinal absorption of an orally administered medicine using *Bombyx mori* larvae. *Drug Discov. Ther.* 12, 7–15.
- Igarashi, Y., Zhang, H., Tan, E., Sekino, M., Yoshitake, K., Kinoshita, S., Mitsuyama, S., Yoshinaga, T., Chow, S., Kurogi, H., et al. (2018). Whole-Genome Sequencing of 84 Japanese Eels Reveals Evidence against Panmixia and Support for Sympatric Speciation. *Genes (Basel)* 9, E474.
- Iida, N., Okuda, Y., Ogasawara, O., Yamashita, S., Takeshima, H., and Ushijima, T. (2018). MACON: a web tool for computing DNA methylation data obtained by the Illumina Infinium Human DNA methylation BeadArray. *Epigenomics* 10, 249–258.
- Ikebe, R., Kuwabara, Y., Chikada, T., Niki, H., and Shiom, D. (2018). The periplasmic disordered domain of RodZ promotes its self-interaction in *Escherichia coli*. *Genes Cells* 23, 307–317.
- Inahashi, H., Shelley, I.J., Yamauchi, T., Nishiuchi, S., Takahashi-Nosaka, M., Matsunami, M., Ogawa, A., Noda, Y., and Inukai, Y. (2018). OsPIN2, which encodes a member of the auxin efflux carrier proteins, is involved in root elongation growth and lateral root formation patterns via the regulation of auxin distribution in rice. *Physiol. Plant.* 164, 216–225.
- Ishimine, M., Lee, H.-C., Nakaoka, H., Orita, H., Kobayashi, T., Mizuguchi, K., Endo, M., Inoue, I., Sato, K., and Yokomizo, T. (2018). The Relationship between TP53 Gene Status and Carboxylesterase 2 Expression in Human Colorectal Cancer. *Dis. Markers* 2018, 5280736.
- Ishiura, H., Doi, K., Mitsui, J., Yoshimura, J., Matsukawa, M.K., Fujiyama, A., Toyoshima, Y., Kakita, A., Takahashi, H., Suzuki, Y., et al. (2018). Expansions of intronic TTTCA and TTTTA repeats in benign adult familial myoclonic epilepsy. *Nat. Genet.* 50, 581–590.
- Itoh, H., Miura, A., Matsui, M., Arazoe, T., Nishida, K., Kumagai, T., Arita, M., Tamano, K., Machida, M., and Shibata, T. (2018). Knockout of the SREBP system increases production of the polyketide FR901512 in filamentous fungal sp. No. 14919 and lovastatin in *Aspergillus terreus* ATCC20542. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 102, 1393–1405.
- Itoh, H., Matsui, M., Miyamura, Y., Takeda, I., Ishii, J., Kumagai, T., Machida, M., Shibata, T., and Arita, M. (2018). Biosynthesis of Novel Statins by Combining Heterologous Genes from *Xylaria* and *Aspergillus*. *ACS Synth. Biol.* 2018 7, 2783–2789.
- Itoh, K., Akimoto, Y., Kondo, S., Ichimiya, T., Aoki, K., Tiemeyer, M., and Nishihara, S. (2018). Glucuronylated core 1 glycans are required for precise localization of neuromuscular junctions and normal formation of basement membranes on *Drosophila* muscles. *Dev. Biol.* 436, 108–124.
- Iwasaki, M., Kuroda, J., Kawakami, K., and Wada, H. (2018). Epidermal regulation of bone morphogenesis through the development and regeneration of osteoblasts in the zebrafish scale. *Dev. Biol.* 437, 105–119.
- Iwasato, T., and Erzurumlu, R.S. (2018). Development of tactile sensory circuits in the CNS. *Curr. Opin. Neurobiol.* 53, 66–75.
- Joseph, B., Kondo, S., and Lai, E.C. (2018). Short cryptic exons mediate recursive splicing in *Drosophila*. *Nat. Struct. Mol. Biol.* 25, 365–371.
- Kakioka, R., Muto, N., Takeshima, H., Gaje, A.C., Cruz, R.S., Alama, U.B., Guzman, A.M.T., Traifalgar, R.F.M., Babaran, R.P., Muda, O., et al. (2018). Cryptic genetic divergence in *Scolopsis taenioptera* (Periformes: Nemipteridae) in the western Pacific Ocean. *Ichthyol. Res.* 65, 92–100.
- Kamimura, Y., Tanaka, H., Kobayashi, Y., Shikanai, T., and Nishimura, Y. (2018). Chloroplast nucleoids as a transformable network revealed by live imaging with a microfluidic device. *Commun. Biol.* 1, 47.
- Kanesaki, Y., Hirose, M., Hirose, Y., Fujisawa, T., Nakamura, Y., Watanabe, S., Matsunaga, S., Uchida, H., and Murakami, A. (2018). Draft Genome Sequence of the Nitrogen-Fixing and Hormonia-Inducing Cyanobacterium *Nostoc cycaecae* Strain WK-1, Isolated from the Coraloid Roots of *Cycas revoluta*. *Genome Announc.* 6, e00021-18.
- Karsch-Mizrachi, I., Takagi, T., Cochrane, G., International Nucleotide Sequence Database, and Collaboration (2018). The international nucleotide sequence database collaboration. *Nucleic Acids Res.* 46, D48–D51.
- Katayama, Y., Sakamoto, T., Takanami, K., and Takei, Y. (2018). The Amphibious Mudskipper: A Unique Model Bridging the Gap of Central Actions of Osmoregulatory Hormones Between Terrestrial and Aquatic Vertebrates. *Front. Physiol.* 9, 1112.
- Kawano, S., Fujisawa, H., Takada, T., and Shiroishi, T. (2018). Sparse principal component regression for generalized linear models. *Comput. Stat. Data Anal.* 124, 180–196.
- Kawashima, S., Katayama, T., Hatanaka, H., Kushida, T., and Takagi, T. (2018). NBDC RDF portal: a comprehensive repository for semantic data in life sciences. *Database (Oxford)* 2018, bay123.
- Kinjo, S., Monma, N., Misu, S., Kitamura, N., Imoto, J., Yoshitake, K., Gojbori, T., and Ikeo, K. (2018). Maser: one-stop platform for NGS big data from analysis to visualization. *Database (Oxford)* 2018, bay027.
- Kinjo, S., Kiyomoto, M., Yamamoto, T., Ikeo, K., and Yaguchi, S. (2018). HpBase: A genome database of a sea urchin, *Hemicentrotus pulcherrimus*. *Dev. Growth Differ.* 60, 174–182.
- Kishimoto, K., Washio, Y., Yoshiura, Y., Toyoda, A., Ueno, T., Fukuyama, H., Kato, K., and Kinoshita, M. (2018). Production of a breed of red sea bream *Pagrus major* with an increase of skeletal muscle mass and reduced body length by genome editing with CRISPR/Cas9. *Aquaculture* 495, 415–427.
- Kitazumi, A., Pabuayon, I.C.M., Ohyanagi, H., Fujita, M., Osti, B., Shenton, M.R., Kakei, Y., Nakamura, Y., Brar, D.S., Kurata, N., et al. (2018). Potential of *Oryza officinalis* to augment the cold tolerance genetic mechanisms of *Oryza sativa* by network complementation. *Sci. Rep.* 8, 16346.
- Kobiyama, A., Ikeo, K., Reza, M.S., Rashid, J., Yamada, Y., Ikeda, Y., Ikeda, D., Mizusawa, N., Sato, S., Ogata, T., et al. (2018). Metagenome-based diversity analyses suggest a strong locality signal for bacterial communities associated with oyster aquaculture farms in Ofunato Bay. *Gene* 665, 149–154.
- Kodama, Y., Mashima, J., Kosuge, T., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Nakamura, Y., and Takagi, T. (2018). DNA Data Bank of Japan: 30th anniversary. *Nucleic Acids Res.* 46, D30–D35.
- Kondo, M., Sekine, T., Miyakoshi, T., Kitajima, K., Egawa, S., Seki, R., Abe, G., and Tamura, K. (2018).

- Flight feather development: its early specialization during embryogenesis. *Zool. Lett.* 4, 2.
- Konno, Y., Nagaoka, S., Kimura, I., Takahashi Ueda, M., Kumata, R., Ito, J., Nakagawa, S., Kobayashi, T., Koyanagi, Y., and Sato, K. (2018). A naturally occurring feline APOBEC3 variant that loses anti-lentiviral activity by lacking two amino acid residues. *J. Gen. Virol.* 99, 704-709.
- Kudo, T., Kobiyama, A., Rashid, J., Reza, M.S., Yamada, Y., Ikeda, Y., Ikeda, D., Mizusawa, N., Ikeo, K., Sato, S., et al. (2018). Seasonal changes in the abundance of bacterial genes related to dimethylsulfoniopropionate catabolism in seawater from Ofunato Bay revealed by metagenomic analysis. *Gene* 665, 174-184.
- Kudoh, T., Takahashi, M., Osabe, T., Toyoda, A., Hirakawa, H., Suzuki, Y., Ohmido, N., and Onodera, Y. (2018). Molecular insights into the non-recombining nature of the spinach male-determining region. *Mol. Genet. Genomics* 293, 557-568.
- Kume, M., Mori, S., Kitano, J., Sumi, T., and Nishida, S. (2018). Impact of the huge 2011 Tohoku-oki tsunami on the phenotypes and genotypes of Japanese coastal threespine stickleback populations. *Sci. Rep.* 8, 1684.
- Kurosaki, T., Miyoshi, K., Myers, J.R., and Maquat, L.E. (2018). NMD-degradome sequencing reveals ribosome-bound intermediates with 3'-end non-templated nucleotides. *Nat. Struct. Mol. Biol.* 25, 940-950.
- Lai, Z., Tsugawa, H., Wohlgemuth, G., Mehta, S., Mueller, M., Zheng, Y., Ogiwara, A., Meissen, J., Showalter, M., Takeuchi, K., et al. (2018). Identifying metabolites by integrating metabolome databases with mass spectrometry cheminformatics. *Nat. Methods* 15, 53-56.
- Lal, P., Tanabe, H., Suster, M.L., Ailani, D., Kotani, Y., Muto, A., Itoh, M., Iwasaki, M., Wada, H., Yaksi, E., et al. (2018). Identification of a neuronal population in the telencephalon essential for fear conditioning in zebrafish. *BMC Biol.* 16, 45.
- Leacock, S., Syed, P., James, V.M., Bode, A., Kawakami, K., Keramidis, A., Suster, M., Lynch, J.W., and Harvey, R.J. (2018). Structure/Function Studies of the  $\alpha 4$  Subunit Reveal Evolutionary Loss of a GlyR Subtype Involved in Startle and Escape Responses. *Front. Mol. Neurosci.* 11, 23.
- Lopez-Baez, J.C., Simpson, D.J., Lleras Forero, L., Zeng, Z., Brunsdon, H., Salzano, A., Brombin, A., Wyatt, C., Rybski, W., Huitema, L.F.A., et al. (2018). Wilms Tumor 1b defines a wound-specific sheath cell subpopulation associated with notochord repair. *Elife* 7, e30657.
- Maeno, A., and Tsuda, K. (2018). Micro-computed Tomography to Visualize Vascular Networks in Maize Stems. *BIO-PROTOCOL* 8, e2682.
- Maeshima, K., Matsuda, T., Shindo, Y., Imamura, H., Tamura, S., Imai, R., Kawakami, S., Nagashima, R., Soga, T., Noji, H., et al. (2018). A Transient Rise in Free Mg<sup>2+</sup> Ions Released from ATP-Mg Hydrolysis Contributes to Mitotic Chromosome Condensation. *Curr. Biol.* 28, 444-451.
- Maeshima, K., Tamura, S., and Shimamoto, Y. (2018). Chromatin as a nuclear spring. *Biophys. Physicobiology* 15, 189-195.
- Maeshima, K., Hibino, K., and Hudson, D.F. (2018). Condensins under the microscope. *J. Cell Biol.* 217, 2229-2231.
- Manning, S.A., Dent, L.G., Kondo, S., Zhao, Z.W., Plachta, N., and Harvey, K.F. (2018). Dynamic Fluctuations in Subcellular Localization of the Hippo Pathway Effector Yorkie In Vivo. *Curr. Biol.* 28, 1651-1660.
- MARUYAMA, S., KUROKAWA, K., and ISOZAKI, Y. (2018). Overview of the Special Issue "The Hadean World (Part I): The Birth of a Habitable Trinity Planet." *J. Geogr. (Chigaku Zasshi)* 127, 573-576.
- Masumoto, H., and Matsuyama, S. (2018). The combination of NAD<sup>+</sup>-dependent deacetylase gene deletion and the interruption of gluconeogenesis causes increased glucose metabolism in budding yeast. *PLoS One* 13, e0194942.
- Matsumoto, T., and Akashi, H. (2018). Distinguishing Among Evolutionary Forces Acting on Genome-Wide Base Composition: Computer Simulation Analysis of Approximate Methods for Inferring Site Frequency Spectra of Derived Mutations. *G3 (Bethesda)*. 8, 1755-1769.
- McColl, H., Racimo, F., Vinner, L., Demeter, F., Gakuhari, T., Moreno-Mayar, J.V., van Driem, G., Gram Wilken, U., Seguin-Orlando, A., de la Fuente Castro, C., et al. (2018). The prehistoric peopling of Southeast Asia. *Science* 361, 88-92.
- Minami, A., Yano, K., Gamuyao, R., Nagai, K., Kuroha, T., Ayano, M., Nakamori, M., Koike, M., Kondo, Y., Niimi, Y., et al. (2018). Time-Course Transcriptomics Analysis Reveals Key Responses of Submerged Deepwater Rice to Flooding. *Plant Physiol.* 176, 3081-3102.
- Minamino, M., Tei, S., Negishi, L., Kanemaki, M.T., Yoshimura, A., Sutani, T., Bando, M., and Shirahige, K. (2018). Temporal Regulation of ESCO2 Degradation by the MCM Complex, the CUL4-DBP1-VPRBP Complex, and the Anaphase-Promoting Complex. *Curr. Biol.* 28, 2665-2672.
- Myasaka, Y., Uno, Y., Yoshimi, K., Kunihiro, Y., Yoshimura, T., Tanaka, T., Ishikubo, H., Hiraoka, Y., Takemoto, N., Tanaka, T., et al. (2018). CLICK: one-step generation of conditional knockout mice. *BMC Genomics* 19, 318.
- Mizuno, H., Ikezoe, K., Nakazawa, S., Sato, T., Kitamura, K., and Iwasato, T. (2018). Patchwork-Type Spontaneous Activity in Neonatal Barrel Cortex Layer 4 Transmitted by Thalamocortical Projections. *Cell Rep.* 22, 123-135.
- Mizuno, H., Nakazawa, S., and Iwasato, T. (2018). In Vivo Two-photon Imaging of Cortical Neurons in Neonatal Mice. *J. Vis. Exp.* 140, e58340.
- Mizuta, Y., and Tsuda, K. (2018). Three-Dimensional Multiphoton Imaging of Transcription Factor by ClearSee. *Methods Mol. Biol.* 1830, 257-268.
- Mokodongan, D.F., Montenegro, J., Mochida, K., Fujimoto, S., Ishikawa, A., Kakioka, R., Yong, L., Mulis, Hadiaty, R.K., Mandagi, I.F., et al. (2018). Phylogenomics reveals habitat-associated body shape divergence in *Oryzias wovora* species group (Teleostei: Adrianichthyidae). *Mol. Phylogenet. Evol.* 118, 194-203.
- Mori, H., Maruyama, T., Yano, M., Yamada, T., and Kurokawa, K. (2018). VITCOMIC2: visualization tool for the phylogenetic composition of microbial communities based on 16S rRNA gene amplicons and metagenomic shotgun sequencing. *BMC Syst. Biol.* 12, 30.
- Mouri, K., Sagai, T., Maeno, A., Amano, T., Toyoda, A., and Shiroishi, T. (2018). Enhancer adoption caused by genomic insertion elicits interdigital Shh expression and syndactyly in mouse. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 115, 1021-1026.
- Murakami, T., Segawa, T., Takeuchi, N., Barcasa Sepúlveda, G., Labarca, P., Kohshima, S., and Hongoh, Y. (2018). Metagenomic analyses highlight the symbiotic association between the glacier stonefly *Andiperla willinki* and its bacterial gut community. *Environ. Microbiol.* 20, 4170-4183.
- Murayama, Y. (2018). DNA entry, exit and second DNA capture by cohesin: insights from biochemical experiments. *Nucleus* 9, 492-502.
- Muto, A., and Kawakami, K. (2018). Ablation of a Neuronal Population Using a Two-photon Laser and Its Assessment Using Calcium Imaging and Behavioral Recording in Zebrafish Larvae. *J. Vis. Exp.* 136, e57485.
- Nagashima, Y., Tsugawa, S., Mochizuki, A., Sasaki, T., Fukuda, H., and Oda, Y. (2018). A Rho-based reaction-diffusion system governs cell wall patterning in metaxylem vessels. *Sci. Rep.* 8, 11542.
- Nagayama, H., Matsumoto, Y., Tanave, A., Nihei, M., Goto, T., and Koide, T. (2018). Measuring Active and Passive Tameness Separately in Mice. *J. Vis. Exp.* 138, e58048.
- Nakanaga, K., Ogura, Y., Toyoda, A., Yoshida, M., Fukano, H., Fujiwara, N., Miyamoto, Y., Nakata, N., Kazumi, Y., Maeda, S., et al. (2018). Naturally occurring a loss of a giant plasmid from *Mycobacterium ulcerans* subsp. *shinshuense* makes it non-pathogenic. *Sci. Rep.* 8, 8218.
- Nakazawa, S., Mizuno, H., and Iwasato, T. (2018). Differential dynamics of cortical neuron dendritic trees revealed by long-term in vivo imaging in neonates. *Nat. Commun.* 9, 3106.
- Naruse, M., Takahashi, H., Kurata, N., and Ito, Y. (2018). Cytokinin-induced expression of OSH1 in a shoot-regenerating rice callus. *Plant Biotechnol.* 35, 267-272.
- Nishimura, T., Yamada, K., Fujimori, C., Kikuchi, M., Kawasaki, T., Siegfried, K.R., Sakai, N., and Tanaka, M. (2018). Germ cells in the teleost fish medaka have an inherent feminizing effect. *PLoS Genet.* 14, e1007259.
- Nishioka, K., Wang, X.-F., Miyazaki, H., Soejima, H., and Hirose, S. (2018). Mbf1 ensures Polycomb silencing by protecting E(z) mRNA from degradation by Pacman. *Development* 145, dev162461.
- Nishiyama, E., Higashi, K., Mori, H., Suda, K., Nakamura, H., Omori, S., Maruyama, S., Hongoh, Y., and Kurokawa, K. (2018). The Relationship Between Microbial Community Structures and Environmental Parameters Revealed by Metagenomic Analysis of Hot Spring Water in the Kirishima Area, Japan. *Front. Bioeng. Biotechnol.* 6, 202.
- Nishiyama, T., Sakayama, H., de Vries, J., Buschmann, H., Saint-Marcoux, D., Ullrich, K.K., Haas, F.B., Vanderstraeten, L., Becker, D., Lang, D., et al. (2018). The Chara Genome: Secondary Complexity and Implications for Plant Terrestrialization. *Cell* 174, 448-464.e24.
- Nonomura, K.-I. (2018). Small RNA pathways responsible for non-cell-autonomous regulation of plant reproduction. *Plant Reprod.* 31, 21-29.
- Nozaki, S., Furuya, K., and Niki, H. (2018). The Ras1-Cdc42 pathway is involved in hyphal development of *Schizosaccharomyces japonicus*. *FEMS Yeast Res.* 18, foy031.
- Nozawa, M., Ikeo, K., and Gojobori, T. (2018). Gene-by-Gene or Localized Dosage Compensation on the Neo-X Chromosome in *Drosophila miranda*. *Genome Biol. Evol.* 10, 1875-1881.
- Oda, Y. (2018). Emerging roles of cortical microtubule-membrane interactions. *J. Plant Res.* 131, 5-14.
- Odaka, Y.S., Tohmonda, T., Toyoda, A., and Aruga, J. (2018). An Evolutionarily Conserved Mesodermal Enhancer in Vertebrate *Zic3*. *Sci. Rep.* 8, 14954.
- Ogura, Y., Seto, K., Morimoto, Y., Nakamura, K., Sato, M.P., Gotoh, Y., Itoh, T., Toyoda, A., Ohnishi, M., and Hayashi, T. (2018). Genomic Characterization of  $\beta$ -Glucuronidase-Positive *Escherichia coli* O157:H7 Producing Stx2a. *Emerg. Infect. Dis.* 24, 2219-2227.
- Ohta, M., Watanabe, K., Ashikawa, T., Nozaki, Y., Yoshida, S., Kimura, A., and Kitagawa, D. (2018). Bimodal Binding of STIL to Plk4 Controls Proper Centriole Copy Number. *Cell Rep.* 23, 3160-3169. e4.
- Ohta, T., Kawashima, T., Shinozaki, N.O., Dobashi, A., Hiraoka, S., Hoshino, T., Kanno, K., Kataoka, T., Kawashima, S., Matsui, M., et al. (2018). Collaborative environmental DNA sampling from petal surfaces of flowering cherry *Cerasus*  $\times$  *yedensis* "Somei-yoshino" across the Japanese archipelago. *J. Plant Res.* 131, 709-717.
- Ohyang, H., Nakamura, Y., and Yano, K. (2018). Plant and Cell Physiology's 2018 Database Issue and Beyond. *Plant Cell Physiol.* 59, 1-2.
- Okamoto, Y., Iwasaki, W.M., Kugou, K., Takahashi, K.K., Oda, A., Sato, K., Kobayashi, W., Kawai, H., Sakasai, R., Takaori-Kondo, A., et al. (2018). Replication stress induces accumulation of FANCD2 at central region of large fragile genes. *Nucleic Acids Res.* 46, 2932-2944.
- Okazaki, K., Kato, H., Iida, T., Shinmyozu, K., Nakayama, J.-I., Murakami, Y., and Urano, T. (2018). RNAi-dependent heterochromatin assembly in fission yeast *Schizosaccharomyces pombe* requires heat-shock molecular chaperones Hsp90 and Mas5. *Epigenetics Chromatin* 11, 26.
- Oki, S., Ohta, T., Shioi, G., Hatanaka, H., Ogasawara, O., Okuda, Y., Kawaji, H., Nakaki, R., Sese, J., and Meno, C. (2018). ChIP-Atlas: a data-mining suite powered by full integration of public ChIP-seq data. *EMBO Rep.* 19, e46255.
- Okumura, M., Natsume, T., Kanemaki, M.T., and Kiyomitsu, T. (2018). Dynein-Dynactin-NuMA clusters generate cortical spindle-pulling forces as a multi-arm ensemble. *Elife* 7, e36559.
- Ono, S., and Nonomura, K.-I. (2018). Microscopic Observation of Subcellular GFP-tagged Protein Localization in Rice Anthers. *BIO-PROTOCOL* Bio101, e2956.
- Ono, S., Liu, H., Tsuda, K., Fukai, E., Tanaka, K., Sasaki, T., and Nonomura, K.-I. (2018). EAT1 transcription factor, a non-cell-autonomous regulator of pollen production, activates meiotic small RNA biogenesis in rice anther tapetum. *PLoS Genet.* 14, e1007238.
- Park, J., Kondo, S., Tanimoto, H., Kohsaka, H., and Nose, A. (2018). Data-driven analysis of motor activity implicates 5-HT2A neurons in backward locomotion of larval *Drosophila*. *Sci. Rep.* 8, 10307.
- Platani, M., Samejima, I., Samejima, K., Kanemaki, M.T., and Earnshaw, W.C. (2018). Seh1 targets GATOR2 and Nup153 to mitotic chromosomes. *J. Cell Sci.* 131, jcs213140.
- Pui, H.P., and Saga, Y. (2018). NANOS2 acts as an intrinsic regulator of gonocytes-to-spermatogonia transition in the murine testes. *Mech. Dev.* 149, 27-40.
- Rashid, J., Kobiyama, A., Reza, M.S., Yamada, Y., Ikeda, Y., Ikeda, D., Mizusawa, N., Ikeo, K., Sato, S., Ogata, T., et al. (2018). Seasonal changes in the communities of photosynthetic picoeukaryotes in Ofunato Bay as revealed by shotgun metagenomic sequencing. *Gene* 665, 127-132.
- Ravinet, M., Yoshida, K., Shigenobu, S., Toyoda, A., Fujiyama, A., and Kitano, J. (2018). The genomic landscape at a late stage of stickleback speciation: High genomic divergence interspersed by small localized regions of introgression. *PLoS Genet.* 14, e1007358.
- Reuscher, S., Furuta, T., Bessho-Uehara, K., Cosi, M., Jena, K.K., Toyoda, A., Fujiyama, A., Kurata, N., and Ashikari, M. (2018). Assembling the genome of the African wild rice *Oryza longistaminata* by exploiting synteny in closely related *Oryza* species. *Commun. Biol.* 1, 162.

- Reza, M.S., Mizusawa, N., Kumano, A., Oikawa, C., Ouchi, D., Kobiyama, A., Yamada, Y., Ikeda, Y., Ikeda, D., Ikeo, K., et al. (2018). Metagenomic analysis using 16S ribosomal RNA genes of a bacterial community in an urban stream, the Tama River, Tokyo. *Fish. Sci.* 84, 563–577.
- Reza, M.S., Kobiyama, A., Yamada, Y., Ikeda, Y., Ikeda, D., Mizusawa, N., Ikeo, K., Sato, S., Ogata, T., Jimbo, M., et al. (2018). Basin-scale seasonal changes in marine free-living bacterioplankton community in the Ofunato Bay. *Gene* 665, 185–191.
- Reza, M.S., Kobiyama, A., Yamada, Y., Ikeda, Y., Ikeda, D., Mizusawa, N., Ikeo, K., Sato, S., Ogata, T., Jimbo, M., et al. (2018). Taxonomic profiles in metagenomic analyses of free-living microbial communities in the Ofunato Bay. *Gene* 665, 192–200.
- Romero, V., Nakaoka, H., Hosomichi, K., and Inoue, I. (2018). High Order Formation and Evolution of Hornerin in Primates. *Genome Biol. Evol.* 10, 3167–3175.
- Sadahiro, T., Isomi, M., Muraoka, N., Kojima, H., Haginawa, S., Kurotsu, S., Tamura, F., Tani, H., Tohyama, S., Fujita, J., et al. (2018). Tbx6 Induces Nascent Mesoderm from Pluripotent Stem Cells and Temporally Controls Cardiac versus Somite Lineage Diversification. *Cell Stem Cell* 23, 382–395. e5.
- Saitou, N. (2018). Chance, Finiteness, and History. *Mol. Biol. Evol.* 35, 1556–1557.
- Sakiyama, M., Matsuo, H., Nakaoka, H., Kawamura, Y., Kawaguchi, M., Higashino, T., Nakayama, A., Akashi, A., Ueyama, J., Kondo, T., et al. (2018). Common variant of BCAS3 is associated with gout risk in Japanese population: the first replication study after gout GWAS in Han Chinese. *BMC Med. Genet.* 19, 96.
- Samejima, K., Booth, D.G., Ogawa, H., Paulson, J.R., Xie, L., Watson, C.A., Platani, M., Kanemaki, M.T., and Earnshaw, W.C. (2018). Functional analysis after rapid degradation of condensins and 3D-EM reveals chromatin volume is uncoupled from chromosome architecture in mitosis. *J. Cell Sci.* 131, jcs210187.
- Sardell, J.M., Cheng, C., Dagalils, A.J., Ishikawa, A., Kitano, J., Peichel, C.L., and Kirkpatrick, M. (2018). Sex Differences in Recombination in Sticklebacks. *G3 (Bethesda)*. 8, 1971–1983.
- Satti, M., Tanizawa, Y., Endo, A., and Arita, M. (2018). Comparative analysis of probiotic bacteria based on a new definition of core genome. *J. Bioinform. Comput. Biol.* 16, 1840012.
- Segawa, T., Matsuzaki, R., Takeuchi, N., Akiyoshi, A., Navarro, F., Sugiyama, S., Yonezawa, T., and Mori, H. (2018). Bipolar dispersal of red-snow algae. *Nat. Commun.* 9, 3094.
- Seo, H., Amano, T., Seki, R., Sagai, T., Kim, J., Cho, S.W., and Shiroishi, T. (2018). Upstream Enhancer Elements of Shh Regulate Oral and Dental Patterning. *J. Dent. Res.* 97, 1055–1063.
- Shen, Y., Wang, L., Hirose, S., Zhou, Z., and Liu, Q. (2018). The transcriptional factor Apt regulates neuroblast differentiation through activating CycE expression. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 499, 889–894.
- Shibata, E., Liu, Z., Kawasaki, T., Sakai, N., and Kawakami, A. (2018). Robust and local positional information within a fin ray directs fin length during zebrafish regeneration. *Dev. Growth Differ.* 60, 354–364.
- Shibuya, H., Watanabe, R., Maeno, A., Ichimura, K., Tamura, M., Wakana, S., Shiroishi, T., Ohba, K., Takeda, K., Tomita, H., et al. (2018). Melanocytes contribute to the vasculature of the choroid. *Genes Genet. Syst.* 93, 51–58.
- Shimamoto, Y., Tamura, S., and Maeshima, K. (2018). DNA Works as a Spring in the Cell! *Seibutsu Butsuri* 58, 024–026.
- Shiraki, T., and Kawakami, K. (2018). A tRNA-based multiplex sgRNA expression system in zebrafish and its application to generation of transgenic albino fish. *Sci. Rep.* 8, 13366.
- Stein, J.C., Yu, Y., Copetti, D., Zwickl, D.J., Zhang, L., Zhang, C., Chougule, K., Gao, D., Iwata, A., Goicoechea, J.L., et al. (2018). Genomes of 13 domesticated and wild rice relatives highlight genetic conservation, turnover and innovation across the genus *Oryza*. *Nat. Genet.* 50, 285–296.
- Suda, K., Nakaoka, H., Yoshihara, K., Ishiguro, T., Tamura, R., Mori, Y., Yamawaki, K., Adachi, S., Takahashi, T., Kase, H., et al. (2018). Clonal Expansion and Diversification of Cancer-Associated Mutations in Endometriosis and Normal Endometrium. *Cell Rep.* 24, 1777–1789.
- Sugihara, A., Nguyen, L.C., Shamim, H.M., Iida, T., Nakase, M., Takegawa, K., Senda, M., Jida, S., and Ueno, M. (2018). Mutation in fission yeast phosphatidylinositol 4-kinase Pik1 is synthetically lethal with defect in telomere protection protein Pot1. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 496, 1284–1290.
- Sugioaka, K., Fielmich, L.-E., Mizumoto, K., Bowerman, B., van den Heuvel, S., Kimura, A., and Sawa, H. (2018). Tumor suppressor APC is an attenuator of spindle-pulling forces during *C. elegans* asymmetric cell division. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 115, E954–E963.
- Sultana, Z., Asakura, A., Kinjo, S., Nozawa, M., Nakano, T., and Ikeo, K. (2018). Molecular phylogeny of ten intertidal hermit crabs of the genus *Pagurus* inferred from multiple mitochondrial genes, with special emphasis on the evolutionary relationship of *Pagurus lanuginosus* and *Pagurus maculosus*. *Genetica*.
- Suzuki, A., Ito, M., Hamaguchi, T., Mori, H., Takeda, Y., Baba, R., Watanabe, T., Kurokawa, K., Asakawa, S., Hirayama, M., et al. (2018). Quantification of hydrogen production by intestinal bacteria that are specifically dysregulated in Parkinson's disease. *PLoS One* 13, e0208313.
- Takagi, M., Ono, T., Natsume, T., Sakamoto, C., Nakao, M., Saitoh, N., Kanemaki, M.T., Hirano, T., and Imamoto, N. (2018). Ki-67 and condensins support the integrity of mitotic chromosomes through distinct mechanisms. *J. Cell Sci.* 131, jcs212092.
- Takahashi, K., Hayano, T., Sugimoto, R., Kashiwagi, H., Shinoda, M., Nishijima, Y., Suzuki, T., Suzuki, S., Ohnuki, Y., Kondo, A., et al. (2018). Exome and copy number variation analyses of Mayer-Rokitansky-Küster-Hauser syndrome. *Hum. Genome Var.* 5, 27.
- Takeuchi, Y., Ishikawa, A., Oda, Y., and Kitano, J. (2018). Laterialized expression of left-right axis formation genes is shared by adult brains of lefty and righty scale-eating cichlids. *Comp. Biochem. Physiol. Part D. Genomics Proteomics* 28, 99–106.
- Tamura, R., Yoshihara, K., Saito, T., Ishimura, R., Martínez-Ledesma, J.E., Xin, H., Ishiguro, T., Mori, Y., Yamawaki, K., Suda, K., et al. (2018). Novel therapeutic strategy for cervical cancer harboring FGFR3-TACC3 fusions. *Oncogenesis* 7, 4.
- Tamura, R., Nakaoka, H., Yoshihara, K., Mori, Y., Yachida, N., Nishikawa, N., Motoyama, T., Okuda, S., Inoue, I., and Enomoto, T. (2018). Novel MXD4-NUTM1 fusion transcript identified in primary ovarian undifferentiated small round cell sarcoma. *Genes. Chromosomes Cancer* 57, 557–563.
- Tanaka, W., and Arita, M. (2018). Physicochemical Prediction of Metabolite Fragmentation in Tandem Mass Spectrometry. *Mass Spectrom. (Tokyo, Japan)* 7, A0066.
- Tanizawa, Y., Fujisawa, T., and Nakamura, Y. (2018). DFAST: a flexible prokaryotic genome annotation pipeline for faster genome publication. *Bioinformatics* 34, 1037–1039.
- Tanizawa, Y., Tada, I., Kobayashi, H., Endo, A., Maeno, S., Toyoda, A., Arita, M., Nakamura, Y., Sakamoto, M., Ohkuma, M., et al. (2018). *Lactobacillus paragasseri* sp. nov., a sister taxon of *Lactobacillus gasseri*, based on whole-genome sequence analyses. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 68, 3512–3517.
- Terui, R., Nagao, K., Kawasoe, Y., Taki, K., Higashi, T.L., Tanaka, S., Nakagawa, T., Obuse, C., Masukata, H., and Takahashi, T.S. (2018). Nucleosomes around a mismatched base pair are excluded via an Msh2-dependent reaction with the aid of SNF2 family ATPase Smarcd1. *Genes Dev.* 32, 806–821.
- Tonosaki, K., Sekine, D., Ohnishi, T., Ono, A., Furuumi, H., Kurata, N., and Kinoshita, T. (2018). Overcoming the species hybridization barrier by ploidy manipulation in the genus *Oryza*. *Plant J.* 93, 534–544.
- Tonoyama, Y., Shinya, M., Toyoda, A., Kitano, T., Oga, A., Nishimaki, T., Katsumura, T., Oota, H., Yamane, H., Kurata, N., and Okada, K. (2018). Characterization of diterpene synthase genes in the wild rice species *Oryza brachyatha* provides evolutionary insight into rice phytoalexin biosynthesis. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 503, 1221–1227.
- Tsuji, T., Gotoh, H., Morita, S., Hirata, J., Minakuchi, Y., Yaginuma, T., Toyoda, A., and Niimi, T. (2018). Molecular Characterization of Eye Pigmentation-Related ABC Transporter Genes in the Ladybird Beetle *Harmonia axyridis* Reveals Striking Gene Duplication of the white Gene. *Zool. Sci.* 35, 260–267.
- Tsujimura, T., Takase, O., Yoshikawa, M., Sano, E., Hayashi, M., Takato, T., Toyoda, A., Okano, H., and Hishikawa, K. (2018). Control of directionality of chromatin folding for the inter- and intra-domain contacts at the Tfp2c-Bmp7 locus. *Epigenetics Chromatin* 11, 51.
- Ujisawa, T., Ohta, A., Ii, T., Minakuchi, Y., Toyoda, A., Ii, M., and Kuhara, A. (2018). Endoribonuclease ENDU-2 regulates multiple traits including cold tolerance via cell autonomous and nonautonomous controls in *Caenorhabditis elegans*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 115, 8823–8828.
- Uno, Y., Osada, N., Sakurai, S., Shimozawa, N., Iwata, T., Ikeo, K., and Yamazaki, H. (2018). Development of genotyping method for functionally relevant variants of cytochromes P450 in cynomolgus macaques. *J. Vet. Pharmacol. Ther.* 41, e30–e34.
- Watanabe, H., Nakamura, I., Mizutani, S., Kurokawa, Y., Mori, H., Kurokawa, K., and Yamada, T. (2018). Minor taxa in human skin microbiome contribute to the personal identification. *PLoS One* 13, e0199947.
- Watanabe, S., Noda, A., Ohbayashi, R., Uchioke, K., Kurihara, A., Nakatake, S., Morioka, S., Kanesaki, Y., Chibazakura, T., and Yoshikawa, H. (2018). ParA-like protein influences the distribution of multi-copy chromosomes in cyanobacterium *Synechococcus elongatus* PCC 7942. *Microbiology* 164, 45–56.
- Wu, L., McCluskey, K., Desmeth, P., Liu, S., Hideaki, S., Yin, Y., Moriya, O., Itoh, T., Kim, C.Y., Lee, J.-S., et al. (2018). The global catalogue of microorganisms 10K type strain sequencing project: closing the genomic gaps for the validly published prokaryotic and fungi species. *Gigascience* 7, gly026.
- Yamamoto-Hino, M., Katsumata, E., Suzuki, E., Maeda, Y., Kinoshita, T., and Goto, S. (2018). Nuclear envelope localization of PIG-B is essential for GPI-anchor synthesis in *Drosophila*. *J. Cell Sci.* 131, jcs218024.
- Yamamoto, K., Makino, N., Nagai, M., Araki, H., and Ushimaru, T. (2018). CDK phosphorylation regulates Mcm3 degradation in budding yeast. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 506, 680–684.
- Yamamoto, K., Makino, N., Nagai, M., Honma, Y., Araki, H., and Ushimaru, T. (2018). TORC1 signaling regulates DNA replication via DNA replication protein levels. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 505, 1128–1133.
- Yamano, K., Wang, C., Sarraf, S.A., Münch, C., Kikuchi, R., Noda, N.N., Hizukuri, Y., Kanemaki, M.T., Harper, W., Tanaka, K., et al. (2018). Endosomal Rab cycles regulate Parkin-mediated mitophagy. *Elife* 7, e31326.
- Yang, W.-T., Li, Y.-C., Lin, C.-M., Tang, W.-C., Chen, B.-C., Suzuki, E., and Hsu, J.-C. (2018). Adherens junction-associated pores mediate the intercellular transport of endosomes and cytoplasmic proteins. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 505, 664–670.
- Yang, Y.-X., Wei, L., Zhang, Y.-J., Hayano, T., Piñeiro Pereda, M.D.P., Nakaoka, H., Li, Q., Barragán Mallofet, I., Lu, Y.-Z., Tamagnone, L., et al. (2018). Long non-coding RNA p10247, high expressed in breast cancer (lncRNA-BCHE), is correlated with metastasis. *Clin. Exp. Metastasis* 35, 109–121.
- Yang, Y.H.C., Kawakami, K., and Stainier, D.Y. (2018). A new mode of pancreatic islet innervation revealed by live imaging in zebrafish. *Elife* 7, e34519.
- Yesbolatova, A., and Kanemaki, M.T. (2018). TAGing for destruction. *Nat. Chem. Biol.* 14, 414–415.
- Yokouchi, K., Onuma, R., and Horiguchi, T. (2018). Ultrastructure and phylogeny of a new species of mixotrophic dinoflagellate, *Paragymnodinium stigmaticum* sp. nov. (Gymnodinales, Dinophyceae). *Phycologia* 57, 539–554.
- Yoshida, T., Naito, Y., Sasaki, K., Uchida, E., Sato, Y., Naito, M., Kawanishi, T., Obika, S., and Inoue, T. (2018). Estimated number of off-target candidate sites for antisense oligonucleotides in human mRNA sequences. *Genes Cells* 23, 448–455.
- Yuyama, I., Ishikawa, M., Nozawa, M., Yoshida, M.-A., and Ikeo, K. (2018). Transcriptomic changes with increasing algal symbiont reveal the detailed process underlying establishment of coral-algal symbiosis. *Sci. Rep.* 8, 16802.
- Zhao, W., Oginuma, M., Ajima, R., Kiso, M., Okubo, A., and Saga, Y. (2018). Ripply2 recruits proteasome complex for Tbx6 degradation to define segment border during murine somitogenesis. *Elife* 7, e33068.
- 有田正規, 遠藤明仁, 多田一風太, 谷澤靖洋, and 遠野雅徳 (2018). データベースから発見されたガゼリ菌のサブグループ In silico手法によるガゼリ菌発見. *Kagaku to Seibutsu* 56, 459–460.
- 佐々木武馬, 小田祥久 (2018). 木部道管細胞の分化を支える表面微小管ダイナミクス. *植物科学最前線 (BSJ-Review)* 9, 148–154.

## 予算 Budget

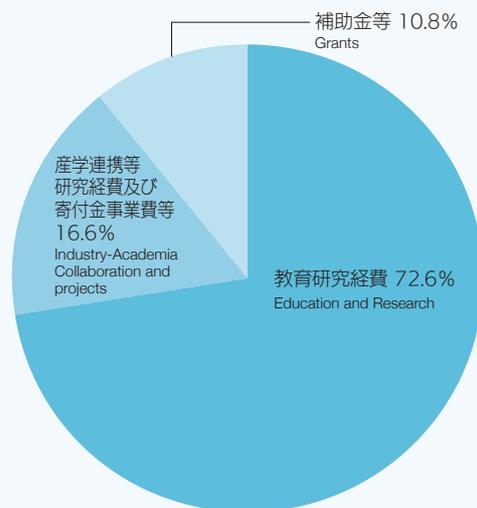
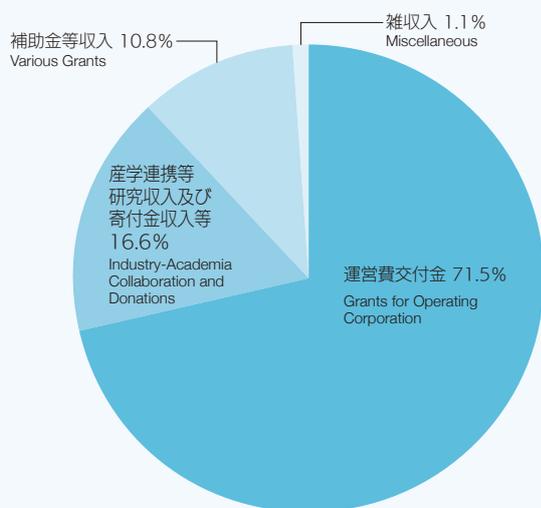
2019年度 (FY2019)

(×1,000yen)

収入	Revenue
区分	金額
運営費交付金 Grants for Operating Corporation	2,680,658
補助金等収入 Various Grants	404,506
雑収入 Miscellaneous	39,687
産学連携等研究収入及び寄付金収入等 Industry-Academia Collaboration and Donations	622,607
合計 Total	3,747,458 <sup>*</sup>

支出	Expenditure
区分	金額
教育研究経費 Education and Research	2,720,345
補助金等 Grants	404,506
産学連携等研究経費及び寄附金事業費等 Industry-Academia Collaboration and Projects	622,607
合計 Total	3,747,458 <sup>*</sup>

※機構長裁量経費を除く



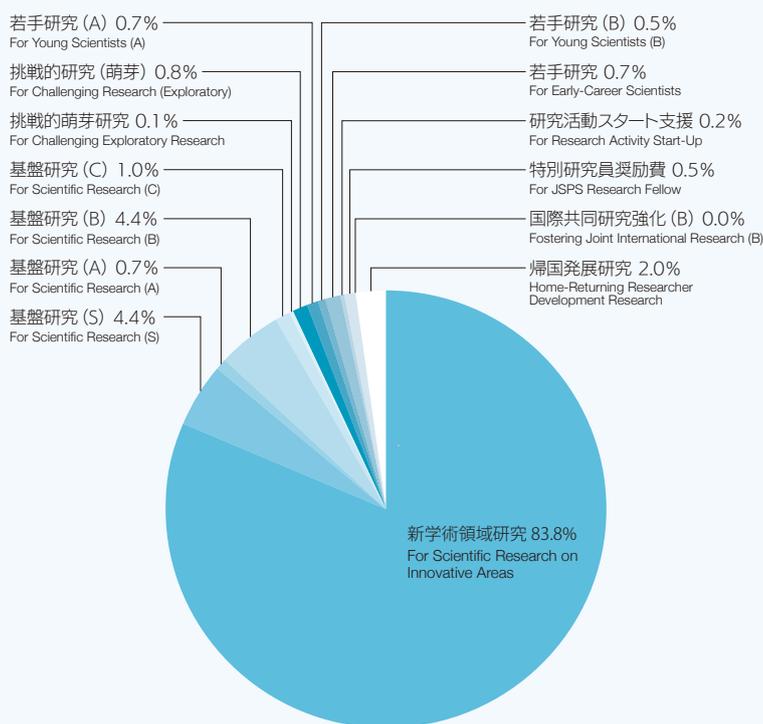
## 科学研究費 Grant-in-Aid for Scientific Research

2018年度 (FY2018)

(×1,000yen)

研究種目	交付額 / 交付件数
	Amount / the Number of Applications Granted
新学術領域研究 For Scientific Research on Innovative Areas	1,163,300 / 17
基盤研究 (S) For Scientific Research (S)	60,700 / 2
基盤研究 (A) For Scientific Research (A)	9,700 / 1
基盤研究 (B) For Scientific Research (B)	61,500 / 15
基盤研究 (C) For Scientific Research (C)	14,100 / 11
挑戦的萌芽研究 For Challenging Exploratory Research	1,700 / 1
挑戦的研究 (萌芽) For Challenging Research (Exploratory)	11,700 / 6
若手研究 (A) For Young Scientists (A)	9,800 / 2
若手研究 (B) For Young Scientists (B)	7,000 / 7
若手研究 For Early-Career Scientists	10,300 / 8
研究活動スタート支援 For Research Activity Start-Up	3,400 / 3
特別研究員奨励費 For JSPS Research Fellow	7,100 / 5
国際共同研究強化 (B) Fostering Joint International Research (B)	500 / 1
帰国発展研究 Home-Returning Researcher Development Research	27,480 / 1
合計 Total	1,388,280 / 80

(2019. 3月末現在)



# Biological Symposia in FY 2018

開催日 (Date)	演者 (Speaker)	所属 (Affiliation)	演題 (Title)
2018/4/9	Hiroyuki Matsumoto	University of Oklahoma Health Sciences Center, USA; Clinical Proteomics and Gene Therapy Laboratory, Kurume University	Understanding biological transitions and their control through the duality principle in category theory
2018/4/17	Lynn Jorde	Department of Human Genetics, School of Medicine, University of Utah, USA	Directly estimating the human mutation and retrotransposition rates using large, multi-generational pedigrees
2018/4/24	Kati Hanhineva	Institute of Public Health and Clinical Nutrition, University of Eastern Finland, Finland	Metabolic profiling of high egg consumption and the associated lower risk of type 2 diabetes in middle-aged Finnish men
2018/4/27	Katsumi Kitagawa	UT Health Science Center San Antonio School of Medicine, USA	The Kinetochore and Cancer
2018/5/10	Naomi Ori	Hebrew University, Israel	Specification of differential growth domains in the tomato leaf margin
2018/5/14	Masayuki Imai	Tohoku University	Morphology of Multi-Cellular Model
2018/5/14	Yuka Sakuma	Department of Physics, Faculty of Science, Tohoku University	Control of membrane deformation toward protocell
2018/5/15	Satoshi Fujita	Niko Geldner's Group, University of Lausanne, Switzerland	Localized ROS production by polarized signaling module during casparian strip formation
2018/5/18	Ryohei Iwata	VIB-KU Leuven Center for Brain & Disease Research, Belgium	Mitochondrial dynamics in the regulation of cortical neurogenesis
2018/5/23	Hiroki Gotoh	Faculty of Earth Environment Science, Hokkaido University	3D morphogenesis via "Fold and Extend" in insects
2018/5/28	Denis Jabaudon	University of Geneva, Switzerland	Dynamic control of neuronal diversity in the developing neocortex
2018/5/31	Ikuo K. Suzuki	Université Libre de Bruxelles (ULB), Institute for Interdisciplinary Research (IRIBHM) and ULB Neuroscience Institute (UNI), Belgium	Human-specific NOTCH2 paralogs expand human cortical neurogenesis through regulation of Delta/Notch interactions
2018/6/7	Erez Lieberman Aiden	Baylor College of Medicine & Rice University, USA	A 3D Code in the Human Genome
2018/6/11	Mahendra Sonawane	Department of Biological Sciences, Tata Institute of Fundamental Research, India	Actin based epithelial projections in zebrafish: regulation of their formation, patterns and function
2018/6/22	Hiroataka Sakamoto	Ushimado Marine Institute, Graduate School of Natural Science and Technology, Okayama University	Central control of sexual function and behavior
2018/6/28	Naoki Nakagawa	University of North Carolina Neuroscience Center, USA	Intracellular signaling and microtubule dynamics organize neural progenitor assembly in the developing neocortex
2018/7/3	Hironori Funabiki	Laboratory of Chromosome and Cell Biology, The Rockefeller University, USA	Regulations of mitotic processes by nucleosomes - molecular principles and implications in cancer biology and immunology
2018/7/6	Kateryna Makova	Department of Biology, Penn State University, USA	Non-B DNA affects polymerization speed and error rate in sequencers and in living cells
2018/7/6	Anton Nekrutenko	Department of Biochemistry and Molecular Biology, Penn State University, USA	Interactive assembly and analysis of bacterial genomes
2018/7/6	Jiro Nomata	Laboratory for Chemistry and Life Science, Tokyo Institute of Technology	Designing a FRET-based oxygen sensing protein
2018/7/18	Isao Kii	RIKEN Cluster for Science, Technology and Innovation Hub	An alternative strategy to develop a selective kinase inhibitor
2018/7/19	Keisuke Yonehara	DANDRITE, Nordic EMBL, Dept. of Biomedicine, Aarhus University, Denmark	Visual motion processing from retina to downstream brain areas in mice
2018/8/2	Quan Wu	Laboratory for Cell Asymmetry, Center for Biosystems Dynamics Research, RIKEN	Epitranscriptomic regulation of neural stem cells
2018/8/21	Sungrim Seirin-Lee	Department of Mathematical and Life Sciences, Graduate School of Science, Hiroshima University	Role of nuclear deformation on chromatin remodeling
2018/8/22	Satoru Tsugawa	Theoretical Biology Laboratory, RIKEN	Organ shape robustness through cell variability
2018/8/30	Hoe Han Goh	The National University of Malaysia, Malaysia	Interactive Omics Analysis for Understanding Plant Carnivory
2018/9/6	Wenyu Shi	Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, China	Data Analysis for 10k type strain sequencing project
2018/9/12	Kei Miyamoto	Faculty of Biology-Oriented Science and Technology, Kindai University	Nuclear actin polymerization in reprogramming nuclear structures
2018/9/20	Marco Morsch	Department of Biomedical Sciences, Faculty of Medicine and Health Sciences, Macquarie University, Australia	Pathological spreading studied in real time: Impaired microglia function leads to propagation of TDP-43 along the axon and into surrounding tissue
2018/9/25	Fred Berger	Gregor Mendel Institute of Molecular Plant Biology, Austria	Histone variants H3 play essential roles in the maintenance and reprogramming of the epigenetic memory carried by H3K27me3
2018/9/26	Fred Berger	Gregor Mendel Institute of Molecular Plant Biology, Austria	Histone variants H2A.W are the architects and safe keepers of heterochromatin in plants
2018/9/27	Saori Yokoi	Faculty of Pharmaceutical Sciences, Hokkaido University	Analysis of the molecular basis of mate-guarding behavior in medaka fish
2018/9/27	Shinichi Nakagawa	Faculty of Pharmaceutical Sciences, Hokkaido University	Lessons from Paraspeckles - towards understanding the function of lncRNAs
2018/10/15	Suhas Rao	Baylor College of Medicine, Houston, USA	Cohesin Loss Eliminates All Loop Domains

開催日 (Date)	演者 (Speaker)	所属 (Affiliation)	演題 (Title)
2018/10/19	Helmut Schiessel	University of Leiden, Netherland	How to read and write mechanical information in DNA molecules
2018/10/23	Yun-Xin Fu	School of Public Health, The University of Texas Health Science Center at Houston, USA	Within-individual cell coalescence
2018/10/30	Edouard F. Pesquet	Department of Ecology, Environment and Plant Science, Stockholm University, Sweden	Coordination of cell-type differentiation during wood formation and function in plants
2018/10/31	Masahito Tsuboi	Lund University, Sweden	Rethinking the paradox of stasis
2018/11/5	Ziheng Yang	Department of Genetics, Evolution and Environment University College London, UK	Genomic sequence data confidently resolves the species phylogeny in the <i>Anopheles gambiae</i> species complex
2018/11/8	Fumiko Esashi	Sir William Dunn School of Pathology, University of Oxford, UK	Homologous Recombination: when, where and how does it act?
2018/11/9	John Diffley	The Francis Crick Institute, UK	Biochemical analysis of chromosome replication
2018/11/9	John Diffley	The Francis Crick Institute, UK	How oncogene induced replicative stress leads to numerical and structural alterations in chromosomes
2018/11/15	Satoshi Goto	Department of Life Science, Rikkyo University	Organelle zones executing GPI modification in the nuclear envelope and the perinuclear ER
2018/11/19	Shin-ichiro Hiraga	Institute of Medical Science, University of Aberdeen, Scotland, UK	Human RIF1 protects cells from replication stress at multiple stages
2018/11/21	Fumika Hamada	Cincinnati Children's Hospital Medical Center, USA	Temperature homeostasis: Circadian rhythms and Hunger
2018/11/21	Yasu Kakui	The Francis Crick Institute, UK	Condensin shapes mitotic chromosomes by reorganizing chromatin landscape
2018/11/22	Katsunori Sugimoto	New Jersey Medical School, Rutgers University, New Jersey, USA	Two chaperones, the Tel2-Tti1-Tti2 complex and Cdc37, collaborate to promote maturation of protein kinases Mec1 <sup>ATR</sup> and Tel1 <sup>ATM</sup>
2018/11/30	Magnus Nordborg	Gregor Mendel Institute, Vienna, Austria	The genetics of epigenetics in <i>Arabidopsis thaliana</i>
2018/11/30	Ueli Grossniklaus	University of Zürich, Switzerland	A role of 3D nuclear organization in defense against invasive genetic elements
2018/12/13	Andres Canela	The Hakubi project, Radiation Biology Center, Kyoto University	Chromatin structure as a driver of genome instability
2018/12/25	Takefumi Negishi	Research Center for Marine Biology, Graduate School of Life Sciences, Tohoku University	Physical association between a novel plasma-membrane structure and centrosome links off-centred cilia positioning to oriented cell division
2018/12/26	Hidehiko Hashimoto	Department of Molecular Genetics and Cell Biology, The University of Chicago, USA	Dynamic integration of cell-cell signaling, force generation and tissue remodeling during zippering and neural tube closure
2019/1/25	Katsuhiko Hayashi	Department of Stem Cell Biology and Medicine, Graduate School of Medical Sciences, Kyushu University	Egg creation as a tool for understanding of germ cell development
2019/2/6	Yoshihisa Oda	Cell dynamics and organization lab, National Institute of Genetics	Cell wall patterning in xylem vessels
2019/2/14	Yasuhiko Kamikubo	Biomedical Data Intelligence, Department of Human Health Sciences, Graduate School of Medicine, Kyoto University	Genetic compensation of RUNX family transcription factors in malignancies
2019/2/15	Yuji Itoh	Institute of Multidisciplinary Research for Advanced Materials, Tohoku University	Dynamic behavior of DNA-binding proteins characterized by single-molecule fluorescence microscopy
2019/2/20	Darren W Williams	Center for Developmental Neurobiology King's College London, UK	Remodelling neural circuits in time and space
2019/2/28	Akiko Ueno	Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University	Leucine rich repeat protein Lrit1 is essential for selective synapse formation between cone photoreceptors and bipolar cells in the mouse retina
2019/3/6	Shinya Yamamoto	Baylor College of Medicine, USA	Using <i>Drosophila</i> to discover and study new human disease genes
2019/3/11	Tsuyoshi Terakawa	Department of Biophysics, Kyoto University	DNA curtains: high-throughput single molecule optical imaging for visualizing DNA transactions
2019/3/11	Michele Markstein	Biology Department University of Massachusetts Amherst, USA	Vive la resistance: evidence from the <i>Drosophila</i> intestine that multidrug resistance is an ancient stem cell trait
2019/3/13	Frank Uhlmann	The Francis Crick Institute, UK	From DNA to Chromosomes, the Role and Function of SMC complexes
2019/3/14	Koji Matsuda	Bioscience and Biotechnology Center, Nagoya University	Roles of cerebellar neural circuits in classical fear conditioning in zebrafish
2019/3/15	Toshio Katsuki	Tama Forest Science Garden, Forestry and Forest Products Research Institute	Japanese flowering cherries as the genetic resource
2019/3/19	Takao K. Hensch	Center for Brain Science, Harvard University, USA	Balancing brain plasticity/stability
2019/3/19	Lynn Jorde	University of Utah, USA	Evolutionary Genetics of Mobile Elements
2019/3/20	Robert Hindges	MRC Centre for Neurodevelopmental Disorders and Centre for Developmental Neurobiology, King's College, London, UK	Of form and function: Assembly of visual circuits in vertebrates
2019/3/25	Makito Miyazaki	The Hakubi Center for Advanced Research & Department of Physics, Kyoto University	The actin cytoskeleton dynamics in a cell-sized confined space

内容	氏名
平成30年度文部科学大臣表彰 若手科学者賞 「コヒーシン複合体による姉妹染色体接着形成の分子機構の研究」	染色体生化学研究室 准教授 村山泰斗
Cold Spring Harbor Asia Conference 2018 “Chromatin, Epigenetics & Transcription” ポスター賞	育種遺伝研究部門 大学院生 齋藤 絡
総合研究大学院大学 遺伝学専攻 森島奨励賞	形質遺伝研究部門 大学院生 中沢信吾
総合研究大学院大学 SOKENDAI 賞	形質遺伝研究部門 大学院生 中沢信吾
Latest Advances in Development & Function of Neuronal Circuits ポスター賞	形質遺伝研究部門 大学院生 中沢信吾
第56回日本生物物理学会年会 学生発表賞	生体高分子研究室 大学院生 永島峻甫
2018年度日本神経内分泌学会若手研究助成金 「遺伝子改変動物を用いた難治性掻痒症におけるペプチドニューロンの機能解明」	マウス開発研究室 助教 高浪景子
第46回内藤コンファレンス 優秀ポスター賞	生態遺伝学研究室 助教 石川麻乃
総合研究大学院大学 遺伝学専攻 森島奨励賞	ゲノムダイナミクス研究室 大学院生 佐々木飛鳥
第13回日本ゲノム微生物学会 若手賞	ゲノム進化研究室 博士研究員 東 光一
日本藻類学会第43回大会 第15回日本藻類学会研究奨励賞 「渦鞭毛藻類 Nusuttodinium 属の盗葉緑体に関する研究」	共生細胞進化研究室 日本学術振興会特別研究員 大沼 亮
日本藻類学会第43回大会 若手発表賞（口頭、微細藻部門） 「渦鞭毛藻類 Nusuttodinium の盗葉緑体現象から紐解く細胞内共生の進化」	共生細胞進化研究室 日本学術振興会特別研究員 大沼 亮

※所属・肩書は、受賞当時のものです

# Intellectual Property Rights

特許出願 7件	出願番号
インビボクローニング可能な細胞株をスクリーニングするための方法、インビボクローニング可能な細胞株の製造方法、細胞株、インビボクローニング方法、及びインビボクローニングを行うためのキット	仁木宏典／野崎晋五 特願2018-087164
融合タンパク質及びその利用	浅川和秀／川上浩一 特願2018-186569
精子保存液及び精子保存方法	酒井則良 特願2018-231140
トランスジェニック植物、トランスジェニック植物の製造方法、ポリヌクレオチド、ポリヌクレオチドのクラスター、ベクター、及びキット	角谷徹仁／保坂 碧／付 焜／齋藤 絡／佐々木 卓／高嶋和哉 PCT/JP2018/033988
オーキシンドェグロンシステムにおけるタンパク質分解阻害剤及びその使用	鐘巻将人／夏目豊彰 PCT/JP2018/041563 共願人 加計学園
動物細胞ゲノム部位特異的外来DNA挿入方法及び前記挿入方法を用いて得られる細胞	鐘巻将人／夏目豊彰 15/752,701 (米国)
動物細胞ゲノム部位特異的外来DNA挿入方法及び前記挿入方法を用いて得られる細胞	鐘巻将人／夏目豊彰 16836825.6 (欧州)
特許登録 3件	特許番号
魚体内での他家組織の継代維持法（ゼブラフィッシュにおける腫瘍化組織の継代維持法）	酒井則良／河崎敏広 第6472960号
タンパク質の生産方法	川上浩一 No. 2653540 (欧州) 共願人 協和発酵キリン
タンパク質の生産方法	川上浩一 No. 2,820,151 (カナダ) 共願人 協和発酵キリン

# Research Organization of Information and Systems

## 大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構



機構長 藤井良一  
FUJII, Ryoichi  
President

### 機構本部

〒105-0001  
東京都港区虎ノ門4-3-13  
ヒューリック神谷町ビル 2階  
TEL 03-6402-6200  
<https://www.rois.ac.jp/>

### 機構所属研究所

国立極地研究所  
National Institute of Polar Research  
〒190-8518 東京都立川市緑町10-3  
TEL 042-512-0608 <https://www.nipr.ac.jp/>

国立情報学研究所  
National Institute of Informatics  
〒101-8430 東京都千代田区一ツ橋2-1-2  
TEL 03-4212-2000 <https://www.nii.ac.jp/>

統計数理研究所  
The Institute of Statistical Mathematics  
〒190-8562 東京都立川市緑町10-3  
TEL 050-5533-8500 <https://www.ism.ac.jp/>

国立遺伝学研究所  
National Institute of Genetics  
〒411-8540 静岡県三島市谷田1111  
TEL 055-981-6707 <https://www.nig.ac.jp/nig/ja/>

### ■ 機構長の挨拶

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

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

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

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

### ■ About the organization

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

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

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



大学共同利用機関法人

情報・システム研究機構

Research Organization of Information and Systems

# SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies)

国立大学法人 総合研究大学院大学 (総研大)



学長 長谷川眞理子  
HASEGAWA, Mariko  
President

## 所在

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

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

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

## ▶ Inter-University Research Institutes participating in SOKENDAI education

総研大に参加する大学共同利用機関

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





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

Symbol mark of the Institute, which designs the metaphase plate of the first meiotic division and symbolizes the remark by Dr. Hitoshi Kihara (1946): "The history of the earth is recorded in the layers of its crust; the history of all organisms is inscribed in the chromosomes."

## 要覧 2019年度

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

### 国立遺伝学研究所管理部

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

National Institute of Genetics

国立遺伝学研究所







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