

2020 要覧

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

国立遺伝学研究所







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 創立70周年 記念式典・記念講演会



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 Hanaoka

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, 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, the Graduate University for Advanced Studies, SOKENDAI offering a unique postgraduate program since 1988.

Currently we have about 400 members working in research, maintenance, education and supervision. There are 31 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

09 概 要
Outline

14 遺伝研へのアクセス
Access to the Institute

遺伝研の研究活動

17 研究活動
Research Activities

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

50 産学連携・知的財産室
NIG INNOVATION

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

52 男女共同参画推進室
Office for Gender Equality

53 技術課
Technical Section

共同利用・共同研究

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

56 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

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

58 生物遺伝資源センター
Genetic Resource Center

61 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

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

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

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

69 国際交流
International Activities

72 遺伝学電子博物館
Cyber Museum of Genetics

73 総合研究大学院大学 生命科学研究科 遺伝学専攻
Department of Genetics, School of Life Science, SOKENDAI

遺伝研データ

80 運 営
Management

85 沿 革
History

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

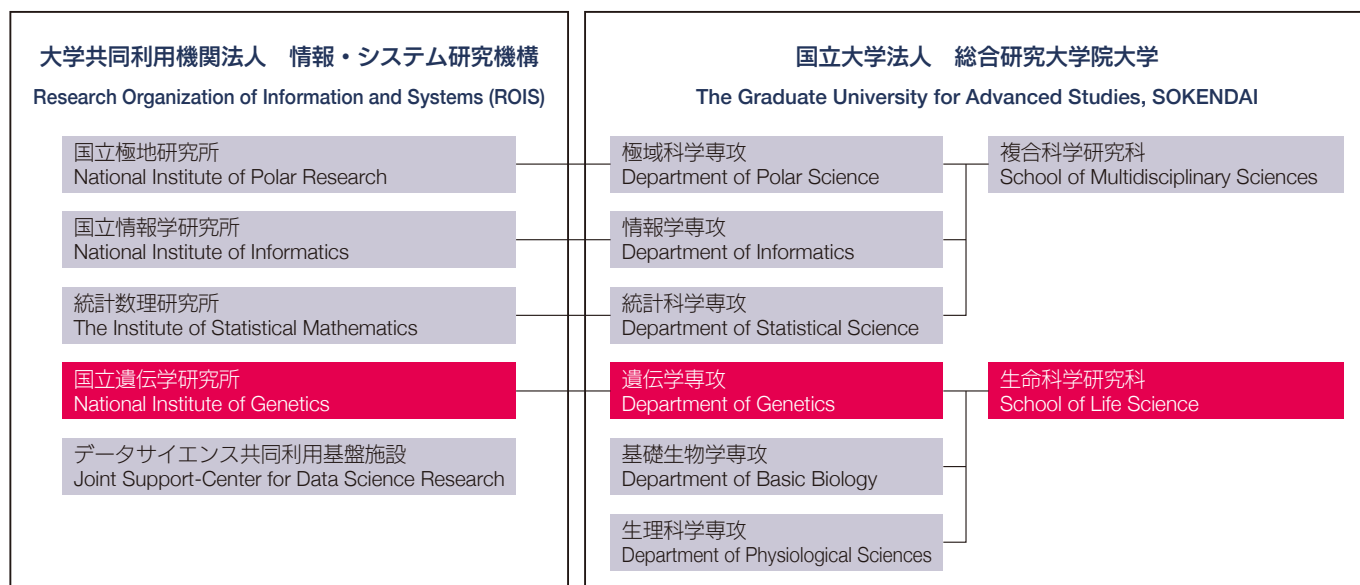
88 表彰・受賞歴／知的財産権／論文
Awards and Honors / Intellectual Property Rights / Journals

89 情報・システム研究機構
Research Organization of Information and Systems

90 国立大学法人 総合研究大学院大学
The Graduate University for Advanced Studies,
SOKENDAI

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に研究開発

■ 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) と連携して、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

研究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.

■ Bioinformation and DDBJ Center

Bioinformation and DDBJ Center collaborates with NCBI (USA) and ENA/EBI (Europe) to maintain the International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC). It also service 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 run a main animal facility of NIG, and aim 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



2020年4月現在 as of April 2020

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られら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



ニホンイトヨ (下) は、*Fads2* コピー数が少なく淡水進出できなかったが、多いイトヨ (上) はできた。

The Japan Sea stickleback (lower) with fewer *Fads2* copies couldn't colonize freshwater, while the threespine stickleback (upper) with more could.

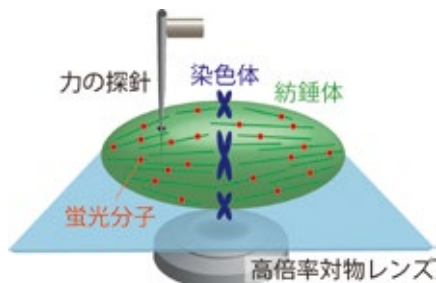
魚の淡水進出を支えた鍵遺伝子の発見

北野教授らは、魚が海から淡水域へ進出する鍵となる遺伝子 *Fads2* を発見しました。*Fads2* は必須脂肪酸のドコサヘキサエン酸 (DHA) を作るのに必要な遺伝子です。DHA は、海の餌には多く含まれますが、淡水域の餌にはあまり含まれていません。*Fads2* 遺伝子を多く持つ魚は、淡水進出に有利なことを発見しました。

A key gene for freshwater colonization in fishes

Kitano group has identified *Fads2* as a key gene for freshwater colonization in fishes. *Fads2* is important for making an essential fatty acid DHA. Marine-derived diets, but not freshwater diets, contain a lot of DHA. Fishes with more copies of *Fads2* likely have a higher advantage in freshwater colonization.

Ishikawa A, Kabeya N, Ikeya K, Kakioka R, Cech JN, Osada N, Leal MC, Inoue J, Kume M, Toyoda A, Tezuka A, Nagano AJ, Yamasaki YY, Suzuki Y, Kokita T, Takahashi H, Lucek K, Marques D, Takehana Y, Naruse K, Mori S, Monroig O, Ladd N, Schubert CJ, Matthews B, Peichel CL, Seehausen O, Yoshizaki G, Kitano J. A key metabolic gene for recurrent freshwater colonization and radiation in fishes. *Science*. 2019 May 31;364(6443):886-889.



ガラスファイバー製の探針と蛍光可視化技術の融合により、紡錘体の力学構造を高精度で決定することに成功。

Combining glass-fiber force sensor with fluorescence imaging enabled for analyzing the local mechanical architecture of the spindle.

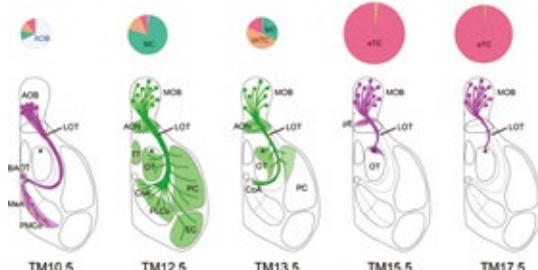
染色体分配装置の設計原理

細胞分裂期に生じる染色体の分配異常は、がんや不妊症と関連する重要な形質です。島本准教授らは、独自に開発した力計測顕微鏡を使って染色体分配装置である紡錘体の力学的性質をこれまでにない空間分解能で捉えることに成功しました。この発見により、紡錘体が細胞内で適切に機能するための設計原理を新たに提唱しました。

The mechanical design principle of the eukaryotic chromosome segregation machinery

The faithful segregation of chromosomes in cell division depends on the spindle, the micron-sized complex protein machinery. The group of Dr. Shimamoto developed a state-of-the-art force microscopy to reveal the mechanical architecture of the metazoan spindle at unprecedented resolution. Their finding proposed a novel model explaining spindle's robust and adaptable nature needed for error-free cell division.

Takagi J, Sakamoto R, Shiratsuchi G, Maeda YT, Shimamoto Y. Mechanically Distinct Microtubule Arrays Determine the Length and Force Response of the Meiotic Spindle. *Dev Cell*. 2019 Apr 22;49(2):267-278.e5.



誕生日タグづけ法によるマウス嗅球投射神経細胞の分類と軸索投射のパターン。

Dissection of mouse olfactory bulb projection neurons and their axon trajectories using neuronal birthdate tag method.

新規開発技術による嗅覚神経回路の分解

脳の嗅球で整理された匂いの情報は、その後ランダムに次の中枢へと伝えられると考えられていました。平田教授らは、神経細胞の発生タイミングの違いを利用して遺伝子組換えを誘導する技術 (誕生日タグづけ法) を開発し、嗅球の誕生時期の異なる神経細胞が異なる標的に出力することを明らかにしました。

Dissection of central olfactory circuits by a newly developed method

The odor representation in the olfactory bulb was supposed to be randomly mixed in the subsequent targets. Hirata group revisited the axon targeting using a newly developed method that genetically tags neurons based on their birth-times. This birthdate tag analysis exposed parallel segregated projections by early-born and late-born olfactory bulb neurons.

Hirata T, Shioi G, Abe T, Kiyonari H, Kato S, Kobayashi K, Mori K, Kawasaki T. A Novel Birthdate-Labeling Method Reveals Segregated Parallel Projections of Mitral and External Tufted Cells in the Main Olfactory System. *eNeuro*. 2019 Nov 20;6(6). pii: ENEURO.0234-19.2019.

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 hub of life sciences: DDBJ Project, Advanced Genomics Project, and BioResource Project. Through promoting research collaborations among / between 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) と連携して、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われています。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

Bioinformation & 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.

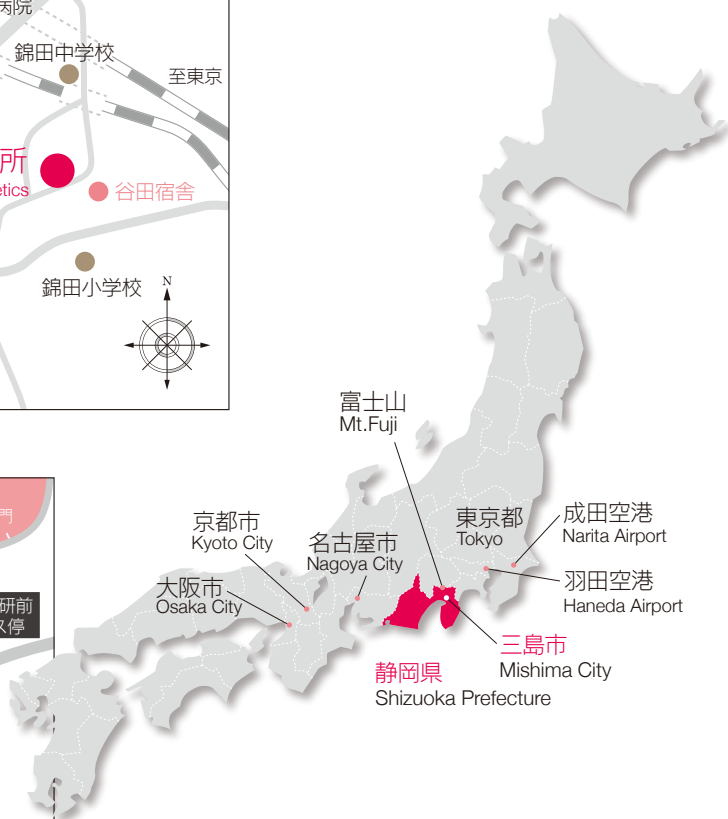
Access to the Institute

遺伝研へのアクセス

遺伝研周辺地図

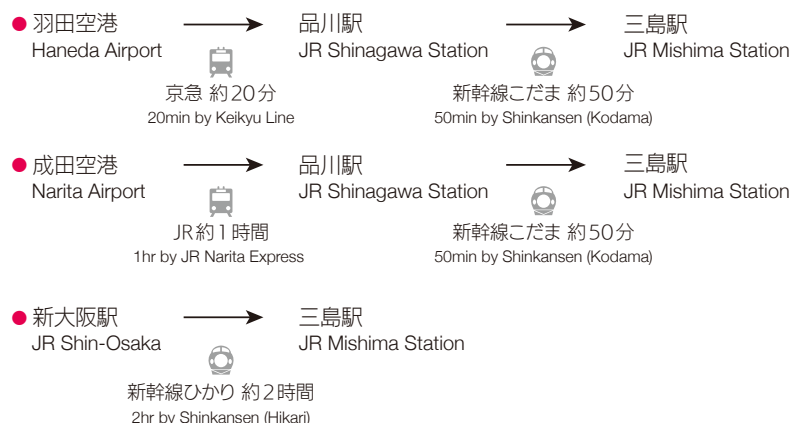


遺伝研詳細地図



三島駅までのアクセス

How to get to JR Mishima Station



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



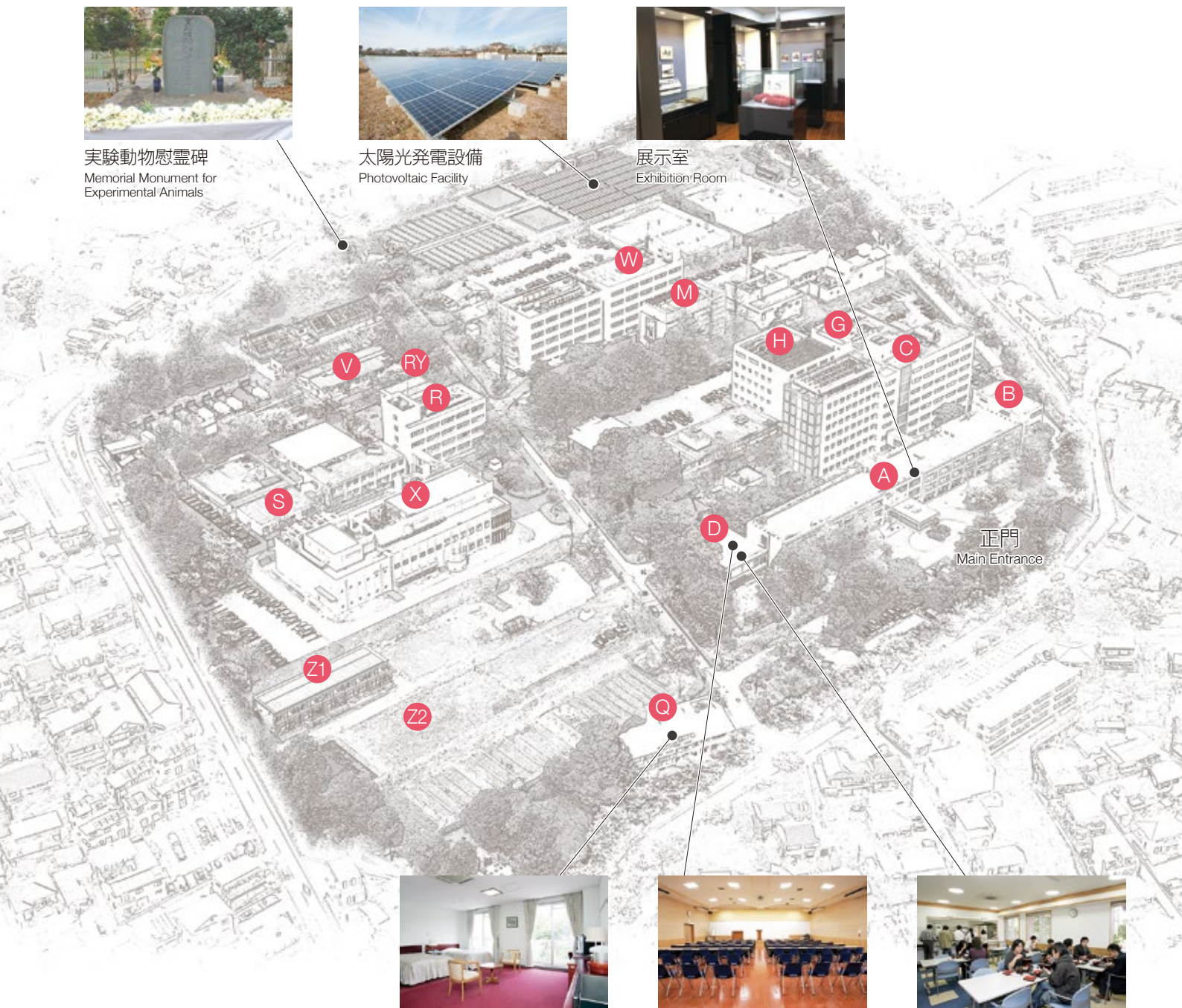
実験動物慰霊碑
Memorial Monument for
Experimental Animals



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 実験農場管理棟
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 17,068㎡
Building Area

建物延面積 41,972㎡
(Total Floor Space)

(2020年4月1日現在)

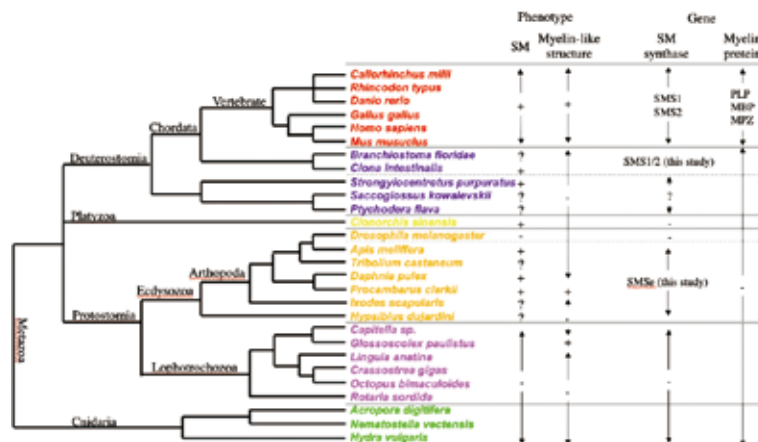
Research Activities

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）などの類縁関係を示す。右は、それらの動物が持つ構造や化合物に関する知見をまとめた。脊椎動物における髄鞘の絶縁性を司るスフィンゴミエリンの合成は、合成酵素 SMS1 と SMS2 が担っている。節足動物などは別の相同遺伝子 SMS1/2 を持つ。

An example of evolutionary studies of compound synthesis. The left is the species tree of metazoan: vertebrates (red), invertebrate deuterostomes (purple), ecdysozoans (yellow), and others. The right is the distribution of the related structures and compounds. SMS1 and SMS2 in vertebrates synthesize sphingomyelin, the insulator of myelin sheath. Arthropods possess another homologous gene SMS1/2.

研究室の主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）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。様々な代謝系がどのような過程で生ま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。MetaboBank (<http://metabobank.riken.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 metazoans. The research goal is the understanding of metabolite evolution and distribution in the biosphere. Major research results include databases such as MetaboBank (<http://metabobank.riken.jp/>) and LipidBank (<http://lipidbank.jp/>), as well as analytical software tools for genomics and metabolomics.

Selected Publications

Noureen M, Tada I, Kawashima T, Arita M. Rearrangement analysis of multiple bacterial genomes. BMC Bioinformatics. 2019 Dec 27;20(Suppl 23):631.

Tada I, Tsugawa H, Meister I, Zhang P, Shu R, Katsumi R, Wheelock CE, Arita M, Chaleckis R. Creating a Reliable Mass Spectral-Retention Time Library for All Ion Fragmentation-Based Metabolomics. Metabolites. 2019 Oct 26;9(11). pii: E251.

Sato M, Arita M, Kawashima T. Uncovering Ecdysozoa-specific Sphingomyelin Synthase by Phylogenetic Analysis of Metazoan Sequences. Zoological Science 2019; 36(4), 316-321.

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Webサイト。当研究室では国内で整備されている様々な生物資源の情報を集約している。各リソースの特性やゲノム情報等のデータベースを開発している。
Our laboratory is in charge of National BioResource Project information center to provide biological resources for the researcher.

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 <https://www.nbrp.jp/>
ライフサイエンス統合データベースセンター <https://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 BioResource 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, Bonnal RJ, 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

Kawamoto Group 川本研究室



KAWAMOTO, Shoko
Associate Professor
川本祥子 准教授

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


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, Akishinonmiya 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



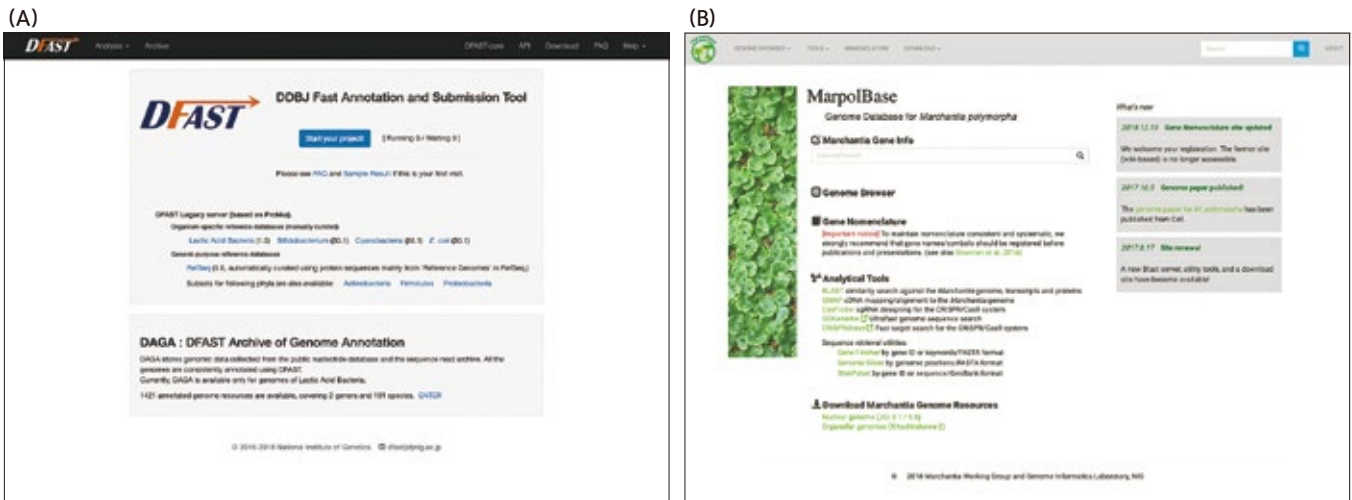
MORI, Hiroshi
Assistant Professor
森 宙史 助教

<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データバンク (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

Montgomery SA, Tanizawa Y, Galik B, Wang N, Ito T, Mochizuki T, Akimcheva S, Bowman JL, Cognat V, Maréchal-Drouard L, Ekker H, Hong SF, Kohchi T, Lin SS, Liu LD, Nakamura Y, Valeeva LR, Shakirov EV, Shippen DE, Wei WL, Yagura M, Yamaoka S, Yamato KT, Liu C, Berger F. Chromatin Organization in Early Land Plants Reveals an Ancestral Association between H3K27me3, Transposons, and Constitutive Heterochromatin. *Curr Biol*. 2020 Jan 24. pii: S0960-9822(19)31610-0. [Epub ahead of print]

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, et al., Insights into Land Plant Evolution Garnered from the *Marchantia polymorpha* Genome. *Cell*. 2017 Oct 5;171(2):287-304.e15.

Genome Informatics Laboratory 大量遺伝情報研究室

Nakamura Group 中村研究室



NAKAMURA, Yasukazu
Professor
中村保一 教授



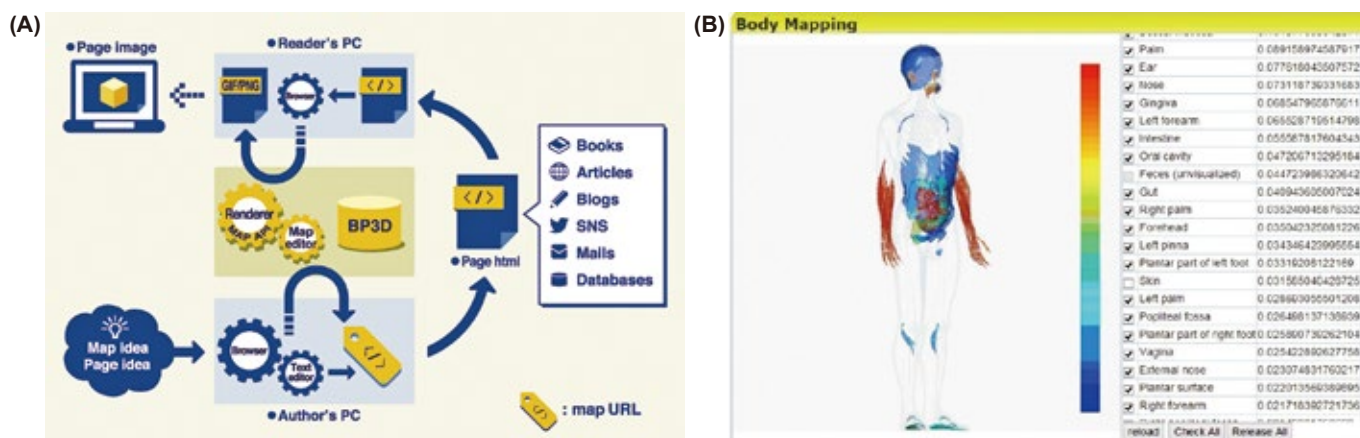
TANIZAWA, Yasuhiro
Assistant Professor
谷澤靖洋 助教

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



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 サービスは統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 <https://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も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

Okubo Group 大久保研究室



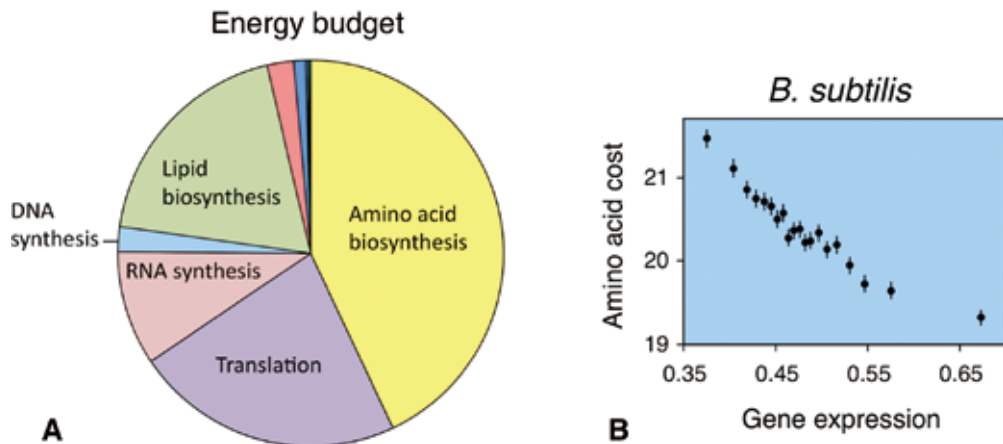
OKUBO, Kousaku
Professor
大久保公策 教授

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



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

Akashi Group 明石研究室



AKASHI, Hiroshi
Professor
明石 裕 教授



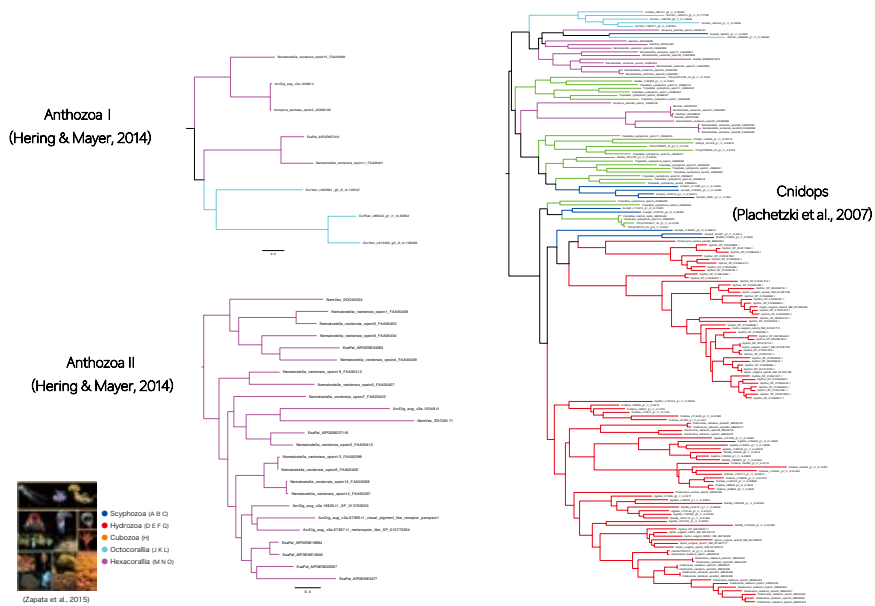
MATSUMOTO, Tomotaka
Assistant Professor
松本知高 助教

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



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います。

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

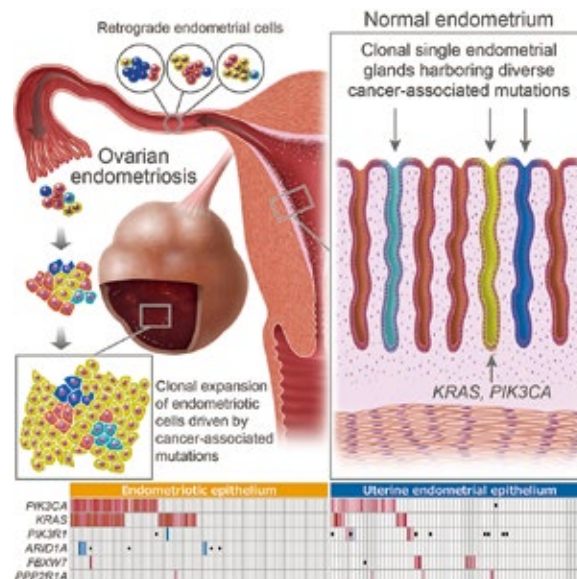


IKEO, Kazuho
Associate Professor
池尾一穂 准教授



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、多型を検出するのみならず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んでいます。

Our research goal is to elucidate disease causalities and their patho-mechanisms, 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

Kawamura Y, Nakaoka H, Nakayama A, Okada Y, Yamamoto K, Higashino T, Sakiyama M, Shimizu T, Ooyama H, Ooyama K, Nagase M, Hidaka Y, Shirahama Y, Hosomichi K, Nishida Y, Shimoshikiyo I, Hishida A, Katsura-Kamano S, Shimizu S, Kawaguchi M, Uemura H, Ibusuki R, Hara M, Naito M, Takao M, Nakajima M, Iwasawa S, Nakashima H, Ohnaka K, Nakamura T, Stiburova B, Merriman TR, Nakatomi M, Ichihara S, Yokota M, Takada T, Saitoh T, Kamatani Y, Takahashi A, Arisawa K, Takezaki T, Tanaka K, Wakai K, Kubo M, Hosoya T, Ichida K, Inoue I, Shinomiya N, Matsuo H. Genome-wide association study revealed novel loci which aggravate asymptomatic hyperuricaemia into gout. *Ann Rheum Dis*. 2019 Oct;78(10):1430-1437.

Suda K, Nakaoka H, Hata C, Yahata N, Isobe M, Kameyama H, Wakai T, Motoyama T, Inoue I,

Yoshihara K, Enomoto T. Concurrent isolated retroperitoneal HGSC and STIC defined by somatic mutation analysis: a case report. *Diagn Pathol*. 2019 Feb 11;14(1):17.

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 MHC region in the Japanese population. *Nat Genet* 3, 470-480, 2019.

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.

Human Genetics Laboratory 人類遺伝研究室

Inoue Group 井ノ上研究室



INOUE, Itaru
Professor
井ノ上逸朗 教授

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



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

Ishikawa A, Kabeya N, Ikeya K, Kakioka R, Cech JN, Osada N, Leal MC, Inoue J, Kume M, Toyoda A, Tezuka A, Nagano AJ, Yamasaki YY, Suzuki Y, Kokita T, Takahashi H, Lucek K, Marques D, Takehana Y, Naruse K, Mori S, Monroig O, Ladd N, Schubert CJ, Matthews B, Peichel CL, Seehausen O, Yoshizaki G, Kitano J. A key metabolic gene for recurrent freshwater colonization and radiation in fishes. *Science*. 2019 May 31;364(6443):886-889.

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 Mar;28(6):1563-1578.

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.

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



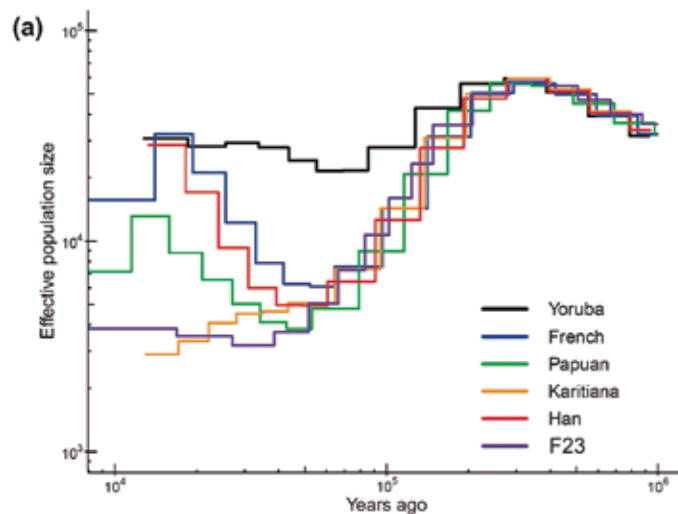
ISHIKAWA, Asano
Assistant Professor
石川麻乃 助教

<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



ゲノムデータから推定した過去の人口変動。Kanzawa-Kiriyama et al. (2019) 図7aより。

Past demographic changes estimated from genome data. From Figure 7a of Kanzawa-Kiriyama et al. (2019).

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

Kanzawa-Kiriyama H., Jinam T. A., Saitou N. et al. (2019) Late Jomon male and female genome sequences from the Funadomari site in Hokkaido, Japan. *Anthropological Science*, vol.127, pp.83–108.

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



SUZUKI, Rumiko
Project Associate Professor
鈴木留美子 特任准教授



INOUE, Jun
Project Associate Professor
井上 潤 特任准教授

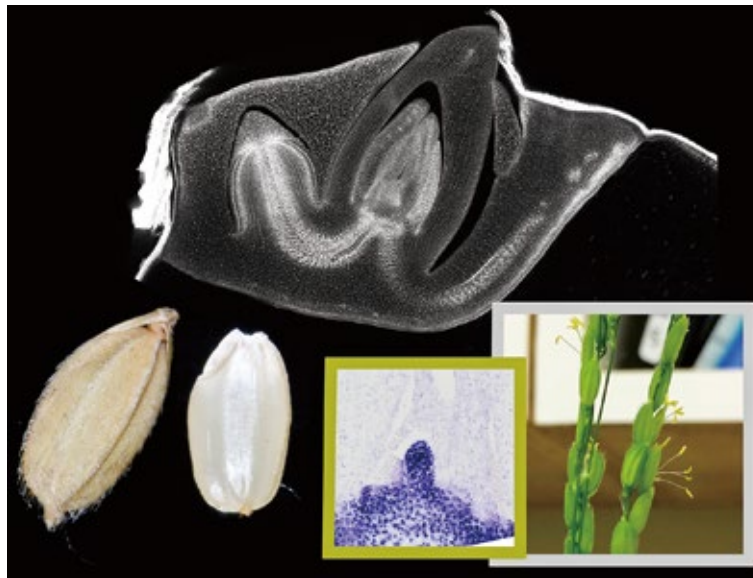


JINAM, Timothy A.
Assistant Professor
ジナム ティモシー A. 助教



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、イネ粒、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

Shenton M, Kobayashi M, Terashima S, Ohyanagi H, Copetti D, Hernández-Hernández T, Zhang J, Ohmido N, Fujita M, Toyoda A, Ikawa H, Fujiyama A, Furuumi H, Miyabayashi T, Kubo T, Kudrna D, Wing R, Yano K, Nonomura KI, Sato Y, Kurata N. Evolution and diversity of the wild rice *Oryza officinalis* complex, across continents genome types, and ploidy levels. *Genome Biol Evol.* 2020 Mar 3. pii: evaa037.

Ishimoto K, Sohonahra S, Kishi-Kaboshi M, Itoh JI, Hibara KI, Sato Y, Watanabe T, Abe K, Miyao A, Nosaka-Takahashi M, Suzuki T, Ta NK, Shimizu-Sato S, Suzuki T, Toyoda A, Takahashi H, Nakazono M, Nagato Y, Hirochika H, Sato Y. Specification

of basal region identity after asymmetric zygotic division requires mitogen-activated protein kinase 6 in rice. *Development.* 2019 Jun 21;146(13). pii: dev176305.

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.

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.

Plant Genetics Laboratory 植物遺伝研究室

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



NOSAKA-T, Misuzu
Assistant Professor
野坂実鈴 助教

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


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析を実施した生物種。左上：解剖前のシーラカンス稚魚 右上：ニホンザル 下左：セレンピンスメダカ 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、マイクロバイーム、環境サンプル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、最新のゲノム解析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 PK, Janitz P, Kern R, Heyl A, Rümpfer F, Villalobos LAC, Clay JM, Skolen R, Toyoda A, Suzuki Y, Kagoshima H, Schijlen E, Tajeshwar N, Catarino B, Hetherington AJ, Salykova A, Bonnot C, Breuninger H, Symeonidi A, Radhakrishnan GV, Van Nieuwerburgh F, Deleuze D, Chang C, Karol KG, Hedrich R, Ulvskov P, Glickner G, Delwiche OF, Petrásák J, Van de Peer Y, Friml J, Balby M, Dolan L, Kohara Y, Sugano S, Fujiyama A, Delaux PM, Quint M, Theissen G, Hagemann M, Harholt J, Dunand 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, Soukavattay V, Sayavongkhamdy T, Saidin MM, Alentoft ME, Sato T, Malpasian AS, Aghakhanian FA, Kornelissen T, Prohaska A, Margaryan A, de Barros Damgaard P, Kaewsuwathi 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 A, Shibata H, Toyoda A, Hanhara T, Nakagome S, Deviese T, Bacon AM, Düringer P, Ponche JL, Shackelford L, Patole-Edoumba E, Nguyen AT, Bellina-Pryce B, Galipaud JC, Kinaston R, Buckley H, Pottier C, Rasmussen S, Higham T, Foley RA, Lahr MM, Orlando L, Skora M, Phipps ME, Oota 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 Kruisbergen I, Shu S, Carlson J, Kinoshita T, Ohta Y, Mawaribuchi S, Jenkins J, Grimwood J, Schmutz J, Mitros T, Mozaffari SV, Suzuki Y, Hiramoto Y, Yamamoto TS, Takagi C, Heald R, Miller K, Haudenschild C, Kitzman J, Nakayama T, Iizumi 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, Veestra 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, Sagarra 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

Toyoda Group 豊田研究室



TOYODA, Atsushi
Project Professor

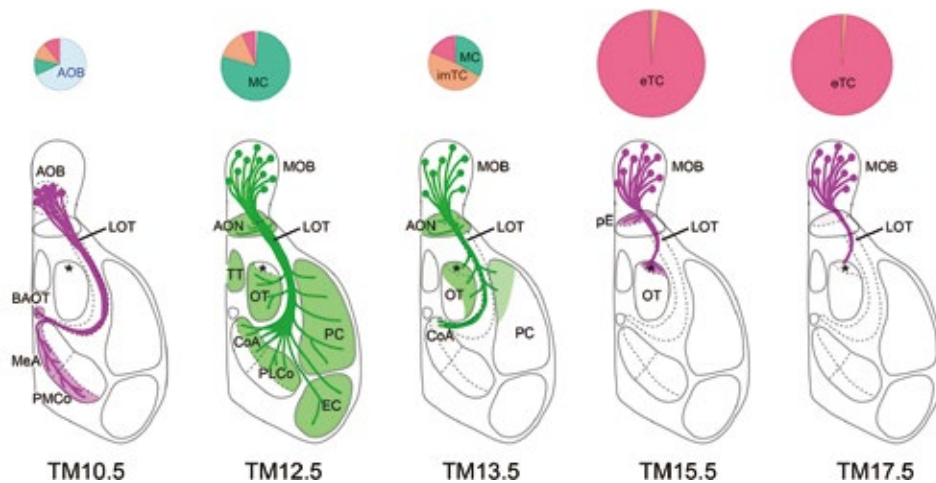
豊田 敦 特任教授

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



Approaching brain function through studying development of nervous systems

神経発生から眺める脳機能



誕生日タグ付け法による嗅球投射神経細胞の分類と軸索投射の/パターン。タグ付け時期 (TM10.5-17.5) の違いにより、副嗅球 (AOB)、僧帽細胞 (MC)、房飾細胞 (TC) を分類でき (円グラフ)、それらが異なる標的に軸索を投射することが明らかとなった (模式図)。

Dissection of olfactory bulb projection neurons and their axon trajectories using neuronal birthdate tagging. Depending on tamoxifen injection stages (TM10.5-17.5), different classes of neurons such as accessory olfactory bulb neurons (AOB), mitral cells (MC) or tufted cells (TC) are tagged (pie charts), and their axon trajectories are revealed (diagrams).

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、標的細胞とシナプス結合を作ります。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, Shioi G, Abe T, Kiyonari H, Kato S, Kobayashi K, Mori K, Kawasaki T. A Novel Birthdate-Labeling Method Reveals Segregated Parallel Projections of Mitral and External Tufted Cells in the Main Olfactory System. *eNeuro*. 2019 Nov 20;6(6). pii: ENEURO.0234-19.2019.

Hatanaka Y, Kawasaki T, Abe T, Shioi G, Kohno T, Hattori M, Sakakibara A, Kawaguchi Y, Hirata T. Semaphorin 6A-Plexin A2/A4 Interactions with Radial Glia Regulate Migration Termination of Superficial Layer Cortical Neurons. *iScience*. 2019 Nov 22;21:359-374.

Ito F, Matsumoto T, Hirata T. Frequent nonrandom shifts in the temporal sequence of developmental landmark events during teleost evolutionary diversification. *Evol Dev*. 2019 May;21(3):120-134.

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

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

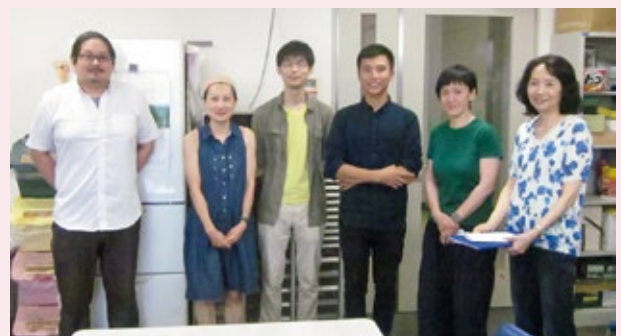
川崎能彦 助教



ZHU, Yan
Assistant Professor

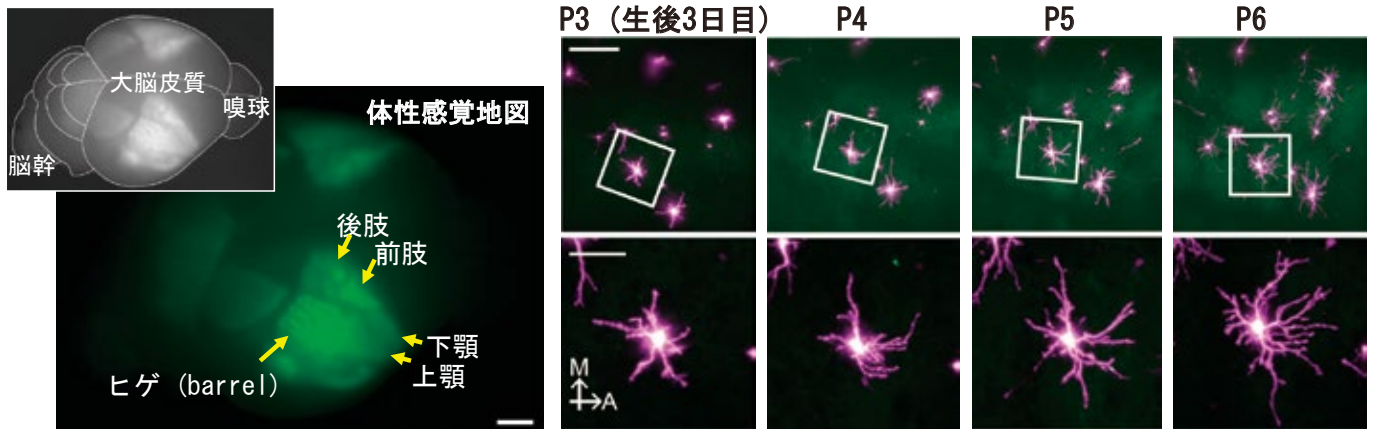
トウ ヤン 助教

<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での遺伝子操作や二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

Iwasato Group 岩里研究室



IWASATO, Takuji
Professor
岩里琢治 教授



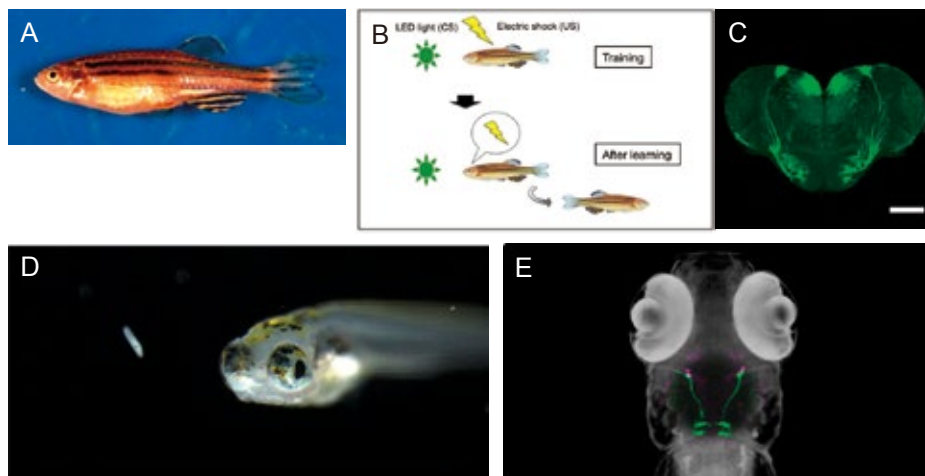
NAKAGAWA, Naoki
Assistant Professor
中川直樹 助教

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



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

Kawakami Group 川上研究室



KAWAKAMI, Koichi
Professor

川上浩一 教授

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



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

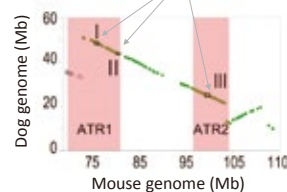


イヌゲノムとの比較解析

高い能動的従順性を示すイスとマウス



イス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。現在、アフリカで食用に供される大型げっ歯類の家畜化も試みている。

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. Currently, we are trying to apply this method to domestication of large rodents used for food in Africa.

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

Tanave A, Imai Y, Koide T. Nested retrotransposition in the East Asian mouse genome causes the classical nonagouti mutation. *Commun Biol.* 2019 Aug 2;2(1):283.

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. *SciRep.* 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.

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



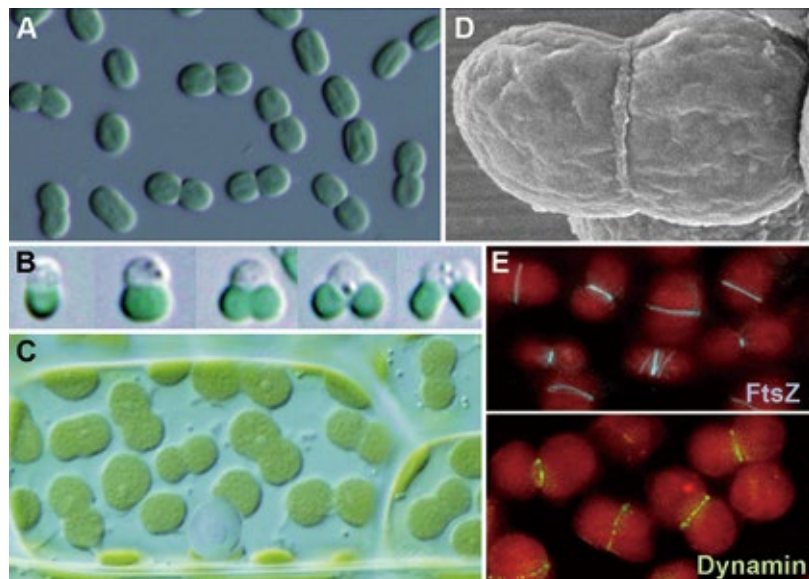
TAKANAMI, Keiko
Assistant Professor
高浪景子 助教

<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 Dynamitin 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 dynamitin (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

Uzuka A, Kobayashi Y, Onuma R, Hirooka S, Kanesaki Y, Yoshikawa H, Fujiwara T, Miyagishima SY. Responses of unicellular predators to cope with the phototoxicity of photosynthetic prey. *Nat Commun.* 2019 Dec 6;10(1):5606.

Miyagishima SY, Era A, Hasunuma T, Matsuda M, Hirooka S, Sumiya N, Kondo A, Fujiwara T. Day/Night Separation of Oxygenic Energy Metabolism and Nuclear DNA Replication in the Unicellular Red Alga *Cyanidioschyzon merolae*. *mBio.* 2019 Jul 2;10(4). pii: e00833-19.

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.

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

Miyagishima Group 宮城島研究室



MIYAGISHIMA, Shin-ya
Professor
宮城島進也 教授



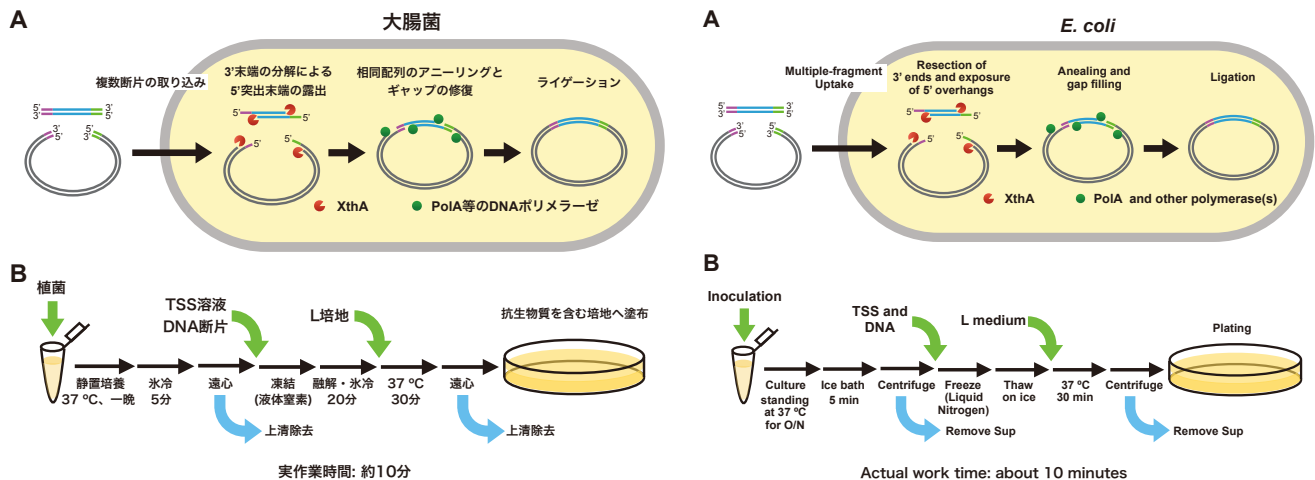
FUJIWARA, Takayuki
Assistant Professor
藤原崇之 助教

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



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断片とバクテリア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 investigate *S. japonicus*.

Selected Publications

Nozaki S, Niki H. Exonuclease III (XthA) Enforces In Vivo DNA Cloning of *Escherichia coli* To Create Cohesive Ends. *J Bacteriol.* 2019 Feb 11;201(5): e00660-18.

Seike T, Shimoda C, Niki H. Asymmetric diversification of mating pheromones in fission yeast. *PLoS Biol.* 2019 Jan 22;17(1):e3000101.

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.

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

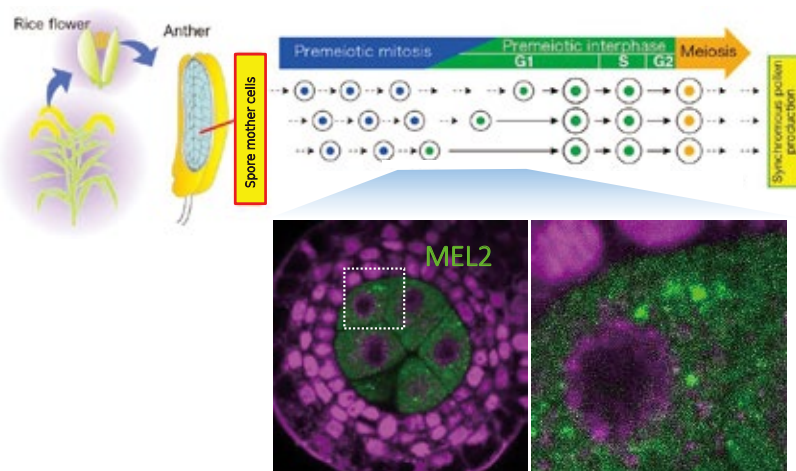


AOKI, Keita
Assistant Professor
青木敬太 助教



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



イネの葯の中の生殖母細胞（Spore mother cells）は、体細胞分裂により数百に増殖した後、ほぼ同時に減数分裂（Meiosis）へと移行して、その後の同調的な花粉形成を誘導する。私たちが同定したイネのRNA結合タンパク質 MEL2 は、減数分裂直前の生殖母細胞で細胞質顆粒を形成し、減数分裂関連遺伝子の転写後制御を介して減数分裂への移行タイミングを制御する。

After multiplied by mitosis, hundreds of spore mother cells go together to meiotic phases, and contribute to establish synchronous pollen formation in rice anthers. The rice RNA binding protein MEL2 that we previously identified forms cytoplasmic granules in spore mother cells, and controls the timing of mitosis-to-meiosis transition by post-transcriptional regulation of meiosis-related genes.

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

Sera Y, Hanamata S, Sakamoto S, Ono S, Kaneko K, Mitsui Y, Koyano T, Fujita N, Sasou A, Masumura T, Saji H, Nonomura KI, Mitsuda N, Mitsui T, Kurusu T, Kuchitsu K. Essential roles of autophagy in metabolic regulation in endosperm development during rice seed maturation. *Sci Rep*. 2019 Dec 6;9(1):18544.

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.

Plant Cytogenetics Laboratory 植物細胞遺伝研究室

Nonomura Group 野々村研究室



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



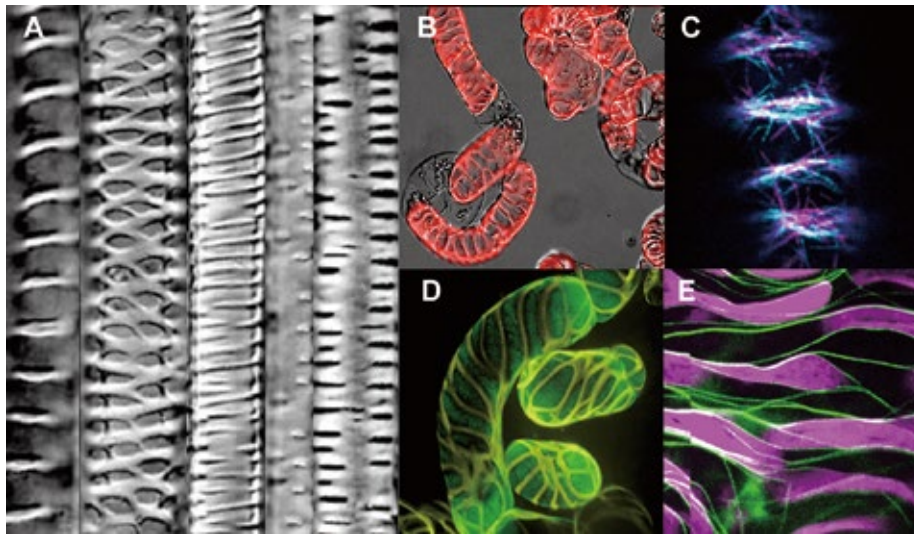
TSUDA, Katsutoshi
Assistant Professor
津田勝利 助教

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



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) 低分子量Gタンパク質が活性化 (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。低分子量Gタンパク質 (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) Xylogenesis in 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 of cell wall patterns. Plasma membrane domains (magenta) associate with microtubules (green).

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、規則的なパターンの二次細胞壁を形成する木部道管の分化や、新たな細胞壁を作り出す細胞分裂をモデルとして、植物細胞が細胞壁をいどこにどのように沈着させるか決定する仕組みを研究しています。独自に開発した細胞培養系や再構築実験系を用い、主に細胞骨格とその挙動を制御する低分子量Gタンパク質のシグナルに着目して研究を進めています。

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 and cell division during which de novo cell walls assemble at cell plates. By using our cell culture system and pattern reconstruction assays, we are investigating the behavior of cortical cytoskeletons and Rho GTPase signaling that determine the deposition patterns of cell walls.

Selected Publications

Sasaki T, Tsutsumi M, Otomo K, Murata T, Yagi N, Nakamura M, Nemoto T, Hasebe M, Oda Y. A Novel Katanin-Tethering Machinery Accelerates Cytokinesis. *Curr Biol*. 2019 Dec 2;29(23):4060-4070.e3.

Sugiyama Y, Nagashima Y, Wakazaki M, Sato M, Toyooka K, Fukuda H, Oda Y. A Rho-actin signaling pathway shapes cell wall boundaries in Arabidopsis xylem vessels. *Nat Commun*. 2019 Jan 28;10(1):468.

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.

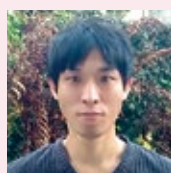
Sugiyama Y, Wakazaki M, Toyooka K, Fukuda H, Oda Y. A Novel Plasma Membrane-Anchored Protein Regulates Xylem Cell-Wall Deposition through Microtubule-Dependent Lateral Inhibition of Rho GTPase Domains. *Curr Biol*. 2017 Aug 21;27(16):2522-2528.e4.

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



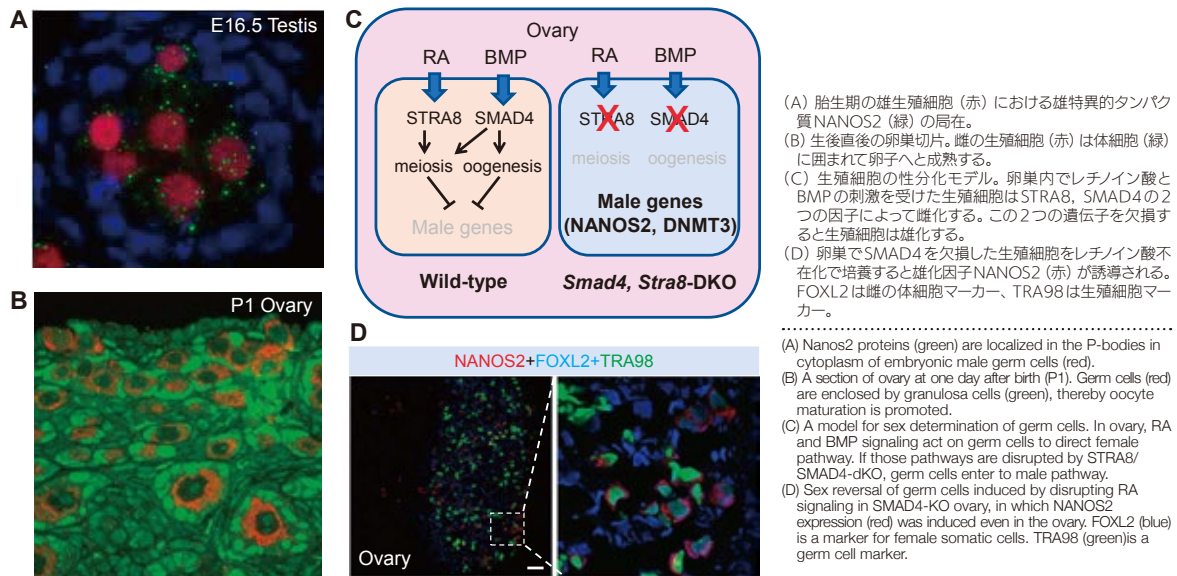
SASAKI, Takema
Assistant Professor
佐々木武馬 助教

<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

Kato Y, Iwamori T, Ninomiya Y, Kohda T, Miyashita J, Sato M, Saga Y. ELAVL2-directed RNA regulatory network drives the formation of quiescent primordial follicles. EMBO Rep. 2019 Dec 5;20(12):e48251.

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.

Mammalian Development Laboratory 発生工学研究室

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

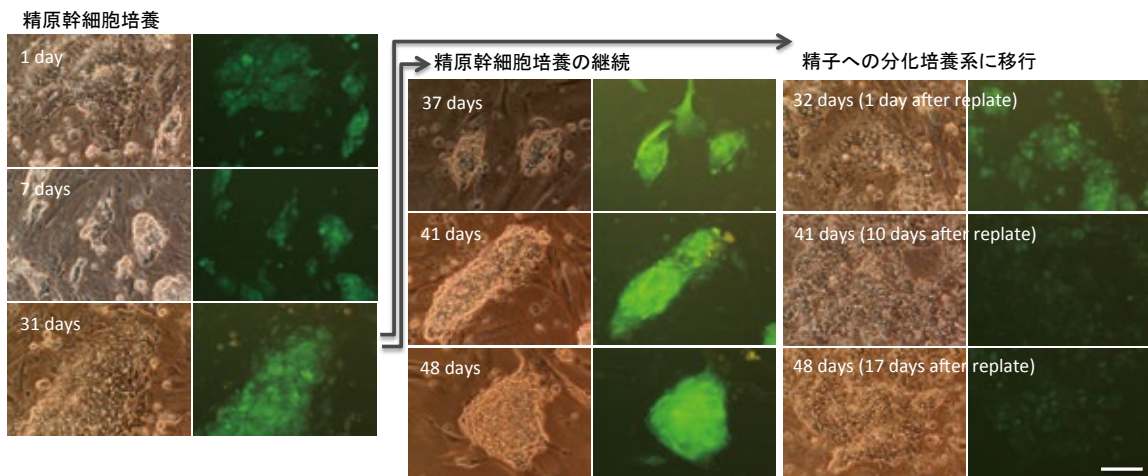


AJIMA, Rieko
Assistant Professor
安島理恵子 助教


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

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

Takemoto K, Imai Y, Saito K, Kawasaki T, Carlton PM, Ishiguro K, Sakai N. Sycp2 is essential for synaptonemal complex assembly, early meiotic recombination and homologous pairing in zebrafish spermatocytes. PLOS Genetics (in press)

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 honmoro (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.

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

Sakai Group 酒井研究室



SAKAI, Noriyoshi
Associate Professor
酒井則良 准教授



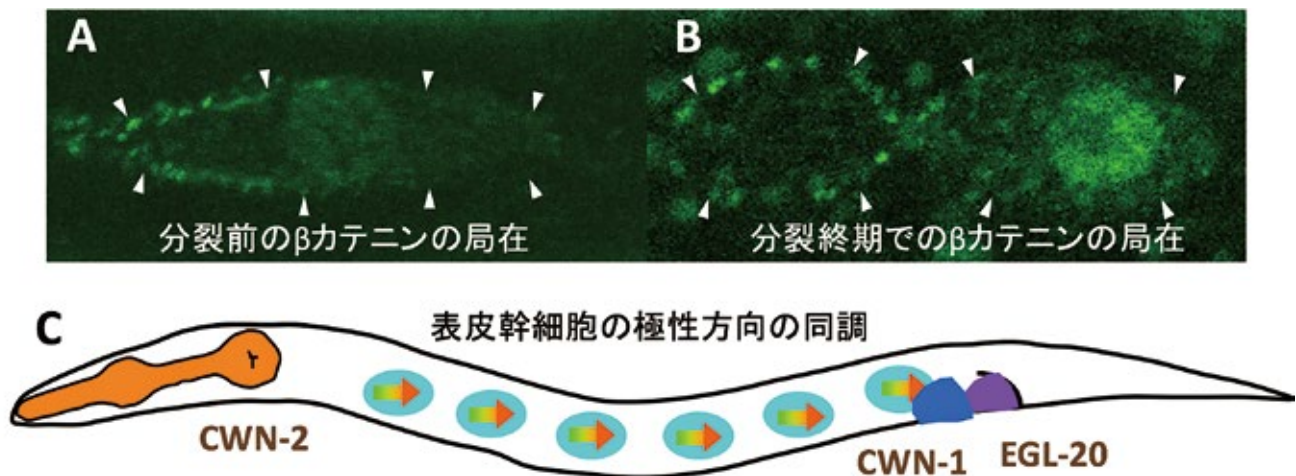
KAWASAKI, Toshihiro
Assistant Professor
河崎敏広 助教



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

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β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 β-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β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。β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 β-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.

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

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.

Multicellular Organization Laboratory 多細胞構築研究室

Sawa Group 澤 研究室



SAWA, Hitoshi
Professor
澤 斉 教授



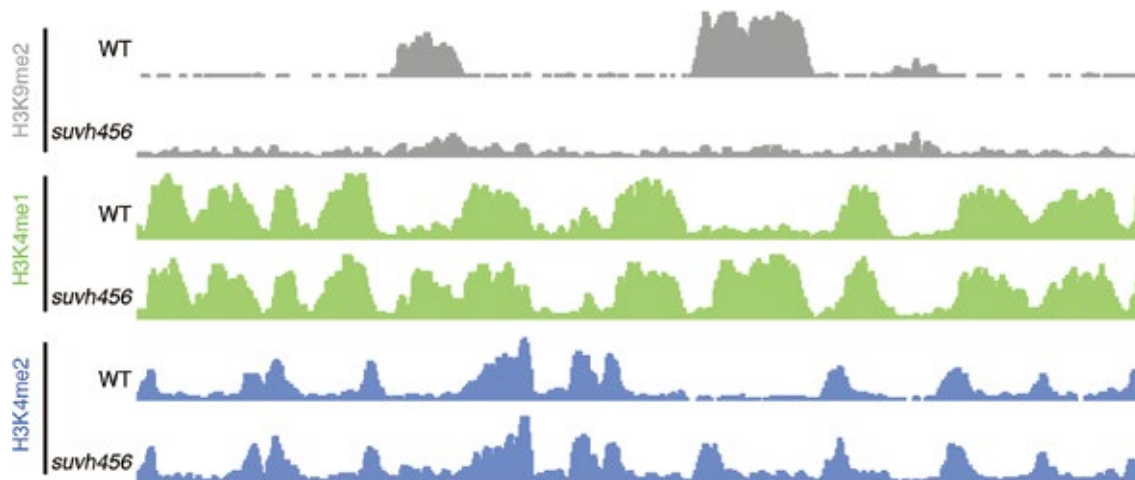
NEGISHI, Takefumi
Assistant Professor
根岸剛文 助教

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



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が無くなるのにも関わらず、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、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。私たちは、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



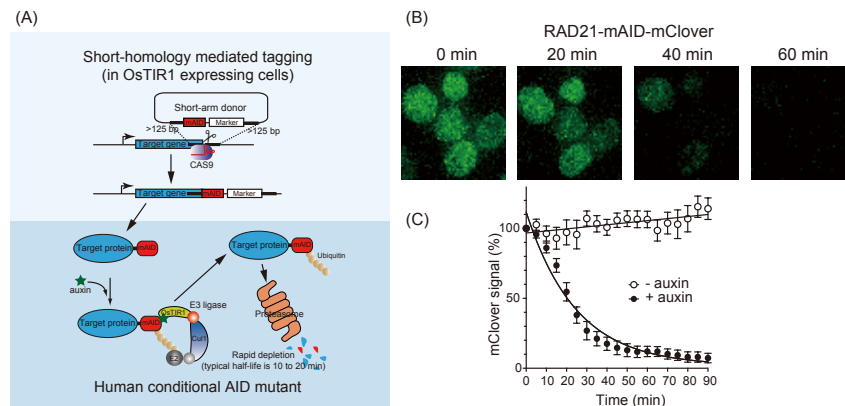
KAKUTANI, Tetsuji
Professor
角谷徹仁 教授

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



A new genetics of human cells for the study of DNA replication

ヒト細胞における新たな遺伝学を用いたDNA複製の解析



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。AID技術の発展技術開発をおこなうとともに、AID関連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. We continue to make new technologies related to AID and, by applying them, 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

Yesbolatova A, Natsume T, Hayashi KI, Kanemaki MT. Generation of conditional auxin-inducible degron (AID) cells and tight control of degron-fused proteins using the degradation inhibitor auxinole. *Methods*. 2019 Jul 15;164-165:73-80.

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

Kanemaki Group 鐘巻研究室



KANEMAKI, Masato
Professor
鐘巻将人 教授

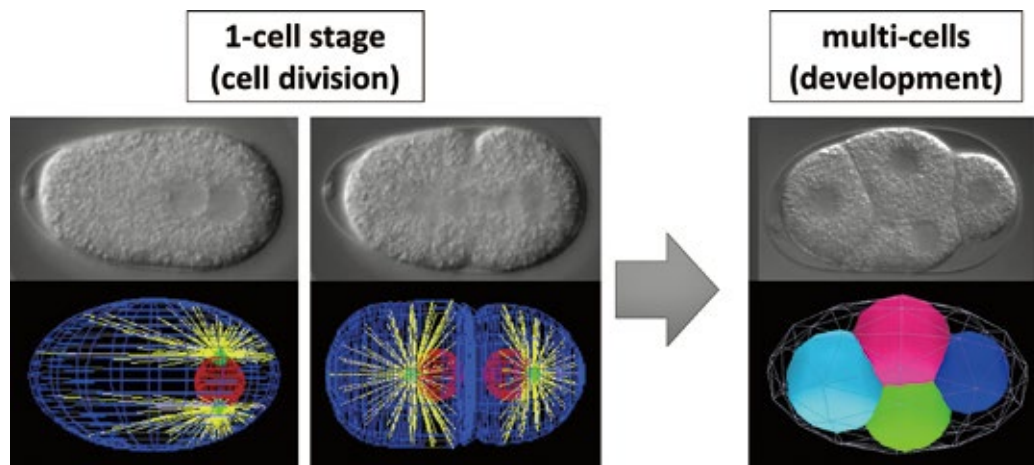


NATSUME, Toyooki
Assistant Professor
夏目豊彰 助教

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


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、この調和は中枢からの指令に基づくものではなく、多くの分子が自己組織的に作り上げています。細胞建築研究室では、「『建築家のいない建築』がどのように構築されているか？」をテーマに、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研究しています。

Cells are a beautiful example of architecture made by the nature. How such harmonious 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.

Selected Publications

木村 暁「細胞建築学入門」工学社 2019.

Torisawa T, Kimura A. The generation of dynein networks by multi-layered regulation and their implication in cell division. *Front Cell Dev Biol.* 2020 Jan 31; 8:22.

Kondo T, Kimura A. Choice between 1- and 2-furrow cytokinesis in *Caenorhabditis elegans* embryos with tripolar spindles. *Mol Biol Cell.* 2019 Jul 22;30(16):2065-2075.

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.

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



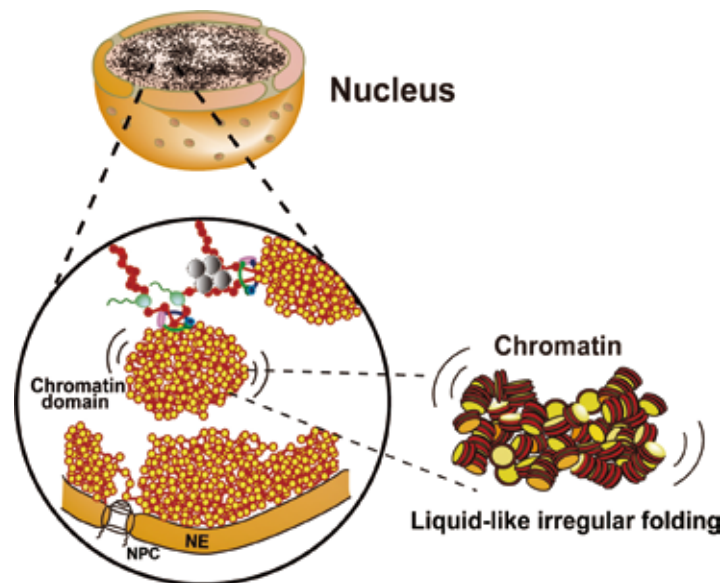
TORISAWA, Takayuki
Assistant Professor
鳥澤 嵩征 助教

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



3D-organization and dynamics of human genome

ヒトゲノムの折り畳み構造とダイナミクス



ヌクレオソーム線維（10-nm 線維）はヒト細胞の核内でとて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

Human genome 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、「ヒトゲノムDNAが細胞のなかに、三次元的にどのように折り畳まれ、そしてどのようにヒトゲノムが読み出されるのか？」を研究しています。最近、ヒト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 human genome is three-dimensionally organized in the cell, and how the human 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

Nagashima R, Hibino K, Ashwin SS, Babokhov M, Fujishiro S, Imai R, Nozaki T, Tamura S, Tani T, Kimura H, Shribak M, Kanemaki MT, Sasai M, Maeshima K. Single nucleosome imaging reveals loose genome chromatin networks via active RNA polymerase II. *J Cell Biol.* 2019 May 6;218(5):1511-1530.

Maeshima K, Ide S, Babokhov M. Dynamic chromatin organization without the 30-nm fiber. *Curr Opin Cell Biol.* 2019 Jun;58:95-104.

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(2+) Ions Released from ATP-Mg Hydrolysis Contributes to Mitotic Chromosome Condensation. *Curr Biol.* 2018 Feb 5;28(3):444-451.e6.

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

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



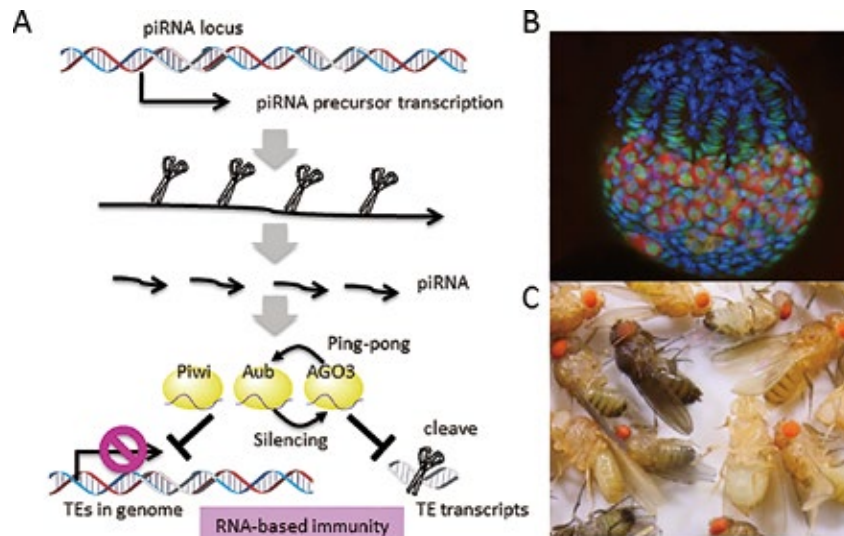
HIBINO, Kayo
Assistant Professor
日比野佳代 助教

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



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

Katow H, Takahashi T, Saito K, Tanimoto H, Kondo S. Tango knock-ins visualize endogenous activity of G protein-coupled receptors in *Drosophila*. *J Neurogenet*. 2019 Mar - Jun;33(2):44-51.

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.

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

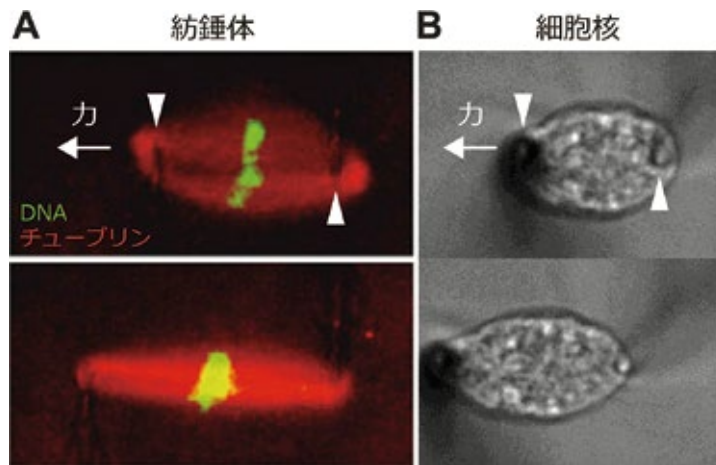


MIYOSHI, Keita
Assistant Professor
三好啓太 助教



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は遺伝情報の維持や複製を担う細胞核。ガラス製の探針（先端位置を白矢頭で示す）と高解像の顕微鏡を使って力の刺激に対する応答を解析し、これらの細胞装置が備えた未解明の力学特性を調べている。

Images show micromanipulation experiments performed in our laboratory for examining the micromechanical properties of the spindle (A) and the cell nucleus (B). Using microneedle-based force probes (white arrowheads) and high-resolution microscopy, we study how these structures generate and respond to forces while properly functioning in a cell.

細胞がメカニカルな力を発生し、また力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必要不可欠です。私達の研究室は、1) レーザーピンセットやガラスファイバーを使った生物物理の力計測・操作技術、2) 細胞生物学の分子摂動ツール、3) 1分子蛍光イメージング、4) 材料科学のレオロジー解析、等を組み合わせた学際的アプローチにより、紡錘体と呼ばれる染色体分配装置が細胞内で正しい大きさとかたに集合し、適切に力を発生・応答しながら機能するしくみを調べています。また、開発した手法を応用して、細胞の核が備えた力学的インテグリティと機械受容のしくみについても研究を進めています。

The cell's ability to generate, sense, and respond to mechanical force is crucial in many biological processes, including cell division and differentiation. Our laboratory takes a multi-disciplinary approach, integrating biophysical micromanipulation tools (e.g., optical tweezers, glass microfibers) with biochemical perturbation, single-molecule imaging, and material science methods to study how the spindle – the chromosome segregation machinery – can assemble into a proper size and shape and generate and respond to forces for error-free cell division. We also use our micromanipulation technique to analyze the mechanical integrity of the nucleus.

Selected Publications

Takagi J, Sakamoto R, Shiratsuchi G, Maeda YT, Shimamoto Y. Mechanically Distinct Microtubule Arrays Determine the Length and Force Response of the Meiotic Spindle. *Dev Cell*. 2019 Apr 22;49(2):267-278.e5.

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.

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, 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.

Physics and Cell Biology Laboratory 物理細胞生物学研究室

Shimamoto Group 島本研究室

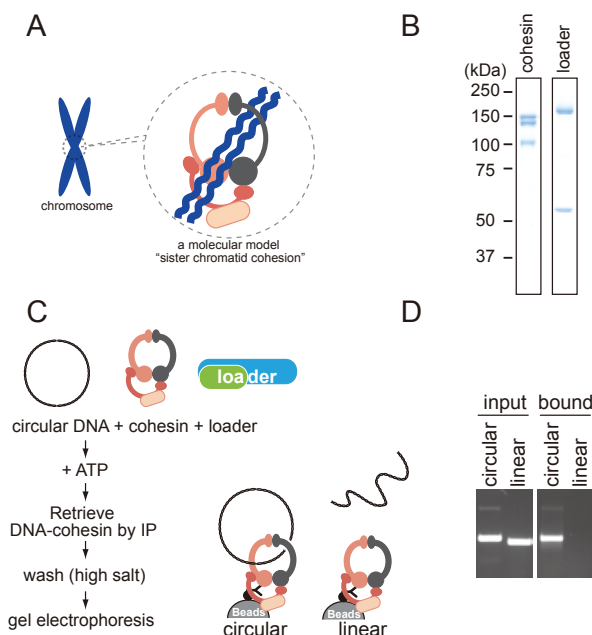


SHIMAMOTO, Yuta
Associate Professor
島本勇太 准教授

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


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を束ねて働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.

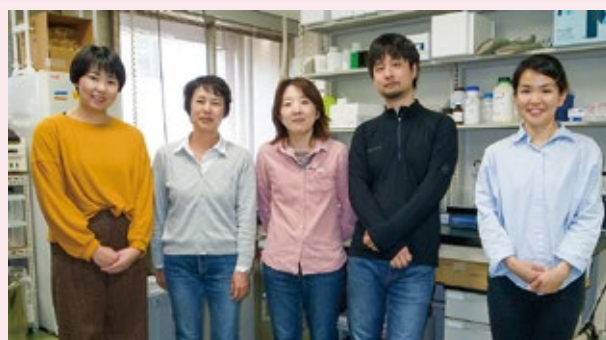
Chromosome Biochemistry Laboratory 染色体生化学研究室

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/>



Exploring the three-dimensional structure of the human genome

ヒトゲノムの三次元構造を探る

私たちの研究は分子生物学、シーケンス、コンピューター解析を駆使したHi-C法により染色体の折りたたみと立体構造を明らかにしようとしています。また、新規ゲノムアセンブリー用のツールの作成もおこなっています。

Our work centers on the experimental interrogation of genome folding and structure revealed by a combination of molecular biology, sequencing, and computer analyses, namely Hi-C. We also develop powerful genome assembly tools.

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



<https://www.aidenlab.org/>

LIEBERMAN-AIDEN, Erez

International Strategic Advisor

(Assistant Professor, Baylor College of Medicine, Molecular & Human Genetics)
(Assistant Professor, Rice University, Computer Science)

リーバーマン・エイデン, エレツ

国際戦略アドバイザー

(ベ일러医科大学分子・人類遺伝学助教授)

(ライス大学コンピューターサイエンス助教授)



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=c7addee2-c39f-4c3c-b41d-3868472c0fa3>

FU, Yun-Xin
Visiting Professor
(Professor, University of Texas)

フー, ユンシン
客員教授
(テキサス大学教授)

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.

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



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

PEICHEL, Katie
Visiting Professor
(Professor, University of Bern)

パイケル, ケイティー
客員教授
(ベルン大学教授)

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, Harvard University)

ヘンシュ, タカオ K.
客員教授
(ハーバード大学教授)

Vertebrate sex development

脊椎動物における性分化機構

哺乳類の胚形成、性分化、器官形成に関わる細胞系譜を同定し、その形態形成機構に関わる分子メカニズムの解明を目指す。

Our research focuses on the molecular and cellular mechanisms that lead to the formation of a mammalian embryo, the genesis of tissues and organs during development, and the pathological consequences of developmental defects.

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



<https://www.mdanderson.org/research/departments-labs-institutes/labs/behinger-laboratory.html>

BEHRINGER, Richard R.
Visiting Professor
(Professor, Department of Genetics, University of Texas MD Anderson Cancer Center)

ベーリンガー, リチャード R.
客員教授
(テキサス大学MDアンダーソンがんセンター遺伝学部門教授)

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 Principal Investigator, Gregor Mendel Institute)

ベルシェ, 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研究室主宰者)

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



(2019年度実績)

知的財産 Intellectual Property	件数 QUANTITY
特許出願 Patent application	8件
特許登録 Patent registration	6件
企業との共同研究契約 Joint research agreement with the private sector	19件
ライセンス、有償MTA契約 License agreement	33件
MTA Material Transfer Agreement	882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、全国の大学・研究機関に対する啓発、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 throughout Japan 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際しての議題, 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」

私達は、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).

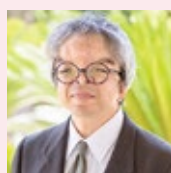
平田たつみ, タジ・ゴルマン, 広海健. 「遺伝研メソッドで学ぶ科学英語プレゼンテーション—感じる力、考える力、討論する力を育てる」2016 dZERO.

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

男女共同参画推進室は、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、様々な立場で働く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) までおよせください。

The Office for Gender Equality provides support to meet 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/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".

Office for Gender Equality

男女共同参画推進室



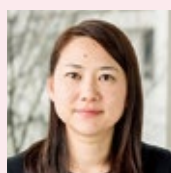
HIRATA, Tatsumi
Director

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)



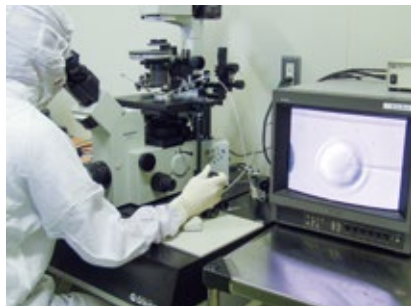
TAKIDA, Masatoshi
Staff

滝田昌稔 室員(兼)

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

Technical Section

技術課



遺伝子改変マウス作製支援
Transgenic mouse production service



ショウジョウバエストックの維持・分譲
Maintenance of Drosophila strains



トランスジェニックゼブラフィッシュの作出
Development of transgenic zebrafish



実験圃場の水田・温室管理
Management of rice paddy fields and green houses



作業環境測定の実施
Working environment monitoring

技術課は、所長直属の組織で、12名の技術職員が所属しています。各々は研究室や支援ユニットに配属され、それぞれがもつ専門性の高い技術を通じて遺伝研内外の研究活動を支援しています。その専門技術は多岐にわたり、以下のような様々な研究支援を行っています。

- 研究所全体のネットワーク管理及び情報セキュリティ対策
- 電子顕微鏡等の共通機器の保守・管理
- 実験圃場の水田や温室の管理・運営
- 動物飼育実験施設の飼育環境の維持
- トランスジェニックマウス・ノックアウトマウスの作製支援
- X線マイクロCT装置による3次元データ解析支援
- ショウジョウバエ、イネ、ゼブラフィッシュなどの生物遺伝資源の作出、維持、国内外への分譲
- 酵母を使った遺伝学的・生化学的実験

この他にも、作業環境測定、動物実験・遺伝子組換え実験に関わる事務手続き、所内の安全衛生管理および薬品管理を担い、研究所全体の研究環境の整備に貢献しています。

The technical section, to which 12 technical staff members belong, is under the direct supervision of the Director-General. Each technical staff member works in a laboratory, division or unit and supports the following research activities inside and outside of NIG using their highly specialized skills.

- Maintenance and management:
 - The network and information security of the entire institute.
 - Common equipment such as electron microscopes.
 - Paddy fields and green houses in the experimental farm.
 - Breeding environment in the animal research building.
- Transgenic mouse and knock-out mouse production services.
- 3D imaging analysis services using microfocus X-ray CT
- Development, preservation and distribution of bioresources such as drosophila, rice and zebrafish.
- Genetic and biochemical experiments using budding yeast.

We help to improve the research environment at NIG in numerous ways such as procedures for animal experiments and recombinant DNA experiments, safety and health management, chemical management, and laboratory work.

Technical Section

技術課

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



FURUUMI, Hiroyasu
Manager
古海弘康 課長

NAGURA, Masahiko
Senior Technical Specialist
奈倉雅彦 技術専門員

□ Research infrastructure Technical Unit
基盤支援技術班

- Information Technology Team
情報基盤支援チーム
NAGURA, Masahiko Subsection Chief
奈倉雅彦 係長(兼)

- Resource Development Team
リソース開発支援チーム
KISO, Makoto Subsection Chief
木曾 誠 係長
YAMATANI, Noriko Technical Staff
山谷宣子 技術職員

□ Project Technical Unit
プロジェクト技術班

- Project Support Team
プロジェクト支援チーム
SAKAMOTO, Sachiko Subsection Chief
坂本佐知子 係長

- Genetic Resource Project Team
遺伝資源事業支援チーム
YANO, Hiroyuki Subsection Chief
矢野弘之 係長
MIYABAYASHI, Toshie Technical Staff
宮林登志江 技術職員
KASHIHARA, Misako Technical Staff
柏原美紗子 技術職員(兼)

□ Facility and Equipment Technical Unit
施設機器技術班

- MAENO, Akiteru Technical Specialist
前野哲輝 技術専門職員

- Common Equipment Team
共通機器チーム
OISHI, Akane Subsection Chief
大石あかね 係長

■ Experimental Facility Team
実験施設チーム

- SAKA, Kimiko Subsection Chief
坂 季美子 係長
IMAI, Yuji Technical Staff
今井悠二 技術職員
KASHIHARA, Misako Technical Staff
柏原美紗子 技術職員



Intellectual Infrastructure and Collaborative Research

共同利用・共同研究

Bioinformation and DDBJ Center

生命情報・DDBJセンター

DDBJ (DNA Data Bank of Japan) は1987年に設立されました。生命科学研究をサポートするため、米国のNCBIおよび欧州のEBIと協力して、世界の公共財『国際塩基配列データベース・コラボレーション (INSDC)』を維持しています。また日・米・欧の特許庁と協力し、特許由来のDNA配列及びアミノ酸配列も公開しています。韓国生物情報センター (KOBIC) とも協力し、韓国特許庁のデータも公開しています。

2009年からは、次世代シーケンサ出力データを収集するSequence Read Archive、研究プロジェクトとデータを関連づけるBioProject、生物試料の情報を管理するBioSampleも日・米・欧で協力して運営しています (下図A)。2013年には、科学技術振興機構 (JST) パイオサイエンスデータベースセンターと、日本人ゲノムのデータベース (JGA) の運用を開始しました。時代の要請に応じて、今後も生命科学研究の基盤となるデータベースを提供していきます。

DDBJへ登録する研究者は国内が殆どで、アジア諸国や中近東の研究者も少し含みます。登録件数では全INSDの10%強を占めています (下図B)。またDDBJへのインターネットアクセス統計は、ドメイン名で実施しています。.comおよび.netが5割 (企業アドレス)、.jpが2割 (日本)、.govアドレスが1割弱 (米国政府)、そして残りの殆どが匿名または不明アドレスです。

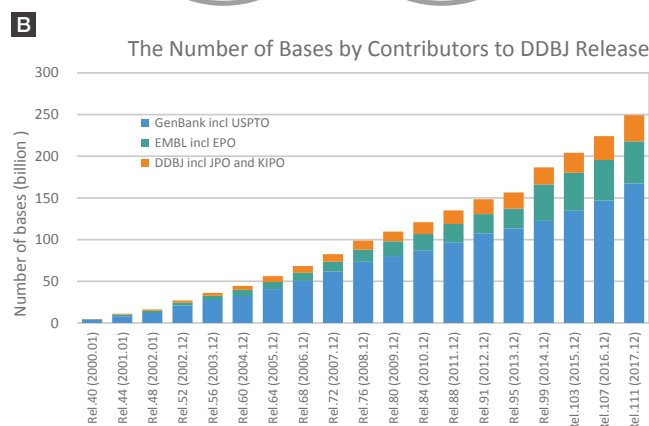
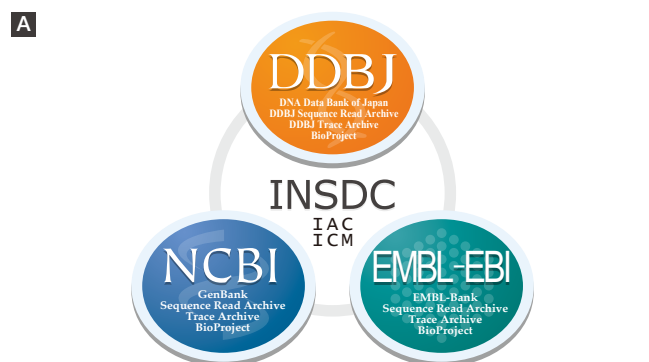
センターでは国内研究者向けにスーパーコンピュータ (スパコン) の無償貸出もおこなっています。毎年600名以上の登録者がスパコンを利用した生命科学研究を実施しています。

DNA Data Bank of Japan (DDBJ) Homepage

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

NIG Supercomputer

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



The DNA Data Bank of Japan (DDBJ) was established in 1987. It collaborates with the NCBI in the United States and with ENA/EBI in Europe, and maintains the International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC) to provide a worldwide public asset for life sciences. Data on patent-related DNA and amino acid sequences are available through the cooperation of INSDC and patent offices in Japan, the United States, and Europe. We also cooperate with the Korean Bioinformation Center (KOBIC) to publish data from Korean patent offices.

Since 2009, the three parties (DDBJ, NCBI, and ENA) have cooperated to maintain the Sequence Read Archive for next-generation sequence data, BioProject for research projects, and BioSample for biological sources, materials and samples (Figure A). In 2013, DDBJ started the Japanese Genotype-phenotype Archive (JGA) in collaboration with the National Bioscience Database Center of the Japan Science and Technology Agency (JST). We will continue to provide fundamental databases for life sciences.

Data submission to DDBJ is mainly from Japan; some come from other Asian and Middle-eastern countries. The number of submissions from these sources represents a little over 10% of all INSD submissions (Figure B). Internet access to DDBJ is obtained via domain names, e.g. 50% from '.com' and '.net' (from companies), 20% from '.jp' (from Japan), and 7% from '.gov' (from the US government). The remaining accesses are from anonymous sources or unknown addresses.

Our supercomputer platform is free for Japanese investigators. Each year, more than 600 registered users conduct life science research on our supercomputer system.

Bioinformation and DDBJ Center

生命情報・DDBJセンター



ARITA, Masanori
Head, Bioinformation and DDBJ Center
有田正規 センター長 (兼)



OGASAWARA, Osamu
Division Head (High Performance Computing)
小笠原 理 システム管理部門長



FUJISAWA, Takatomo
Division Head (Database)
藤澤貴智 データベース部門長



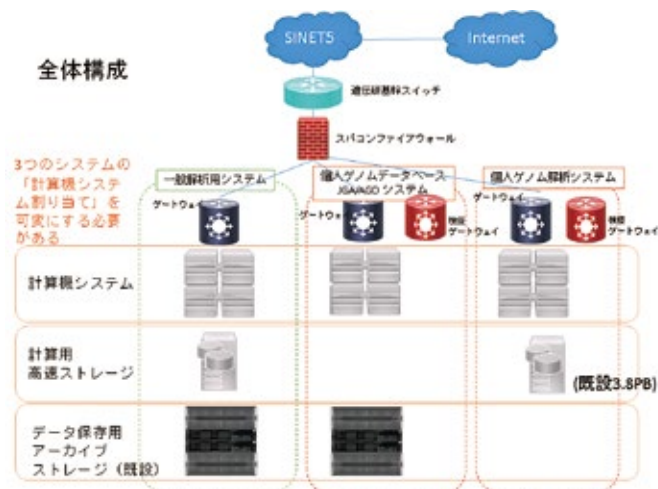
NAKAMURA, Yasukazu
Division Head (International Affairs)
中村保一 国際連携部門長

SHIMIZU, Atsushi
清水厚志 (岩手医科大)
SHIRAIISHI, Yuichi
白石友一 (国立がん研究センター)
KINOSHITA, Kengo
木下賢吾 (東北大学)
OKUBO, Kousaku
大久保公策 (兼)

SAKURAI, Nozomu
櫻井 望 (兼)
KAWASHIMA, Takeshi
川島武士 (兼)
TANIZAWA, Yasuhiro
谷澤靖洋 (兼)

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年に導入した新しい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 install a large-scale storage system and in 2019 we replaced the old 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22台 AMD EPYC 512GB×22
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。

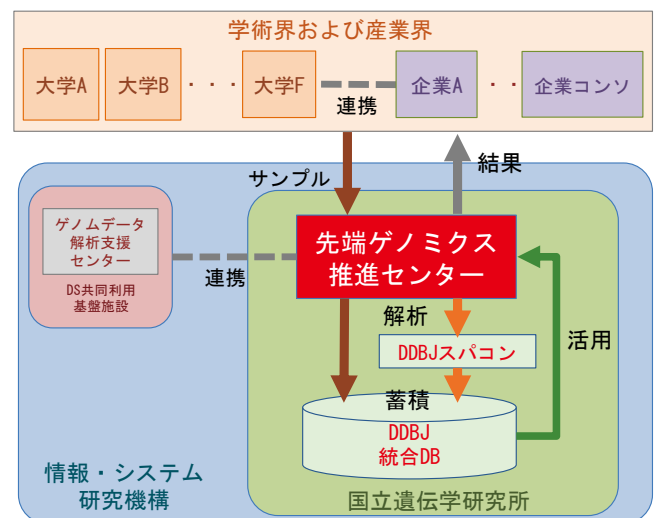


Advanced Genomics Center was established October 1st., 2011, with the aim to combine the latest genomics technology, i.e., next generation sequencing, for example, and the genetic resources, that have been collected and constructed throughout the history of this institute, to create resources for new-generation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



■ 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、スナリス、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、クマムシなど
- 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)
黒川 顕
センター長 (兼)
データ解析部門長 (兼)

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

□ Data Analysis Division
データ解析部門
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)

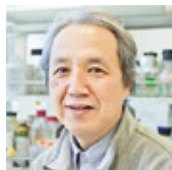
Genetic Resource Center

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 “Biore-source 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 bioreources 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)
仁木宏典
センター長（兼）バイオリソース部門長（兼）



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



SAGA, Yumiko
Division Head (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長（兼）



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

□ Bioresource Management Division

バイオリソース部門

KAWAKAMI, Koichi Professor
川上浩一 教授（兼）
SAITO, Kuniaki Professor
齋藤都暁 教授（兼）
SATO, Yutaka Professor
佐藤 豊 教授（兼）
KOHARA, Yuji Project Professor
小原雄治 特任教授（兼）
SAKAI, Noriyoshi Associate Professor
酒井則良 准教授（兼）
IKEO, Kazuho Associate Professor
池尾一穂 准教授（兼）

KOIDE, Tsuyoshi Associate Professor
小出 剛 准教授（兼）
NONOMURA, Ken-ichi Associate Professor
野々村賢一 准教授（兼）
KAWASAKI, Toshihiro Assistant Professor
河崎敏広 助教（兼）
KONDO, Shu Assistant Professor
近藤 周 助教（兼）
MIYOSHI, Keita Assistant Professor
三好啓太 助教（兼）
AOKI, Keita Assistant Professor
青木敬太 助教（兼）

SUZUKI, Toshiya Assistant Professor
鈴木俊哉 助教（兼）
TAKANAMI, Keiko Assistant Professor
高浪景子 助教（兼）
NOSAKA-T, Misuzu Assistant Professor
野坂実鈴 助教（兼）
TSUDA, Katsutoshi Assistant Professor
津田勝利 助教（兼）

□ Plant Resource Development Division

植物育成・開発支援部門

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

□ Division for Development of Genetic-Engineered Mouse Resource

ゲノム変異マウス開発支援部門

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

□ Bioreources Databases Division

バイオリソース情報部門



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.

Division for Development of Genetic-Engineered Mouse Resource

ゲノム変異マウス開発支援部門

大学共同利用機関である国立遺伝学研究所では、ゲノム変異マウス開発支援部門が2011年に生殖工学技術を一括して行う組織として創設され、研究所内および大学等の公的研究機関からの依頼を受け、支援を行っています。今後は企業からの受け入れも予定しています。

〈主な内容〉

1. 遺伝子導入マウスの作製
2. CRISPR/Cas9を用いた遺伝子改変マウスの作製
3. ES細胞への遺伝子導入・キメラマウスの作製
4. 凍結胚・凍結精子の作製と保存
5. マウススクリーニング (SPF化)
6. その他、様々な研究支援

The Division for Development of Genetic-Engineered Mouse Resource was established in 2011 to provide mouse reproductive engineering services. We are providing services not only for our institute, but also for other universities and institutes. We are planning to expand our services to industry.

<Main services>

1. Establish transgenic mice
2. Establish knock-out/knock-in mice using the CRISPR/Cas9 technique
3. Establish knock-out/knock-in mice using ES cell lines
4. Cryopreservation of embryos and sperm
5. Microbiological cleaning
6. Other services are also available upon request

Division for Development of Genetic-Engineered Mouse Resource

ゲノム変異マウス開発支援部門



<https://shigen.nig.ac.jp/mouse/researchSupportingUnit/>



キメラマウス (左) 受精卵への遺伝子導入 (右)

Chimera mice (left), Microinjection into fertilized eggs (right)

Support Center 支援センター

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進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)

<https://www.nig.ac.jp/facilities/Animal/index.html>



動物飼育実験施設の様子 建物 (左) と飼育室内 (右)

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

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 misacylated 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

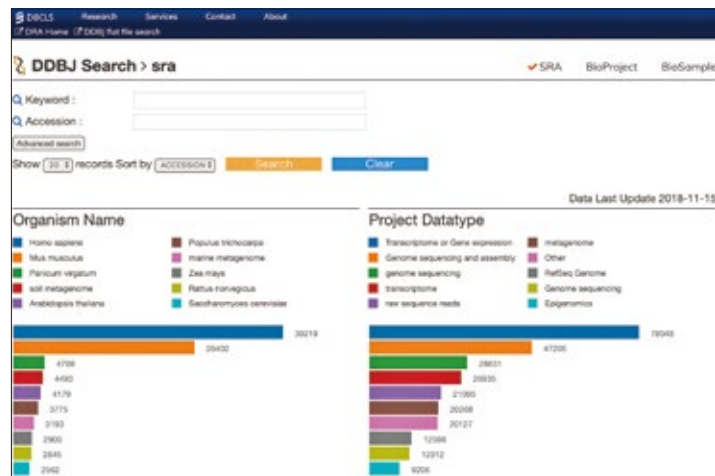


ANDACHI, Yoshiki
Assistant Professor
安達佳樹 助教

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


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, Hirota K. Meta-Analysis of Hypoxic Transcriptomes from Public Databases. *Biomedicine*. 2020 Jan 9;8(1). pii: E10.

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

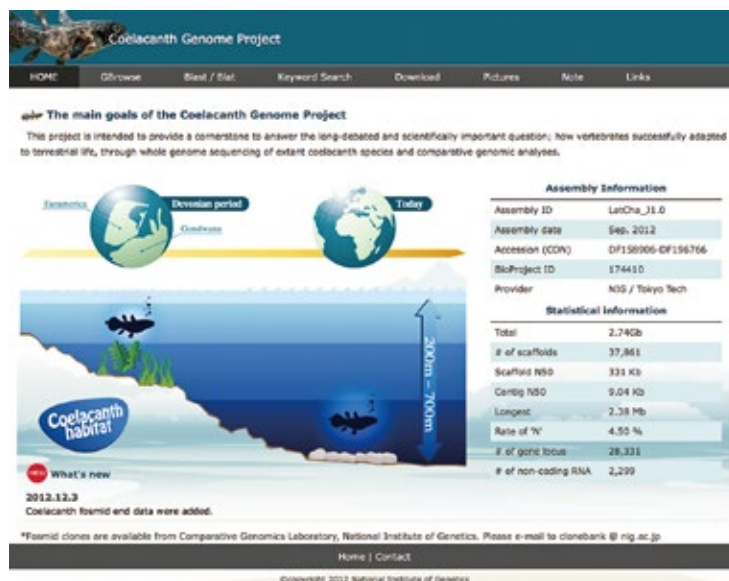
BONO, Hidemasa Visiting Professor	ONO, Hiromasa Project Assistant Professor
坊農秀雅 客員教授	小野浩雅 特任助教
NAITO, Yuki Project Assistant Professor	NAKAZATO, Takeru Project Assistant Professor
内藤雄樹 特任助教	仲里猛留 特任助教
OHTA, Tazro Project Assistant Professor	
大田達郎 特任助教	

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



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/>

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（2019年度は168件）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そ野拡大を進めます。

「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、それらを縦系横系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・ホログゲノム解析
- 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.

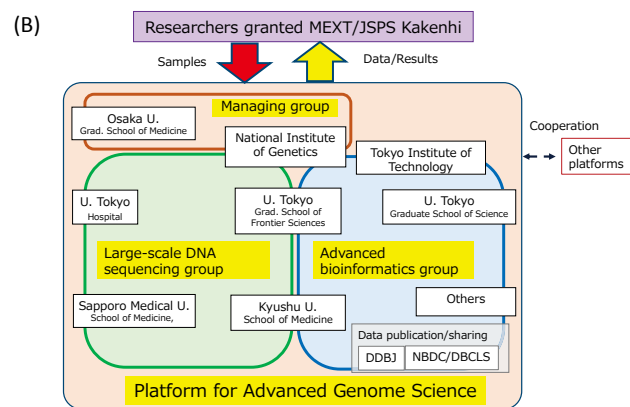
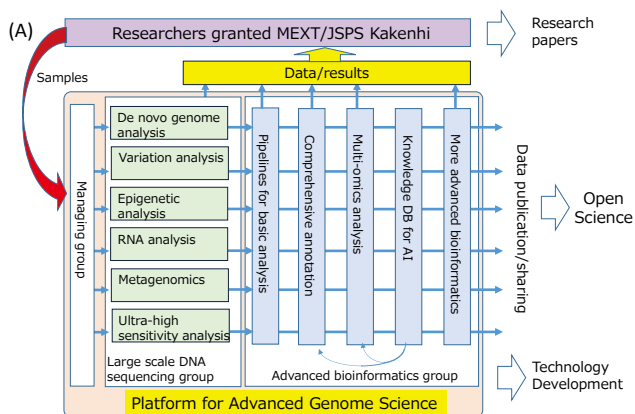
■ Large-scale DNA sequence analysis

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

□ Large-scale DNA sequencing group 大規模ゲノム解析

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

□ Advanced bioinformatics group 高度情報解析

- 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

- TANIZAWA, Yasuhiro Assistant Professor
- 谷澤靖洋 助教
- 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、—：研究支援協力者）

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、富山国際大学、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、2019年度も計106件の共同研究と計15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 2019, 106 Joint Researches and 15 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.

Whole-genome sequencing of goldfish with a wide variety of morphological phenotypes

キンギョのゲノム解読と表現型の多様性を生み出す機構の解明

長浜バイオ大学大学院
バイオサイエンス研究科
大森義裕 教授

Graduate School of Bioscience
Nagahama Institute of Bioscience and Technology
OMORI, Yoshihiro, Professor

キンギョは中国のフナから家畜化された観賞魚であるが、デメキン、ランチュウなど、様々な形態や体色の品種が開発され現在、約180種類以上が存在する。私たちは、キンギョの全ゲノムを解読し、キンギョの祖先種で異質4倍体化による全ゲノム重複が約1,400万年前に起こったことを明らかにした (Science Adv 2019, 5, eaav0547)。得られたゲノム情報を元にサブゲノムの進化やデメキンを含むキンギョの表現型の多様性を生み出すメカニズムの研究を進めている。

The goldfish (*Carassius auratus*) is a domesticated cyprinid teleost. At least 180 variants are currently produced. Goldfish are a useful model for studying genome evolution after the WGD event and understanding the molecular basis of vertebrate development.



カリコデメキン：出目の他、尾びれの伸長、カリコ（三色）、三ツ尾、体軸の短縮などの変異を持つ。

Calico Telescope-eye goldfish show the telescope-eye, long-tail, calico, twin-tail, and short-body phenotypes.

▶ 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小人数で実施する研究集会です。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.

共同研究 (A)

研究課題

- 1A2019 ゲノム情報からのピフィス菌の機能性および糖代謝の解析
 2A2019 Multi-omics analysis of mangosteen (*Garcinia mangostana*) fruit ripening
 3A2019 DNA 配列注釈予測における注釈品質評価とオンライン機械学習の実効性の検討
 4A2019 脊椎動物の肝臓構築メカニズム解明に向けた比較ゲノム解析
 5A2019 RADseqを用いた九州南部の同所的クアシガイ *Patelloida saccharina* 種複合体間の hybridization / ターンの同定
 6A2019 カイコ体内でのサナギタケ (*Cordyceps militaris*) 感染戦略の解析
 7A2019 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
 8A2019 NGS 解析プラットフォーム Maser への解析パイプラインの構築
 9A2019 イネ胚乳におけるトランスポソンの挙動
 10A2019 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
 11A2019 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
 12A2019 イネ胚乳発生機構に関する研究
 13A2019 イネ胚サイズ制御に関わる遺伝子の機能解析
 14A2019 Integrating protein biophysics and population genomics in *Drosophila*
 15A2019 Transcriptome Profiling of Tobacco induced Oral Squamous Cell Carcinoma of South India using Next Generation Sequencing
 16A2019 薬剤性難聴の遺伝的要因と発症機構の解明
 17A2019 増幅遺伝子のゲノム DNA コピー数減少の分子機構解明
 18A2019 機能的 KIR 遺伝子群解析による NK 細胞活性調節システムの解明
 19A2019 Whole exome sequencing of Syndactyl patients in Vietnam
 20A2019 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
 21A2019 淡水イトヨにおける海水適応能喪失メカニズムの解明
 22A2019 発達段階および経験依存的に変化する鱈食魚の利きの遺伝的基盤
 23A2019 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
 24A2019 醸造酵母ゲノムの異数染色体解析
 25A2019 シナプス前終末でのタンパク質恒常性におけるミトコンドリアの役割
 26A2019 ショウジョウバエにおける配偶者選択性に寄与する神経回路の進化的改変
 27A2019 緑内障リスク遺伝子のミトコンドリア構造を維持する分子機構の解明
 28A2019 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
 29A2019 ヒメイカ神経系の電子顕微鏡解析
 30A2019 光合成能を喪失させた珪藻類における細胞分裂制御メカニズムの解明に向けて
 31A2019 ミトコンドリアとリソソームの相互作用における生理的意義の解明
 32A2019 減数分裂の誘導機構に関する研究
 33A2019 琵琶湖固有魚ホンモロコシ生殖細胞の *in vitro* 培養による解析
 34A2019 超短命魚ターコイズキリフイシを用いた老化制御機構の解明
 35A2019 Analysis of the nuclear function of the Argonaute protein MEL1 in rice meiocytes
 36A2019 イネにおける表皮形質の遺伝的多様性の解析
 37A2019 遺伝子改変マウスの3次元筋骨格形態変化
 38A2019 マイクロCT スキャンを用いた脊椎動物の体幹部形成機構の解析
 39A2019 イネの花粒成熟過程における約タベ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
 40A2019 オートファジー欠損による野生イネからの効率的な有用形質の単離
 41A2019 植物の生殖細胞系列におけるレトロトランスポソンの抑制機構の研究
 42A2019 マイクロフォーカス X 線 CT を用いた昆虫の性的形質の比較生物学的研究
 43A2019 脳神経回路形成メカニズムの生体イメージングによる解析
 44A2019 脳梁軸索発達過程においてアクチン足場依存的な軸索間接着を担う接着因子の同定
 45A2019 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
 46A2019 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
 47A2019 脊髄交連軸索の腹側正中線交差制御機構の解明
 48A2019 Identification of Gal4 expression lines in brain regions involved in social behavior in zebrafish.
 49A2019 Screening for zebrafish transgenic lines for in vivo studies of cardiovascular development and disease
 50A2019 Study of neural circuits and behavior in the zebrafish larva
 51A2019 Investigating the Evolution of Vertebrate Appendage Patterning Systems
 52A2019 Identification and characterization of Schwann cells subpopulations in zebrafish
 53A2019 Transgenic approaches for understanding stem and progenitor cell behaviors in the visual system of embryonic and larval zebrafish.
 54A2019 Screening for eye-specific expression patterns in a collection of transgenic zebrafish lines
 55A2019 Optical interrogation of freely behaving larval zebrafish
 56A2019 Identification of a highly selective marker for satellite glial cells in zebrafish
 57A2019 Development of spatio-temporal transgene expression system in the turquoise killifish
 58A2019 てんかん脳の神経活動イメージング
 59A2019 Control of DNA dynamics : Interplay between DNA compaction and gene expression
 60A2019 Rod 複合体と Divisome 複合体による細菌細胞形態制御機構の解明
 61A2019 分裂酵母 *Schizosaccharomyces japonicus* の M 型フェロモン遺伝子の同定及び構造解析
 62A2019 クロマチン制御複合体の質量分析解析
 63A2019 生薬由来抗菌成分ペルベリンの抗菌メカニズムの解明
 64A2019 MSM マウス系統におけるアルコール低嗜好性の脳内遺伝子メカニズムの解明
 65A2019 社会的環境要因と加齢がマウスの行動および脳機能に与える影響
 66A2019 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
 67A2019 マウスの系統差を利用した、弱視回復の遺伝学的解析
 68A2019 ゲノム不均等分配による環境適応仮説の検証

研究代表者

- 東京農業大学 生物産業学部 遠藤明仁
 Universiti Kebangsaan Malaysia (UKM) Hoe-Han Goh
 東京医科歯科大学 医療データ科学推進室 神沼英里
 静岡大学 理学部 塩尻信義
 京都大学 瀬戸臨実験所 中野智之
 静岡大学 グリーン科学技術研究所 朴 龍洙
 福山大学 薬学部 松岡浩史
 東京大学 大学院農学生命科学研究科 吉武和敏
 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 先端科学技術研究科 西條雄介
 奈良先端科学技術大学院大学 パイオサイエンス領域 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
 吉備国際大学 農学部 松原健一郎
 BRAC University, Department of Pharmacy MK Sharif Siam
 University of Madras A. K. Munirajan
 国立成育医療研究センター研究所 ゲノム医療研究部 要 匡
 鹿児島大学 医歯学総合研究科 古川龍彦
 金沢大学 医薬保健研究域医学系 細道一善
 Institute of Genome Research, Vietnam Academy of Science and Technology Nguyen Thuy Duong
 東北大学 生命科学研究所 安齋 賢
 静岡大学 理学部 日下部 誠
 富山大学 大学院医学薬学研究部 (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
 佐賀大学 農学部 北垣浩志
 首都大学東京 理学部生命学科 安藤香奈絵
 名古屋大学 大学院理学研究科 石川由希
 新潟大学 研究推進機構超域学術院 杉江 淳
 東邦大学 理学部 菅根雅紀
 北海道大学 理学研究院 田中暢明
 京都大学 人間・環境学研究科 神川龍馬
 琉球大学 研究基盤センター 八木沢美実
 熊本大学 発生医学研究所 石黒啓一郎
 立命館大学 薬学部 高田達之
 群馬大学 生体調節研究所 石谷 太
 Zhejiang A&F university Hua LIU
 東京大学 大学院農学生命科学研究科 伊藤純一
 東京大学 大学院理学系研究科 荻原直道
 埼玉大学 大学院理工学研究科 川村哲規
 東京理科大学 理工学部 杵津和幸
 公立諏訪東京理科大学 工学部 来須孝光
 新潟大学 自然科学系 深井英吾
 基礎生物学研究所 進化発生研究部門 森田慎一
 熊本大学 国際先端医学研究機構 水野秀信
 兵庫県立大学 大学院生命理学研究科 生沼 泉
 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
 順天堂大学 医学研究科 山内健太
 Yale-NUS College Ajay S. MATHURU
 University of Madras B. Anandan
 INSERM Candat Virginie
 Australian Regenerative Medicine Institute Frank Tulenko
 Helmholtz Zentrum Munich Hernán López-Schier
 Reed College Kara L. Cerveney
 Universidad Mayor, Center for Integrative Biology Leonardo E. Valdivia
 University of Science and Technology of China Quan Wen
 University of Virginia, Department of Biology Sarah Kucenas
 IBS center for plant aging / DGIST Yumi Kim
 青山学院大学 理工学部 平田晋三
 INSERM / Univ. Lyon, FRANCE LESTERLIN, Christian
 立教大学 理学部 塩見大輔
 理化学研究所 生命機能科学研究センター 清家泰介
 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
 大分大学 医学部附属臨床医学工学センター 花田克浩
 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
 静岡県立大学 食品栄養科学部 下位香代子
 長岡技術科学大学 生物機能工学専攻 霜田 靖
 帝京大学 医学部 宮下俊雄
 愛知県心身障害者コロニー発達障害研究所 病理学部 吉崎嘉一

研究課題

69A2019 マウスの性成熟と社会性行動の関連解析
 70A2019 高温ストレス活性型レトロトランスポソンのエピジェネティックな転移制御機構の解析
 71A2019 トランスポソン由来の抑制因子を利用した植物発現ベクターの開発
 72A2019 遺伝子様トランスポソン GLT が喪失したトランスポソン識別標識の探索
 73A2019 シロイヌナズナのトランスポソン VANDAL21 による抑制機構の解析
 74A2019 生細胞での高次クロマチン構造と動態の解析
 75A2019 HP1 による動的クロマチン構造変換の制御
 76A2019 線虫の生殖巣形成メカニズムの解析
 77A2019 線虫初期胚における細胞位置決定モデルの構築
 78A2019 細胞骨格動態を介した原形質流動・纖毛運動連関の解明
 79A2019 単鞭毛クラミドモナスの集団遊泳
 80A2019 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
 81A2019 新規ゲノム編集技術 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
 82A2019 増殖因子に応答する早期誘導遺伝子の転写機構解析
 83A2019 ヒト細胞における岡崎フラグメント分布のゲノムワイド解析
 84A2019 中心体複製と細胞周期の制御に関わるメカニズムの解明
 85A2019 真核生物 DNA 二本鎖架橋修復複合体の構造機能解析
 86A2019 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
 87A2019 Epigenetic analysis of xylem cell differentiation in VND6-induced Arabidopsis cell suspension
 88A2019 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
 89A2019 微小管切断機構の道管分化における機能解析
 90A2019 植物細胞の成長極性を制御する微小管依存性のメカニズムの解析
 91A2019 微小管集団の動的な秩序形成メカニズムと力学特性の解明
 114A2019 Hi-C 法を活用したゲノムアセンブリの開発
 115A2019 クラゲ個体の環境応答および再生における細胞機能の形態解析
 116A2019 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
 117A2019 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
 118A2019 SMC タンパク質 RecN による DNA 二本鎖切断修復時の染色体動態制御機構
 119A2019 PACAP ノックアウトマウス系統群を用いた不安異常を左右する神経系遺伝子ネットワークの解析
 120A2019 Screening Gal4 transgenic zebrafish in the pancreas, liver and heart lineages
 121A2019 Identification of zebrafish enhancer trap lines expressing in the gonad

研究代表者

岡山大学 大学院自然科学研究科理学部附属臨海実験所 坂本浩隆
 北海道大学 大学院理学研究院 伊藤秀臣
 横浜市立大学 木原生物学研究所 保坂 碧
 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
 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
 関西学院大学 理工学部 西脇清二
 慶應義塾大学 理工学部 舟橋 啓
 豊橋技術科学大学 機械工学系 鹿毛あずさ
 北陸先端科学技術大学院大学 先端科学技術研究科 永井 健
 埼玉医科大学 中央研究施設 RI 部門 日誌光治
 長崎大学 医学部共同利用研究センター 増本博司
 東京大学 アイソトープ総合センター 神吉康晴
 東北大学 学際科学フロンティア研究所 大学保一
 東京大学 大学院薬学系研究科 高尾大輔
 東京理科大学 基礎工学部 西野達哉
 千葉大学 理学研究院 浦 聖恵
 Gregor Mendel Institute Frederic Berger
 東京大学 大学院新領域創成科学研究科 大谷美沙都
 名古屋大学 トランスフォーマティブ生命分子研究所 中村匡良
 岡山大学 自然科学研究科 本瀬宏康
 九州大学 理学研究院 前多裕介
 東京工業大学 生命理工学院 伊藤武彦
 東北大学 学際科学フロンティア研究所 中嶋悠一郎
 東京女子医科大学 看護学部 榊 建二郎
 九州大学 大学院薬学研究院 片山 勉
 学習院大学 理学部 菱田 卓
 理化学研究所 生命機能科学研究センター 田邊 彰
 Sanford Burnham Prebys Medical Discovery Institute Sean Xin-Xin Zeng
 Institute of Molecular Biology gGmbH (IMB) Renè Ketting

共同研究 (B)

研究課題

92B2019 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
 93B2019 キンギョ体色の表現型に関する遺伝子変異の同定
 94B2019 侵害受容感覚を忌避行動へと変換する神経回路の遺伝学的解析

研究代表者

静岡大学 理学部 木寄暁子
 長浜バイオ大学 フロンティアバイオサイエンス学科 大森義裕
 帝京科学大学 総合教育センター 小出哲也

国際共同研究

研究課題

95I2019 Identifying and characterising Gal4 GFP transgenic zebrafish lines for discrimination behaviors including numerosity.
 96I2019 Identification of Vagal Reflex Circuits in Zebrafish
 97I2019 細胞分裂期における Kinesin-5 の新機能の解明
 98I2019 What are the different functions of the long and short human RIF1 isoforms?

研究代表者

Queen Mary University of London Caroline Brennan
 Fred Hutchinson Cancer Research Center Takuya Kaneko
 University of Wisconsin-Madison, School of Medicine and Public Health 鈴木應志
 University of Aberdeen Anne Donaldson

研究会

研究課題

99R2019 微生物における大規模ゲノム・代謝改変技術とその利用
 100R2019 植物インフォマティクス研究会 2019
 101R2019 分子進化研究の多様な世界
 102R2019 イネ分子遺伝学の夢
 103R2019 ゲノム医学とバイオインフォマティクスの接点と集学研究
 104R2019 「環境中の DNA 循環」研究会
 105R2019 有性生殖にかかわる染色体・クロマチン・核動態に関する研究会
 106R2019 *Oryza* 属ゲノム情報を活用した遺伝的多様性研究の推進
 107R2019 環境ストレス応答に対する生体のダイナミズム
 108R2019 単細胞システムにおける細胞内装置の動的相互作用
 109R2019 Biennial Meeting of the Plant Epigenetics Consortium in Japan
 110R2019 クロマチン・核構造の形成とダイナミクスによるゲノム制御
 111R2019 流れと澁みを語る会 2019
 112R2019 第9回分子モーター討論会
 113R2019 染色体安定維持研究会

研究代表者

東京農業大学 生命科学部 渡辺 智
 明治大学 農学部 矢野健太郎
 九州大学 理学研究院 手島康介
 東京大学 大学院農学生命科学研究科 伊藤純一
 国立遺伝学研究所 人類遺伝研究室 井ノ上逸明
 富山県立大学 工学部 大島 拓
 熊本大学 発生医学研究所 染色体制御分野 石黒啓一郎
 九州大学 大学院農学研究科 山形悦透
 京都大学 生命科学研究所附属放射線生物研究センター 古谷寛治
 京都大学 ウイルス再生医科学研究科 森 博幸
 長岡技術科学大学 大学院工学研究科 西村泰介
 基礎生物学研究所 クロマチン制御研究部門 中山潤一
 名古屋大学 医学系研究科 宮田卓樹
 情報通信研究機構 未来 ICT 研究所 古田健也
 九州大学 大学院理学研究院 高橋達郎

共同研究先	研究課題（研究題目）	研究代表者	契約期間
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～’20.03.31
理化学研究所	D1x遺伝子変異が社会性行動に及ぼす影響の解析	マウス開発研究室 准教授 小出 剛	’18.11.01～’21.03.31
慶應義塾大学	腸管上皮幹細胞の制御機構における味覚受容体の役割	発生工学研究室 教授 相賀裕美子	’18.04.01～’20.03.31
京都大学 iPS細胞研究所	赤芽球分化におけるクロマチン構造解析	ゲノムダイナミクス研究室 教授 前島一博	’18.02.16～’21.03.31
京都大学 iPS細胞研究所	iPS細胞及びゼブラフィッシュを用いた筋萎縮性側索硬化症の研究	発生遺伝学研究室 教授 川上浩一	’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
海洋研究開発機構	1) MAPLEによる効率的海洋メタゲノム機能解析へ向けた配列決定技術の最適化 2) 配列情報解析とMAPLE等を用いた生物情報学的解析	比較ゲノム解析研究室 特任教授 豊田 敦	’19.04.01～’22.03.31
岡山理科大学	AID技術に必要な化合物開発	分子細胞工学研究室 教授 鐘巻将人	’19.01.18～’20.03.31
九州大学	味細胞－味神経可塑的マッチング機構の解明	発生工学研究室 教授 相賀裕美子 助教 安島理恵子	’19.01.04～’20.03.31
帝京大学	キサンチンデヒドロゲナーゼ発現抑制によるヒト尿酸代謝完全モデルマウスの作出	発生工学研究室 教授 相賀裕美子 助教 安島理恵子	’18.09.15～’19.09.14
福島県立医科大学	Cldn-6/9 double KOマウスの表現型解析	発生工学研究室 教授 相賀裕美子 助教 安島理恵子	’19.08.22～’20.04.30
鹿児島大学	成人発症II型シトルリン血症（CTLN2）患者肝臓 Argininosuccinate synthetase（ASS）たんぱく質低下の機構解明	人類遺伝研究室 教授 井ノ上逸朗	’19.08.01～’20.03.31
名古屋市立大学	肺腺癌発症時の肺上皮細胞解析を目的とした新たなトランスジェニックマウス作成	発生工学研究室 教授 相賀裕美子 助教 安島理恵子	’19.11.19～’22.11.18
理化学研究所	薬用資源植物の科学的多様性のゲノム研究	比較ゲノム解析研究室 特任教授 豊田 敦	’19.09.01～’20.03.31
その他民間等との共同研究24件			

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	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	ゲノムダイナミクス研究室 教授 前島一博	’15.10.01～’21.03.31
科学技術振興機構	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インフォマティクス	遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂	’15.10.01～’21.03.31
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	生命情報・DDBJセンター 特任教授 小笠原 理	’15.10.01～’21.03.31
科学技術振興機構	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	エピゲノム研究室 教授 角谷徹仁	’15.12.01～’21.03.31
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	分子細胞工学研究室 教授 鐘巻将人	’17.10.01～’20.03.31
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～’19.08.31
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	人類遺伝研究室 教授 井ノ上逸朗	’17.04.01～’21.03.31
科学技術振興機構	MicrobeDB.jpの実用化に向けた研究開発と運用	ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕	’17.04.01～’21.03.31
科学技術振興機構	弱酸性海水を用いた微細藻類培養系及び利用系の構築	共生細胞進化研究室 教授 宮城島進也	’17.11.01～’21.03.31
科学技術振興機構	物質循環を考慮したメタボロミクス情報基盤	生命ネットワーク研究室 教授 有田正規	’18.04.01～’21.03.31
科学技術振興機構	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	生命ネットワーク研究室 特任教授 櫻井 望	’18.06.01～’21.03.31
科学技術振興機構	ショウジョウバエ染色体工学による超巨大DNAや大規模遺伝子回路の構築法	無脊椎動物遺伝研究室 助教 近藤 周	’18.10.01～’21.03.31
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～’20.03.31
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～’20.03.31
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～’20.03.31

委託者	研究課題（研究題目）	研究代表者	契約期間
名古屋市立大学 （日本医療研究開発機構）	次世代シーケンズ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～’20.03.31
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ミクス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～’20.03.31
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～’20.03.31
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 特任教授 櫻井 望	’18.06.01～’20.03.31
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 特任教授 櫻井 望	’18.06.01～’20.03.31
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～’20.03.31
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ち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～’20.03.31
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
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～’20.03.31
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影 響	ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕 生命ネットワーク研究室 特任准教授 櫻井 望	’18.11.09～’20.03.31
農業・食品産業技術総合研究機構	パイオ・デジタルデータ統合流通基盤の構築	ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕	’18.11.07～’20.03.31
科学技術振興機構	ゲノム複製・組換えにおけるDNA高次構造制御機構の解明	染色体生化学研究室 准教授 村山泰斗	’19.10.01～’21.03.31
科学技術振興機構	養殖魚における同種移植法の開発	小型魚類遺伝研究室 准教授 酒井則良	’19.11.01～’21.03.31
国立研究開発法人国立国際医療研究センター	ゲノム解析のためのクラウド環境の構築	生命情報・DDBJセンター 特任准教授 小笠原 理	’19.10.01～’20.03.31

2019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 テニユアトラック普及・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 斉 ’19.01.01～	’15.08.06～’20.03.31

2019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 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	’19.04.01～’20.03.31
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	’19.04.01～’20.03.31
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	’19.04.01～’20.03.31
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	’19.04.01～’20.03.31
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	’19.04.01～’20.03.31
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	’19.04.01～’20.03.31
日本医療研究開発機構 マウス個体で機能するタンパク質分解デグロンシステムの技術 開発	発生工学研究室 教授 相賀裕美子	’19.05.01～’20.03.31
日本医療研究開発機構 特定の細胞の標識および操作を可能にするトランスジェニック フィッシュ系統の開発	発生遺伝学研究室 教授 川上浩一	’19.05.01～’20.03.31
日本医療研究開発機構 Oryza属に関するゲノム情報整備	植物遺伝研究室 教授 佐藤 豊	’19.05.01～’20.03.31

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9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。

2019年度は、“国立遺伝学研究所国際シンポジウム2019 Molecular Mechanism of Chromosome Replication (染色体の複製機構)”を開催する予定でしたが、新型コロナウイルス (SARS-CoV-2) による感染症 (COVID-19) の拡大防止の観点から開催を中止いたしました。

【中止】国際シンポジウム2019

Molecular Mechanism of Chromosome Replication

シンポジウムウェブサイト:

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

- 会期: 2020年3月4-5日
- 場所: KKRホテル (静岡県熱海市)

■ 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 2019, “Molecular Mechanism of Chromosome Replication” was scheduled to be held in March, 2020. However we regrettably cancelled the symposium due to concerns about the spread of COVID-19 disease caused by the coronavirus (SARS-CoV-2) infection.

Symposium website:

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

- Date: March 4-5, 2020
- Venue: KKR Hotel Atami



■ 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。国外出身の研究員・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。



■ 国外出身の研究員・留学生

遺伝研には長期、短期様々な形で国外出身の教員・研究員や留学生（総合研究大学院大学・遺伝学専攻学生）が滞在し、研究活動を行っています。その総数は、2020年2月現在で35名（内留学生が19名）。出身地についてみると、多い順にインド（7名）、カザフスタン（5名）、中国（4名）で、続いてマレーシア、英国、ベトナム、韓国、パキスタン、メキシコから各2名ずつ。さらにフランス、スペイン、米国、台湾、フィリピン、ガーナ、スリランカから各1名ずつという顔ぶれです。

定期的に行われる交流会では、新メンバーのポートレートが“出身地マップ”に加えられますが、多彩な地域から多くの研究員・留学生等を迎え、地図も一層賑やかになっています。

■ 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

■ NIG International Members

NIG has always had international researchers and students carrying out research activities for various period of time. We currently have a total of 35 international members (including 19 graduate students of the Department of Genetics, SOKENDAI) as of February 2020. They are from India (7 members), Kazakhstan (5 members), China (4 members), Malaysia/UK/Vietnam/Korea/Pakistan/Mexico (2 members from each) and France/Spain/USA/Taiwan/Philippines/Ghana/Sri Lanka (1 member from each).

In tea gatherings held regularly for the international members, newcomers would attach their portraits to a world map showing where they come from. With time passing, the map has become filled up as more people joining NIG from all over the world.



Activities and Events for Research Promotion

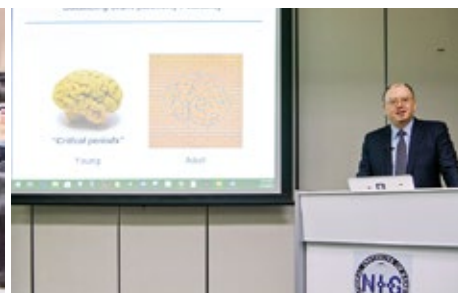
研究を促進するための活動と行事

▶ 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。教員による発表のほか、D5プロGRESS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



70th Anniversary Commemoration and Lecture on June 1, 2019
70周年記念式典・講演会 2019年6月1日



Public Lecture Presented by Dr. KUBO, Fumi
公開講演会 久保 郁 准教授講演

■ 70周年記念式典・講演会

創立70周年を記念して、2019年6月1日に記念式典・講演会を開催しました。記念講演会では100名以上の近隣の中高校生・教育関係者が出席しました。当日の様子は遺伝研のサイトでご覧いただけます。

<https://www.nig.ac.jp/anniversary/70th/>

■ 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、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東京都にて開催しています。

● 2019年講演タイトル

透明な魚で『見る』脳のはたらき／久保 郁 准教授

RNAの生体機能～DNAじゃない方の話～／齋藤都暁 教授

■ 70th Anniversary Commemoration and Lecture

In commemoration of the NIG's 70th anniversary, a commemorative ceremony and lecture were held on June 1, 2019. The commemorative lecture was attended by more than 100 nearby high school students and educators.

■ 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.



この電子博物館は、西暦1999年、国立遺伝学研究所がその創立50周年を記念して、市民の皆様にも少しでも遺伝学研究の中身を知っていただけるようにと作成したものが、そのはじまりです。さいわい、インターネットの普及によって、スマホからもラップトップからも簡単にアクセスしていただける時代となりました。一方で、遺伝学の知識なしには理解のむずかしいニュースが、毎日のようにメディアをにぎわしています。そのような内容を、さまざまなかたちでみなさまに提供するのが、この「遺伝学電子博物館」の目標です。どうぞ楽しんでみてください。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。さらに創立70周年に、内容はそれほど変更しておりませんが、デザインを変更しました。

■ 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、チャールズ・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。木村資生が提唱した中立進化論を代表とする、分子レベルで進化を考える「分子進化論」が1960年代に始まりました。

■ 分子遺伝学 …… DNAの視点から生命を考える

1953年、ワトソンとクリックがDNAの二重らせん構造を提唱しました。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

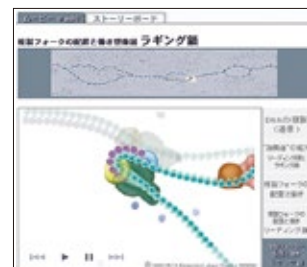
ゲノムプロジェクトにより、生命現象の基本プログラムの詳細な姿を明らかにするための基礎となる「情報」が日々蓄積されています。それらは、ゲノムの構造と密接に関連した生物情報知識ベースとしてコンピュータ化され、バイオサイエンス研究の基盤情報として広く使われているのです。

■ 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

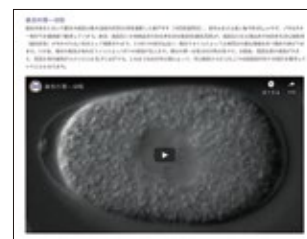
DNAが複製・転写・翻訳される様子を3Dのムービーにしました。RNAポリメラーゼの専門家とタンパク質の立体構造の専門家が製作に参加し、分子生物学の正確な知見を踏まえて作られています。

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

ゲノムってなに? など、素朴な疑問にクイズやアニメで楽しみながら学べます。ねら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もあります。



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

遺伝学博物館委員会 委員

- 池尾一穂 (遺伝情報分析研究室 准教授)
- 川本祥子 (系統情報研究室 准教授)
- 北野 潤 (生態遺伝学研究室 教授)
- 来栖光彦 (リサーチ・アドミニストレーター室 室長)
- 小出 剛 (マウス開発研究室 准教授)
- 斎藤成也 (集団遺伝研究室 教授) 委員長
- 酒井則良 (小型魚類遺伝研究室 准教授)
- 野々村賢一 (植物細胞遺伝研究室 准教授)
- 平田たつみ (脳機能研究室 教授)



国立大学法人 総合研究大学院大学 生命科学研究科

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）生命科学研究科 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元で、幅広い視野をもつ研究者を育成し、次世代の生命科学研究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, the Graduate University for Advanced Studies, SOKENDAI 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ロ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所は、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科学専攻、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学専攻を加えた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71万円、3年次以上が年額78万円です。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貸与を認められています。入学科、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、全額・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。

■ 遺伝研宿舍

遺伝学専攻には学生が入居できる宿舍があります。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/sokei/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.

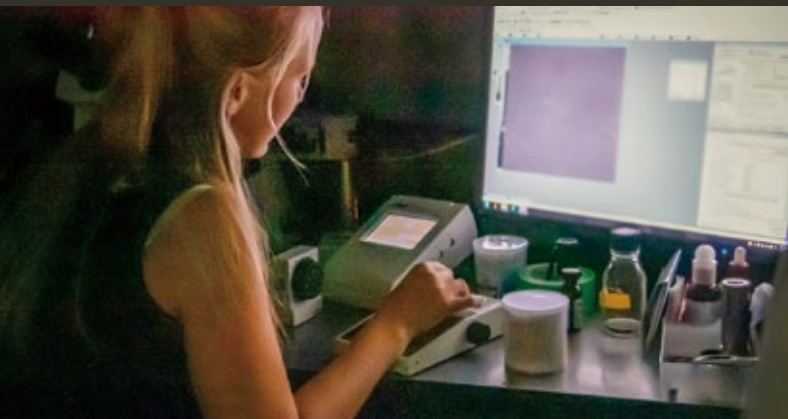
■ NIG Dormitory

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

Scientist 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/sokei/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.



Creating a Reliable Mass Spectral-Retention Time Library for All Ion Fragmentation-Based Metabolomics.

Tada I, Tsugawa H, Meister I, Zhang P, Shu R, Katsumi R, Wheelock CE, Arita M, Chaleckis R. *Metabolites*. 2019 Oct 26;9(11). pii: E251.

多田一風太 TADA, Ipputa

▶ 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.

A black and white photograph of a desk. On the left, a dark wooden desk structure is visible. In the foreground, a pair of glasses with dark frames and clear lenses rests on a stack of papers. The papers contain handwritten notes and printed text, including a table with multiple columns and rows. The background is a blurred, light-colored surface, possibly a wall or a large window, creating a soft, out-of-focus effect.

NIG Data

遺伝研データ

Management

(2020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	高橋 智 TAKAHASHI, Satoru	筑波大学医学医療系教授 Professor, Faculty of Medicine, University of Tsukuba
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特別顧問 Senior Advisor, 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	千葉大学未来医療教育研究機構特任教授 Professor, Future Medicine Education and Research Organization, Chiba 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
高木利久 TAKAGI, Toshihisa	富山国際大学学長 President, Toyama University of International Studies		(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	澤 斉 SAWA, Hitoshi	新分野創造センター長 Head, Center for Frontier Research
相賀裕美子 SAGA, Yumiko	副所長 Vice-Director	岩里琢治 IWASATO, Takuji	遺伝形質研究系研究主幹 Head, Department of Gene Function and Phenomics	川上浩一 KAWAKAMI, Koichi	遺伝形質研究系教授 Professor, Department of Gene Function and Phenomics
黒川 顕 KUROKAWA, Ken	副所長 Vice-Director	前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro	遺伝メカニズム研究系研究主幹 Head, Department of Chromosome Science	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji	遺伝メカニズム研究系教授 Professor, Department of Chromosome Science
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	WIESCHAUS, Eric	Professor, Princeton University
田中 啓二 TANAKA, Keiji	東京都医学総合研究所理事長 Chairperson, Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science	ROSSANT, Janet	Professor, University of Toronto
		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	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
			相賀裕美子 SAGA, Yumiko	産学連携・知的財産担当 NIG INNOVATION	鈴木睦昭 SUZUKI, Mutsuaki
			黒川 顕 KUROKAWA, Ken	男女共同参画推進室担当 Gender Equality	平田たつみ HIRATA, Tatsumi
		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	広報担当 Public Relations	来栖光彦 KURUSU, Mitsuhiro

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 齊
SAWA, Hitoshi
新分野創造センター長
Head, Center for Frontier Research

(所外委員) Non-NIG members

舘田英典
TACHIDA, Hidenori
九州大学名誉教授
Professor Emeritus, Kyusyu University

菅野純夫
SUGANO, Sumio
千葉大学未来医療教育研究機構特任教授
Professor, Future Medicine Education and Research Organization, Chiba 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

(所内委員) NIG members

澤 齊
SAWA, Hitoshi
新分野創造センター長
Head, Center for Frontier Research

角谷徹仁
KAKUTANI, Tetsuji
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

佐藤 豊
SATO, Yutaka
ゲノム・進化研究系教授
Professor, Department of Genomics and Evolutionary Biology

(2020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 NIG PD Selection	北野 潤 KITANO, Jun
予算委員会 Budget	黒川 顕 KUROKAWA, Ken	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	木村 暁 KIMURA, Akatsuki	広報委員会 Publicity	佐藤 豊 SATO, Yutaka		
電子計算機委員会 Computer	黒川 顕 KUROKAWA, Ken	知的財産委員会 Intellectual Property	鐘巻将人 KANEMAKI, Masato		
放射線安全委員会 RI Safety	井ノ上逸朗 INOUE, Ituro	マウス小委員会 Mouse Bioresource	小出 剛 KOIDE, Tsuyoshi	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
遺伝子組換え実験安全委員会 Recombinant Experiments	井ノ上逸朗 INOUE, Ituro	イネ小委員会 Rice Bioresource	佐藤 豊 SATO, Yutaka	安全衛生委員会 Safety & Health	井ノ上逸朗 INOUE, Ituro
動物実験委員会 Animal Experiment	小出 剛 KOIDE, Tsuyoshi	大腸菌小委員会 E.coli Bioresource	仁木宏典 NIKI, Hironori	利益相反委員会 Conflict of Interests	所長 Director-General
防火・防災管理委員会 Fire & Disaster Prevention	管理部長 General Manager	先端ゲノミクス推進センター運営委員会 Advanced Genomics Center	黒川 顕 KUROKAWA, Ken	新分野創造センター運営委員会 Center for Frontier Research	所長 Director-General
DNA データ研究利用委員会 DBJ	有田正規 ARITA, Masanori	ハラスメント防止・対策委員会 Harassment Prevention	相賀裕美子 SAGA, Yumiko	変異マウス開発支援運営委員会 Engineered mouse supporting	相賀裕美子 SAGA, Yumiko
生物遺伝資源委員会 Genetic Resources	仁木宏典 NIKI, Hironori	人を対象とする研究倫理審査委員会 Ethical Review Committee on Research Involving Human Subjects	大久保公策 OKUBO, Kousaku		

(2019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	千葉大学未来医療教育研究機構特任教授 Professor, Future Medicine Education and Research Organization, Chiba University	星 潤一 HOSHI, Junichi	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センターバイオインフォマティク ス研究開発チームリーダー 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研究センター長 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)

浦上研一 URAKAMI, Kenichi	静岡県立静岡がんセンター研究所副所長 Deputy Director, 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	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
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	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ョウジョウバエ遺伝資源研究部門長 Head, Department of Drosophila Genomics and Genetic Resources, Kyoto Institute of Technology
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	田中香おり 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
射場 厚 IBA, Koh	九州大学大学院理学研究院主幹教授 Distinguished Professor, Faculty of Science, Kyushu University	中桐 昭 NAKAGIRI, Akira	鳥取大学農学部附属菌類きのこ遺伝資源研究センター教授 Professor, 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	長村登紀子 NAGAMURA, Tokiko	東京大学医科学研究所附属病院セल्プロセッシング・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
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	那須田周平 NASUDA, Shuhei	京都大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University
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特別顧問 Special Advisor, RIKEN BioResource Research Center	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 Project Professor, Laboratory of Bioresources, Evolutionary Biology and Biodiversity, National Institute for Basic Biology
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	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, Faculty of Sciences, 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	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
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	伴野 豊 BANNO, Yutaka	九州大学大学院農学研究科附属教育研究施設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
川原信夫 KAWAHARA, Nobuo	医薬基盤・健康・栄養研究所薬用植物資源研究センター長 Director, Research Center for Medical Plant Resources, National Institutes of Biomedical Innovation, Health and Nutrition	福田裕穂 FUKUDA, Hiroo	東京大学未来ビジョン研究センター特任教授 Project Professor, Institute for Future Initiatives, The University of Tokyo
北柴大泰 KITASHIBA, Hiroyasu	東北大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University	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
草場 信 KUSABA, Makoto	広島大学大学院統合生命科学研究所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 Integrated Sciences for Life, Hiroshima 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 Chief Curator, Division of Fungi and Algae, Department of Botany, National Museum of Nature and Science
小林正智 KOBAYASHI, Masatomo	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	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室長 Head, Integrated Bioresource Information Division, RIKEN BioResource Research Center
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 Institutes of Biomedical Innovation, Health and Nutrition	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
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	松田 勝 MATUSDA, Masaru	宇都宮大学バイオサイエンス教育研究センター教授 Professor, Center for Bioscience Research and Education, Utsunomiya 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	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 Biagricultural Sciences
城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	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	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
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長 Director, Culture Collection Division, Biological Resource Center, National Institute of Technology and Evaluation	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
末盛博文 SUEMORI, Hirofumi	京都大学ウィルス・再生医学研究所准教授 Associate Professor, Laboratory of Embryonic Stem Cell Research, Institute for Frontier Life and Medical Sciences, Kyoto University		

森 郁恵 MORI, Ikue	名古屋大学大学院理学研究院附属ニューロサイエンス研究センター長 Director, Nagoya University Neuroscience Institute of the Graduate School of Science	湯本貴和 YUMOTO, Takakazu	京都大学霊長類研究所長 Director, Primate Research Institute, Kyoto University
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	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
		渡辺敦史 WATANABE, Atsushi	九州大学大学院農学研究院准教授 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu 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特別顧問 Special Advisor, 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
城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	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	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
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)		

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	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
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, The University of Tokyo	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
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 Principal Researcher, Office for Intellectual Property Strategy, Intellectual Property department, National Agriculture and Food Research Organization
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植物多様性活用チーム長 Team Leader of Plant Diversity Research Team, Genetic Resources Center, National Agriculture and Food Research Organization	那須田周平 NASUDA, Shuhei	京都大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University
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	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
河瀬眞琴 KAWASE, Makoto	東京農業大学農学部教授 Professor, Faculty of Agriculture, Tokyo University of Agriculture	安井 秀 YASUI, Hideshi	九州大学大学院農学研究院教授 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	山形悦秀 YAMAGATA, Yoshiyuki	九州大学大学院農学研究科准教授 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University
熊丸敏博 KUMAMARU, Toshihiro	九州大学大学院農学研究院教授 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
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		

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, Mitsuhiko	高機能遺伝子デザイン技術研究組合理事長 Director, Technology Research Association of Highly Efficient Gene Design	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院准教授 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院教授 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 Ethical Review Committee on Research Involving Human Subjects (Non-NIG members)

上田龍太郎 UEDA, Ryutaro	日本大学短期大学部食物栄養学科教授 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 NOGUCHI, 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, Ryutaro	日本大学短期大学部食物栄養学科教授 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 NOGUCHI, 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
-----------------------	--

新分野創造センター運営委員会 所外委員 Center for Frontier Research Committee (Non-NIG members)

長谷部光泰 HASEBE, Mitsuyasu	大学共同利用機関法人自然科学研究機構基礎生物学研究所生物進化研究部門教授 Professor, Division of Evolutionary, Evolutionary Biology and Biodiversity, The National Institute for Basic Biology	大杉美穂 OHSUGI, Miho	東京大学大学院総合文化研究科広域科学専攻教授 Professor, Graduate School of Arts and Sciences, College of Arts and Sciences, The University of Tokyo
黒田真也 KURODA, Shinya	東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻教授 Professor, Department of Biological Sciences, Graduate School of Science, The University of Tokyo		

The Number of NIG Faculty and Staff

国立遺伝学研究所教職員数

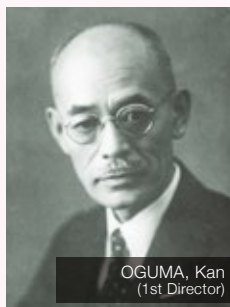
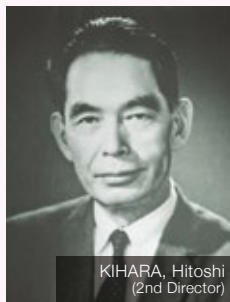
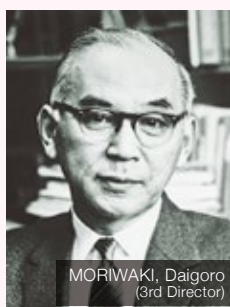
所長	1	Director - General
教授	22	Professors
准教授	8	Associate Professors
助教	28	Assistant Professors
客員教授	6	Visiting Professors
小計 (所長、客員教授を除く)	58	(excluding Director - General and Visiting Professors) Subtotal
管理部	18	Administration Staffs
技術課	12	Technicians
合計 (所長、客員教授を除く)	88	(excluding Director - General and Visiting Professors) Total

(2020年4月1日現在)

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・発生工芸研究室、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)					Genetics), and as the Center for Genetic Resource Information consisting of 2 laboratories (Genetic Informatics and Genetic Resources).
	10月1日	堀田凱樹 第7代所長就任			Oct. 1	Dr. Yoshiaki Hotta was elected the 7th Director.	
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	Apr. 9	The Division of Early Embryogenesis was added in the Department of Developmental Genetics. The Division of Brain Function was added in the Department of Integrated Genetics.	
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	The Center for Information Biology was reorganized as the Center for Information Biology and DNA Data Bank of Japan. The new center consists of 5 laboratories. The Laboratory of Molecular Classification of the former center was renamed as the Laboratory for Research and Development of Biological Databases in the new center. The Laboratory for Gene-Expression Analysis was added in the new center.	
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	Two laboratories, Mouse Genomics Resource Laboratory and Model Fish Genomics Resource Laboratory, were added to the Genetic Strains Research Center.	
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	The Molecular Mechanisms was added to the molecular Genetics. The Laboratory for Frontier Research was added to the Genetic Strains Research Center. Two laboratories, Comparative Genomics Laboratory and Publicity and Intellectual Property Unit, were added to the Center for Genetic Resource Information.	
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		2004	Apr. 1	Reorganized as Research Organization of Information and Systems, Inter-University Research Institute Corporation, together with three other national institutes.	
	12月1日	小原雄治 第8代所長就任			Dec. 1	Dr. Yuji Kohara was elected the 8th Director.	
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)		2005	Apr. 1	Intellectual Property Unit was added. Renamed as NIG INNOVATION (as of 2018 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)		2006	Apr. 1	The Center for Frontier Research was established. The Laboratory for Cell Lineage, Neural Morphogenesis and Cell Architecture was added in the new center.	
2011年	10月1日	先端ゲノミクス推進センター設置		2011	Oct. 1	Advanced Genomics Center was established.	
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		2012	Apr. 1	Research centers were reorganized. Intellectual Infrastructure Centers (Genetic Resource Center and DDBJ Center) and Support Centers (IT Unit, Mouse Research Supporting Unit) were established.	
	12月1日	桂 勲 第9代所長就任			Dec. 1	Dr. Isao Katsura was elected the 9th Director.	
2014年	4月1日	リサーチ・アドミニストレーター室を設置		2014	Apr. 1	Office for Research Development was added.	
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)		2015	Apr. 1	Unit for Experimental Animal Care was established. Office for Female Researcher Development was added. Renamed as Office for Gender Equality (as of 2017 Apr. 1)	
2018年	12月1日	花岡文雄 第10代所長就任		2018	Dec. 1	Dr. Fumio Hanaoka was elected the 10th Director.	
2019年	1月1日	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)、実験農場、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)		2019	Jan. 1	The existing 5 departments, 3 research centers (Genetic Strains Research Center, Structural Biology Center and Center for Information Biology), Experimental Farm and Radioisotope Center were abolished. Four research departments (Dept. of Informatics, Dept. of Genomics and Evolutionary Biology, Dept. of Gene Function and Phenomics and Dept. of Chromosome Science) were established. The DDBJ Center, as one of the Intellectual Infrastructure Centers, was renamed as the Bioinformatics and DDBJ Center. The Support Center was reorganized. (The Radioisotope Unit was added.)	





Budget / Grant-in-Aid for Scientific Research

予算・科学研究費

予算 Budget

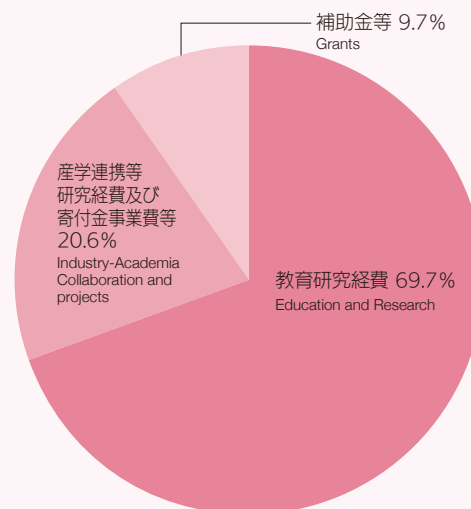
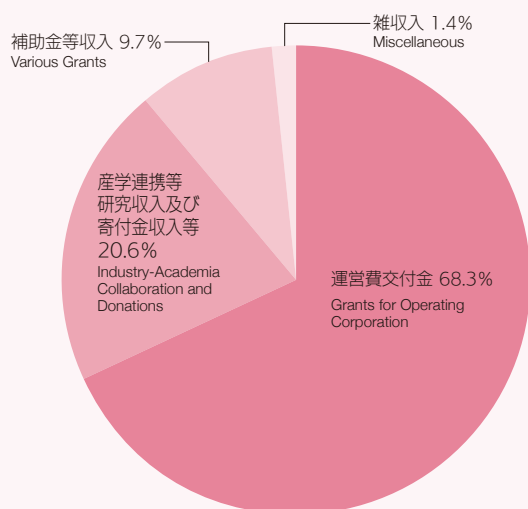
2020年度 (FY2020)

(×1,000yen)

収入	Revenue
区 分	金 額
運営費交付金 Grants for Operating Corporation	2,625,373
補助金等収入 Various Grants	372,651
雑収入 Miscellaneous	53,533
産学連携等研究収入及び寄附金収入等 Industry-Academia Collaboration and Donations	791,273
合計 Total	3,842,830 [*]

支出	Expenditure
区 分	金 額
教育研究経費 Education and Research	2,678,906
補助金等 Grants	372,651
産学連携等研究経費及び寄附金事業費等 Industry-Academia Collaboration and Projects	791,273
合計 Total	3,842,830 [*]

※機構長裁量経費を除く



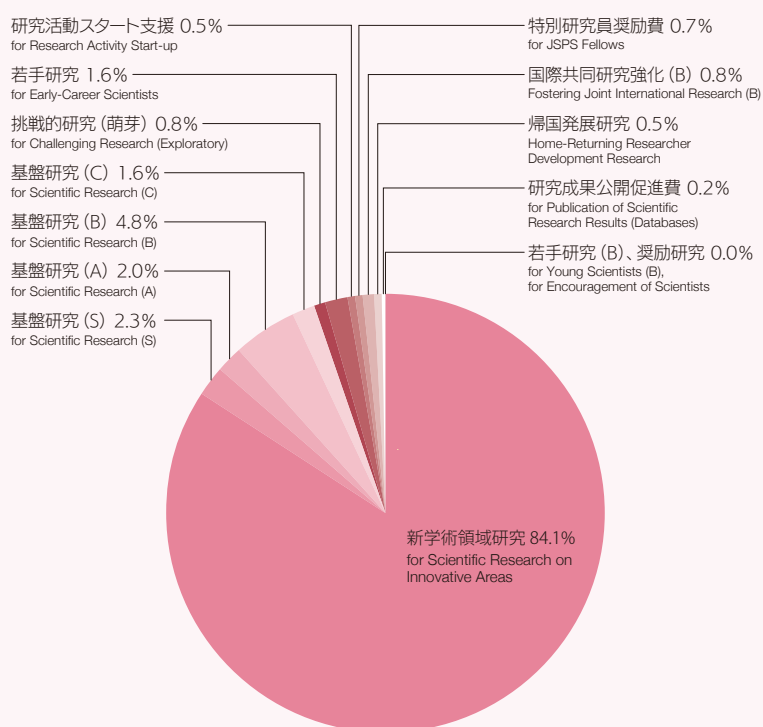
科学研究費 Grant-in-Aid for Scientific Research

2019年度 (FY2019)

(×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	1,131,400 / 16
基盤研究 (S) for Scientific Research (S)	31,600 / 1
基盤研究 (A) for Scientific Research (A)	26,500 / 3
基盤研究 (B) for Scientific Research (B)	64,800 / 15
基盤研究 (C) for Scientific Research (C)	21,400 / 18
挑戦的研究 (萌芽) for Challenging Research (Exploratory)	10,600 / 5
若手研究 (B) for Young Scientists (B)	500 / 1
若手研究 for Early-Career Scientists	21,600 / 16
研究活動スタート支援 for Research Activity Start-up	6,400 / 6
特別研究員奨励費 for JSPS Fellows	9,000 / 7
国際共同研究強化 (B) Fostering Joint International Research (B)	10,300 / 3
帰国発展研究 Home-Returning Researcher Development Research	7,360 / 1
研究成果公開促進費 for Publication of Scientific Research Results (Databases)	3,100 / 1
奨励研究 for Encouragement of Scientists	540 / 1
合計 Total	1,345,100 / 94

(2020. 3月末現在)



内容	氏名
瑞宝中級章	所長 花岡文雄
平成31年度文部科学大臣表彰 若手科学者賞 「視覚情報処理と行動制御の神経メカニズムに関する研究」	システム神経科学研究室 准教授 久保 郁
第52回発生生物学会 ベストポスター賞 「Exploring the murine germ cell masculinization mechanism using scRNA-Seq data」	発生工学研究室 大学院生 島田龍輝
NEURO2019 (第42回日本神経科学大会・第62回日本神経化学会大会合同大会) 時実利彦記念神経科学優秀博士研究賞 「新生仔マウス大脳皮質の長期 in vivo イメージングによる神経回路再編の動的機構の解明」	神経回路構築研究室 研究員 中沢信吾
LODチャレンジ2019 基盤技術部門 優秀賞 「JSON2LD Mapper Reiwa Edition」	大量遺伝情報研究室 特任研究員 藤澤貴智
第48回内藤コンファレンス 優秀ポスター賞 「Comprehensive set of genetic drivers to label gustatory second-order neurons in <i>Drosophila</i> 」	遺伝子回路研究室 研究員 宮崎隆明
第36回 (2019年度) 井上研究奨励賞 細胞骨格付随タンパク質による二次細胞壁パターン制御の研究	細胞制御研究室 日本学術振興会特別研究員PD 杉山友希
第24回日本生態学会 宮地賞	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 「The molecular dissection of NANOS2 function required for male germ cell differentiation」	発生工学研究室 大学院生 島田龍輝
2019年光ファイバ応用技術研究会 奨励賞 「脂質膜を固定化したヘテロコア光ファイバの化学センシングへの応用」	生命ネットワーク研究室 特任研究員 細木 藍
総合研究大学院大学 生命科学研究科 研究科長賞 「The molecular dissection of NANOS2 function required for male germ cell differentiation」	発生工学研究室 大学院生 島田龍輝

※所属・肩書は、受賞当時のものです

Intellectual Property Rights

2019年度 知的財産権

特許出願 8件	出願番号
オーキシンドグロンシステムのキット、及びその使用	鍾菴将人 特願2019-131464 共願人 加計学園
ヘテロコア光ファイバセンサ装置	櫻井 望/細木 藍 特願2020-025847 共願人 創価大学 コアシステムジャパン
融合タンパク質及びその利用	浅川和秀/川上浩一 PCT/JP2019/037829
情報処理システム、情報処理方法、及びプログラム	黒川 顕/東 光一/森 宙史 米国移行 16/480,539
情報処理システム、情報処理方法、及びプログラム	黒川 顕/東 光一/森 宙史 日本国移行 特願2018-564532
次世代シーケンサーを用いた迅速な遺伝子検査方法	井ノ上逸朗/中岡博史 日本国移行 特願2018-563325
アフリカツメガエル卵抽出液の冷凍保存方法及び冷凍保存用キット、アフリカツメガエル卵濃縮抽出液、並びに細胞周期の分析方法	島本勇太/高木 潤 日本国移行 特願2018-564660
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 煜/ 齋藤 紹/佐々木 卓/高嶋和哉 日本国移行 特願2019-542287
特許登録 6件	登録番号
アイテム推薦システム及びアイテム推薦方法	原 一夫/鈴木郁美 第6566515号
PROTEIN PRODUCTION METHOD	川上浩一 10-2058658 (韓国) 共願人 協和キリン
PROCESS FOR PRODUCTION OF PROTEIN	川上浩一 315906 (インド) 共願人 協和キリン
PROCESS FOR PRODUCTION OF PROTEIN	川上浩一 US 10,358,671 (アメリカ) 共願人 協和キリン
PROCESS FOR PRODUCTION OF PROTEIN	川上浩一 2,765,242 (カナダ) 共願人 協和キリン
PROCESS FOR PRODUCTION OF PROTEIN	川上浩一 PI 1010759-2 (ブラジル) 共願人 協和キリン

2019 Publications in High-Impact Factor Journals

2019年 高インパクト雑誌掲載数

Journal Title	# of published	Journal Title	# of published	Journal Title	# of published
<i>Nature</i>	1	<i>MOL. BIOL. EVOL.</i>	1	<i>PNAS</i>	4
<i>Science</i>	1	<i>Neuron</i>	2	<i>ISME Journal</i>	1
<i>Nature Biotechnology</i>	1	<i>Ann. Rheum. Dis.</i>	1	<i>Current Biology</i>	2
<i>Nature Medicine</i>	1	<i>Nature Plants</i>	1	<i>Developmental Cell</i>	1
<i>Nature Methods</i>	1	<i>Science Advances</i>	1	<i>Genes & Development</i>	1
<i>Nature Genetics</i>	1	<i>Nature Communication</i>	10		
<i>Circulation</i>	1	<i>EMBO Journal</i>	1		
<i>Immunity</i>	1	<i>Nucleic Acids Res.</i>	2		
<i>Hepatology</i>	1	<i>Genome Research</i>	1		
				Total # of Published Papers in NIG	168

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/>

■ 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 the Graduate University for Advanced Studies, SOKENDAI, training human resources to lead academic research in a new age.



The Graduate University for Advanced Studies, SOKENDAI

国立大学法人 総合研究大学院大学（総研大）



学長 長谷川真理子
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。

The Graduate University for Advanced Studies, SOKENDAI 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）
SOKENDAI Headquarter
(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. 基礎生物科学研究所（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 2020 年度

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

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/>

