

2021 要覽

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





National Institute of Genetics

国立遺伝学研究所





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 Hanadera

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ー全体の研究を促進する役割を担いつつ、1988年には新たに設置された総合研究大学院大学で生命科学研究科遺伝学専攻を担当し、独自の大学院教育を行うようになりました。2004年には大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構の一員として法人化され、国立情報学研究所、国立極地研究所、統計数理研究所とともに「情報」と「システム」という視点から、人類の将来的な課題にも取り組んでおります。

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

研究所の果たすべき役割は、当該研究分野を発展させ、その成果を世界中の人々と分かち合い、得られた知識の社会還元を目指して努力することにあります。生命科学には無数の謎が残されており、遺伝研は世界中の研究者たちと切磋琢磨し、あるいは協力しつつそれらの謎を解き、人類の幸福に貢献していきます。その一例が2019年以降、世界中で人類を苦しめている新型コロナウイルスを克服する戦いと言えるでしょう。皆さまの一層のご理解とご協力、そして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 33 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. One example is our efforts to cope with the COVID-19 pandemic that began in 2019 and spread to all over the world. Your continued understanding, cooperation and 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

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

52 産学連携・知的財産室
NIG INNOVATION

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

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

55 技術課
Technical Section

共同利用・共同研究

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

58 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

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

60 生物遺伝資源センター
Genetic Resource Center

63 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

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

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

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

71 国際交流
International Activities

74 遺伝学電子博物館
Cyber Museum of Genetics

75 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

82 運営
Management

87 沿革
History

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

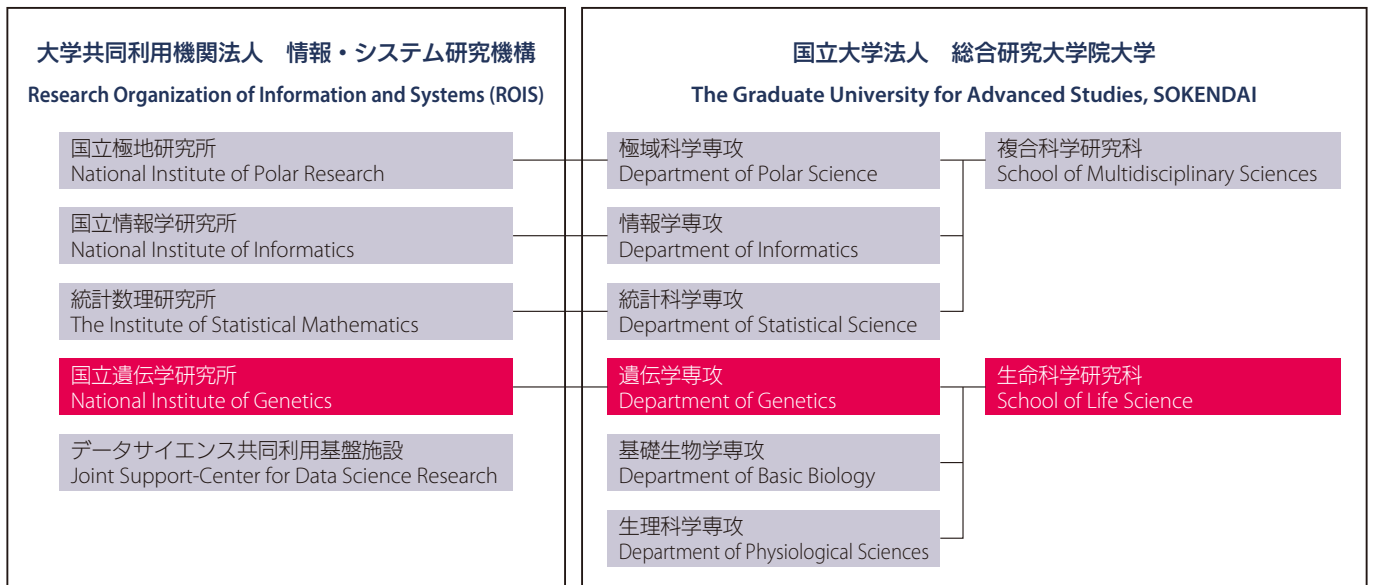
90 表彰・受賞歴／知的財産権／論文
Awards and Honors / Intellectual Property Rights / Journals

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

92 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ための研究開発

■ ゲノム・進化研究系

ゲノム配列解析や進化史を中心とした生物の多様な側面の研究

■ 遺伝形質研究系

細胞から個体レベルの遺伝形質の研究や生物遺伝資源の特性解析

■ 遺伝メカニズム研究系

遺伝情報の継承・修飾・発現などの遺伝メカニズムの研究

■ 新分野創造センター

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

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

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

■ 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行う。

■ 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。

■ 技術課

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する。

■ Department of Informatics

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

■ Department of Genomics and Evolutionary Biology

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

■ Department of Gene Function and Phenomics

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

■ Department of Chromosome Science

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

■ Center for Frontier Research

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

■ Bioinformatics and DDBJ Center

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

■ Advanced Genomics Center

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

■ Genetic Resource Center

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

■ IT Unit

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

■ Radioisotope Unit

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

■ Unit for Experimental Animal Care

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

■ NIG INNOVATION

Aiming at sharing our research findings with society and creating innovation, NIG INNOVATION is actively promoting collaboration with industry and management of intellectual property by patenting and licensing in a strategic and efficient way. NIG INNOVATION also plays an active role as ABS Support Team to support researchers at universities to obtain genetic resources from overseas.

■ Office for Research Development

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

■ Office for Gender Equality

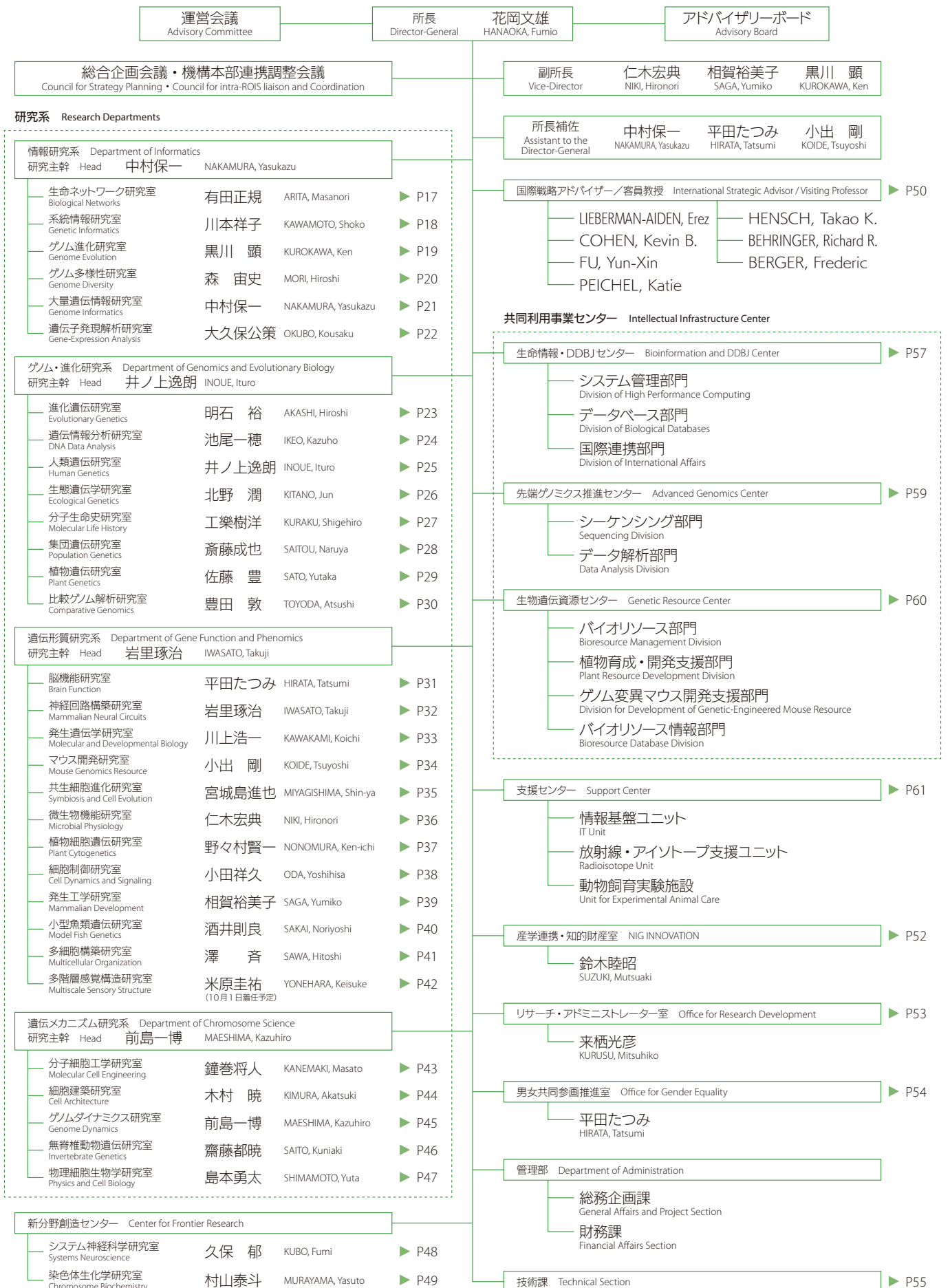
The office aims to ensure a comfortable work environment where people can deliver their full potential regardless of sex, age, job category or other personal matters.

■ Technical Section

Each technical staff member supports the research activities inside and outside of NIG using their highly specialized skills.

Organization

組織



2021年4月現在 as of April 2021

Cutting-edge Research : A Core Institute for Life Sciences

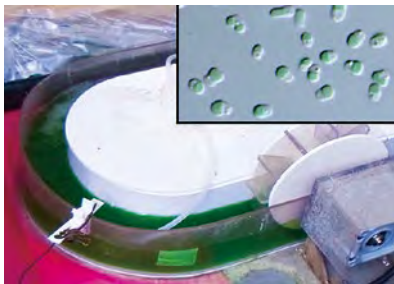
遺伝学の中核拠点としての先端研究活動

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される複雑なシステムです。この生命システムの解明をめざして、細胞機能、発生・分化、進化・生物多様性、ゲノム情報などについて先端研究を進めています。

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

▶ Research Highlights

最近の研究成果より



国内の硫酸酸性温泉より単離した単細胞紅藻イデコメの酸性化海水による屋外開放培養。

Outdoor cultivation of *Cyanidium* sp., which was isolated from a sulfuric acidic hot spring in Japan, in a seawater-based medium.

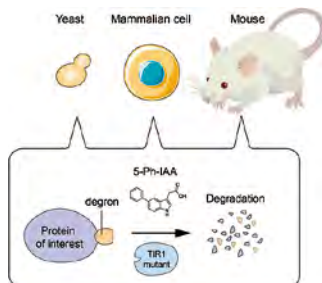
海水を活用した好酸性微細藻類の開放培養

微細藻類は機能性飼料や医薬品原料としての利用が期待されますが、屋外培養時の他微生物（特に藻食生物）の混入増殖がその障壁となっています。また、培養に必要な淡水は世界的に不足しています。宮城島教授らは好酸性微細藻類を高塩濃度に馴化させ、天然には存在せず他生物が増殖できない酸性化海水中で開放培養することに成功しました。

Open cultivation of acidophilic microalgae in seawater-based media

Microalgae are promising future source of functional feed and pharmaceuticals. However, their cultures are often contaminated by other microorganisms, including their predators. In addition, the world is running out of freshwater. By acclimating acidophilic microalgae to higher salinity, Miyagishima group succeeded in cultivation of microalgae in acidified seawater, in which other organisms could not grow.

Hirooka S, Tomita R, Fujiwara T, Ohnuma M, Kuroiwa H, Kuroiwa T, Miyagishima SY. Efficient open cultivation of cyanidiallean red algae in acidified seawater. *Sci Rep.* 2020 Aug 24;10(1):13794.



デグロン配列を付加した標的タンパク質は、オーキシンアナログ存在時に変異型 TIR1 に認識されて分解される。

A degron-fused protein of interest is recognized for degradation by a TIR1 mutant in the presence of an auxin analogue.

改良デグロン法による標的タンパク質除去

細胞内のタンパク質機能を探るには、タンパク質を除去した際の影響を観察することが有効です。鐘巻教授らは、酵母、培養細胞、およびマウス個体において、デグロン配列を付加した標的タンパク質をオーキシンアナログ添加により迅速に分解する AID2 法の開発に成功しました。

An improved degron system for rapid target depletion

To understand the role of a protein of interest in living cells, it is useful to deplete it to see what happens. For this purpose, Kanemaki group established the AID2 technology, by which degron-fused proteins are rapidly degraded after the addition of an auxin analogue.

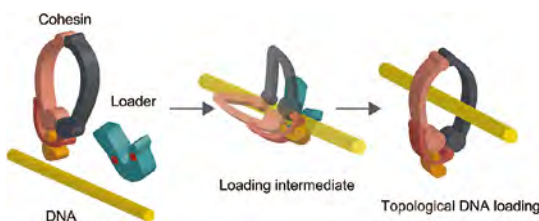
Yesbolatova A, Saito Y, Kitamoto N, Makino-Itou H, Ajima R, Nakano R, Nakaoka H, Fukui K, Gamo K, Tominari Y, Takeuchi H, Saga Y, Hayashi KI, Kanemaki MT. The auxin-inducible degron 2 technology provides sharp degradation control in yeast, mammalian cells, and mice. *Nat Commun.* 2020 Nov 11;11(1):5701.

染色体を形づくるリングの DNA 結合機構

長大なゲノム DNA を適切に折り畳み、機能させるのに必要なタンパク質の一つが、リング構造を持つコヒーシンです。村山准教授らは、コヒーシンの活性を試験管内で再構成することで、この複合体が染色体 DNA と結合し、高次構造を形成する分子機構の一端を明らかにしました。

The DNA loading mechanism of the chromosomal cohesin ring

The ring-shaped cohesin complex plays fundamental roles in chromosomal organization. Murayama group biochemically reconstituted DNA loading reaction by the cohesin ring. This provides molecular insights into how the ring complex topologically entraps DNA and mediates higher-order chromatin structures.



コヒーシンがトポロジカルに DNA と結合する分子モデル。

A model of topological cohesin loading onto DNA.

Kurokawa Y, Murayama Y. DNA Binding by the Mis4Scc2 Loader Promotes Topological DNA Entrapment by the Cohesin Ring. *Cell Rep.* 2020 Nov 10;33(6):108357.

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) の無償貸出も行っています。毎年800名以上の登録者がスパコンを利用した生命科学研究を実施しています。

DDBJ Project

Bioinformatics & DDBJ Center is a part of International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC) with National Center for Biotechnology Information in the United States and European Bioinformatics Institute. The center also collaborates with patent offices in Japan, the United States, Europe, and Korea on patent-related DNA and amino acid sequences. Our supercomputer platform is free for Japanese investigators. Each year, more than 800 registered users conduct life science research on our supercomputer system.

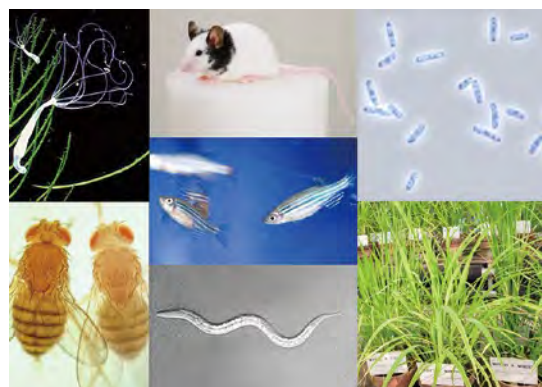


先端ゲノクス推進事業

2011年度から、先端ゲノ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.

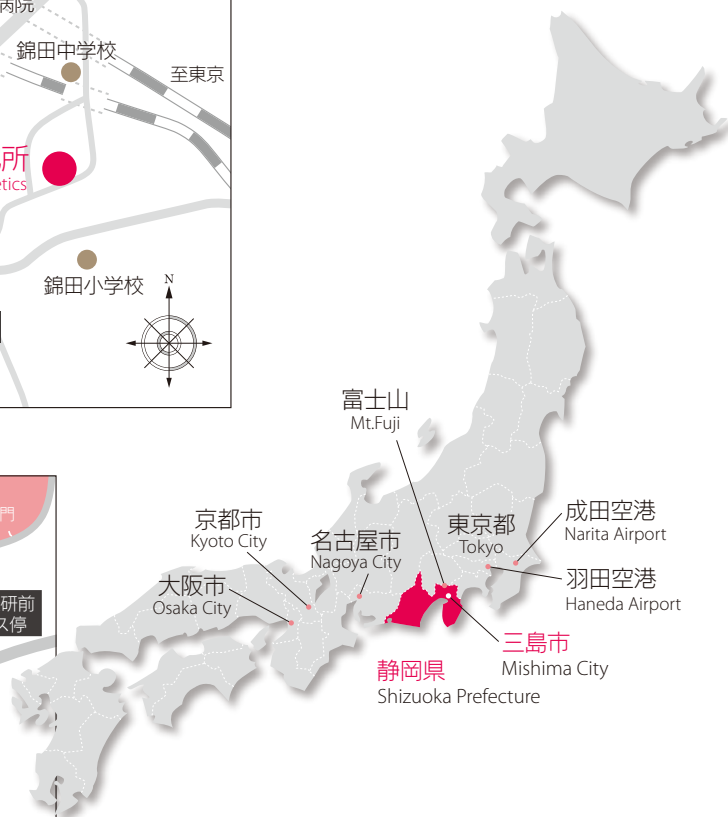
Access to the Institute

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

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

三島駅から遺伝研までのアクセス

Access from JR Mishima to NIG

- 三島駅からの距離 約4km
About 4km from JR Mishima
- 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」
「玉沢・社会保険病院行き」 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

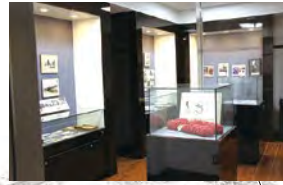
遺伝研マップ



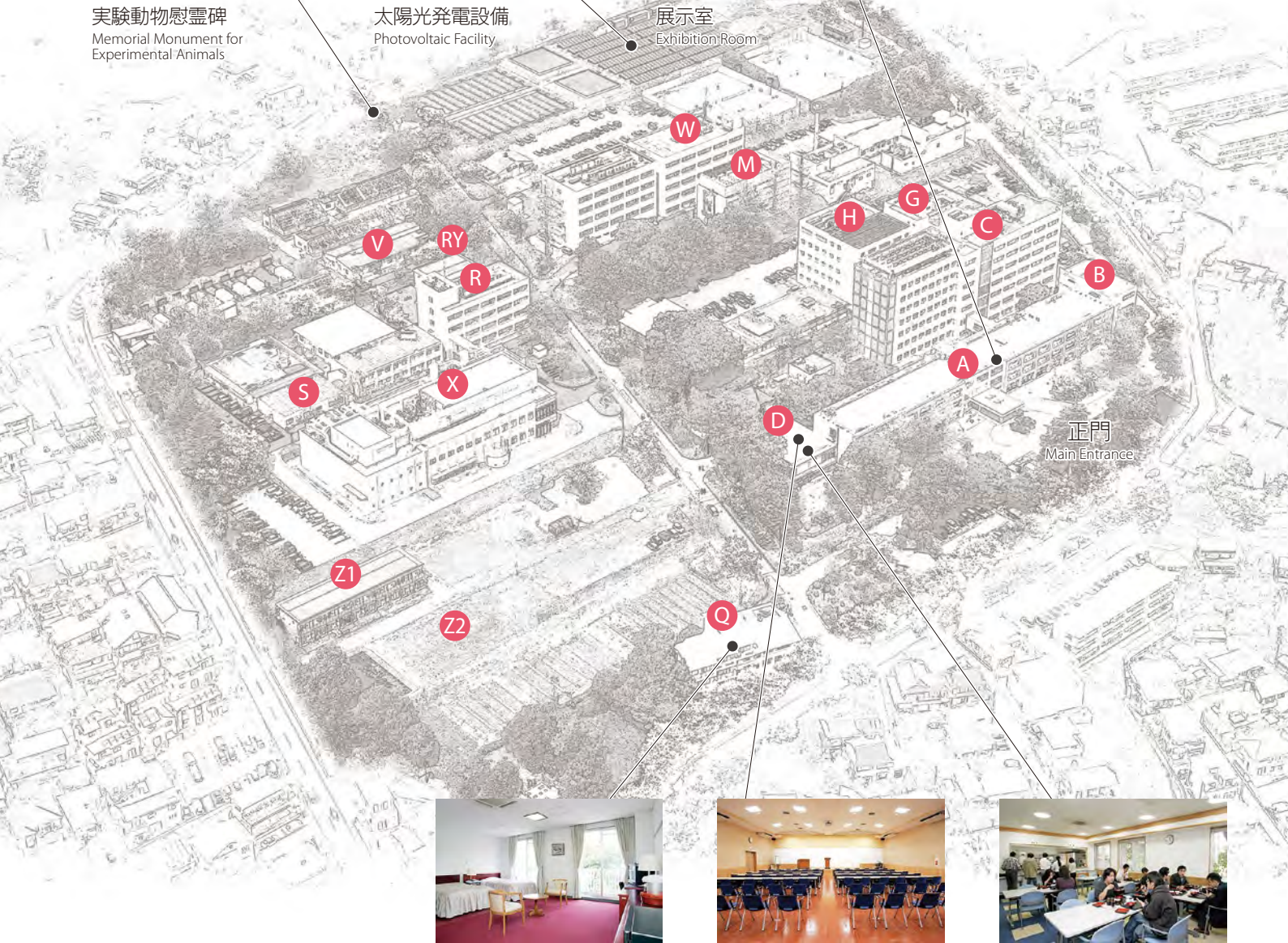
実験動物慰霊碑
Memorial Monument for
Experimental Animals



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棟
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棟
Genetic Strains Research Center
- RY** 系統生物附属プレハブ棟
Genetic Strains Research Center Annex
- S** 系統生物西附属棟
Genetic Strains Research Center West Building
- V** 実験圃場管理棟
Administration Building for Experimental Farm

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

研究所の敷地と建物

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

内訳
Details

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

建築面積 16,348㎡
Building Area

建物延面積 41,168㎡
(Total Floor Space)

(2021年4月1日現在)

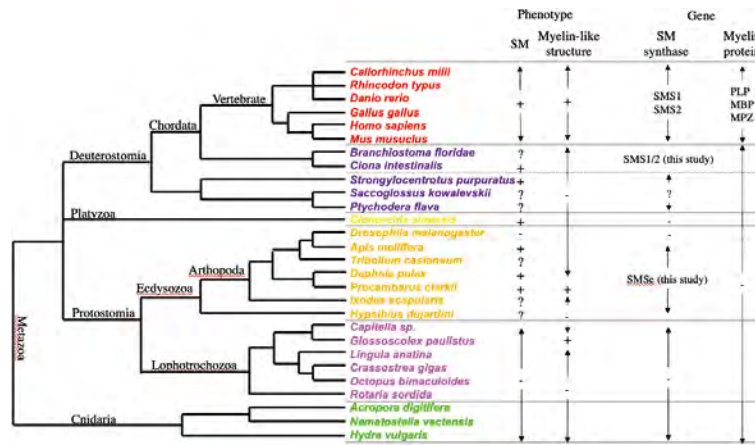
Research Activities

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てある。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SMSe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 SMSe.

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

Tada I, Chaleckis R, Tsugawa H, Meister I, Zhang P, Lazarinis N, Dahlén B, Wheelock CE, Arita M. Correlation-Based Deconvolution (CorrDec) To Generate High-Quality MS2 Spectra from Data-Independent Acquisition in Multisample Studies. *Anal Chem*. 2020 Aug 18;92(16):11310-11317.

Modesto M, Satti M, Watanabe K, Scarafale D, Huang CH, Liou JS, Tamura T, Saito S, Watanabe M, Mori K, Huang L, Sandri C, Spiezio C, Arita M, Mattarelli P. Phylogenetic characterization of two novel species of the genus *Bifidobacterium*: *Bifidobacterium saimiriisciurei* sp. nov. and *Bifidobacterium*

platyrrhinorum sp. nov. *Syst Appl Microbiol*. 2020 Sep;43(5):126111.

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://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

Onami JI, Hatanaka H, Kawamoto S, Takagi T. Life science database cross search: A single window system for dispersed biological databases. *Bioinformatics*. 2019 Dec 31;15(12):883-886.

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, Laipe C, Lapp H, Lütteke 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.

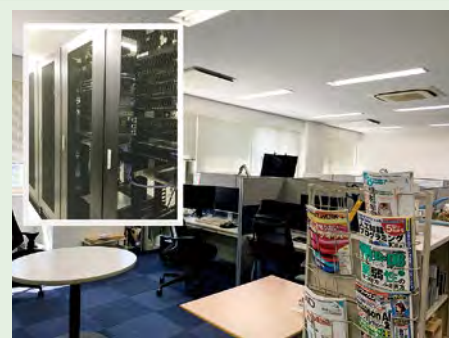
Genetic Informatics Laboratory 系統情報研究室

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。

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.

Selected Publications

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.

Yin Z, Kobayashi M, Hu W, Higashi K, Begum NA, Kurokawa K, Honjo T. RNA-binding motifs of hnRNP K are critical for induction of antibody diversification by activation-induced cytidine deaminase. Proc Natl Acad Sci U S A. 2020 May 26;117(21):11624-11635.

Nishiwaki H, Ito M, Ishida T, Hamaguchi T, Maeda T, Kashiwara K, Tsuboi Y, Ueyama J, Shimamura T, Mori H, Kurokawa K, Katsuno M, Hirayama M, Ohno K. Meta-Analysis of Gut Dysbiosis in Parkinson's Disease. Mov Disord. 2020 Sep;35(9):1626-1635.

Genome Evolution Laboratory ゲノム進化研究室

Kurokawa Group 黒川研究室



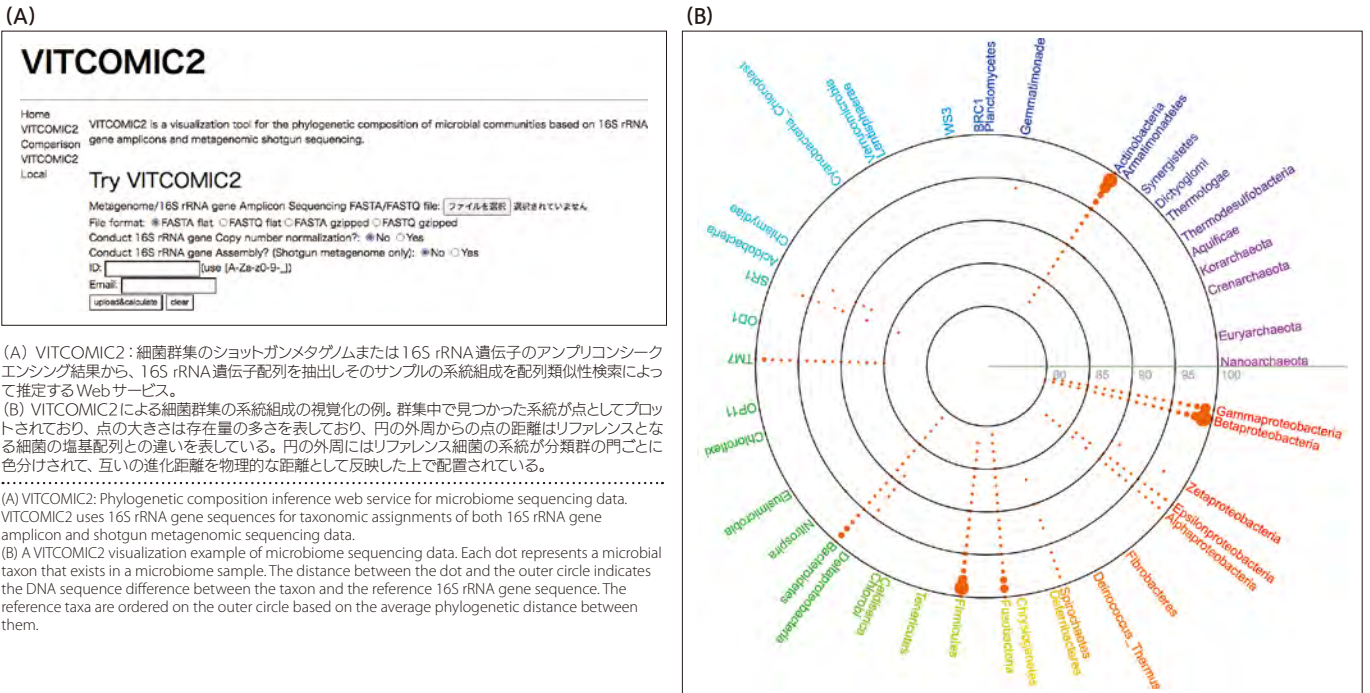
KUROKAWA, Ken
Professor
黒川 顕 教授

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



Genome biology to understand the organismal diversity in environments

ゲノムの多様性と環境との相互作用の解明



生物は多様なゲノムを持ち、様々な環境に適応しております。我々の研究室では、コンピュータを用いた比較ゲノム解析やメタゲノム解析等の手法によって、ゲノムの多様性と普遍性、遺伝子レパートリーと生息環境との関係性等を解析し、多様な生物のゲノム間で共通した特徴を明らかにする研究を行っております。また、ゲノム・メタゲノム解析を高度化するための様々な情報解析技術・ツールの開発を行い、先端ゲノミクス推進センターと強く連携して、開発した情報解析技術を活かした国内外の研究機関との多数の共同研究を進めております。

Organisms inhabit various environments and exhibit remarkable genome diversity. Our main research goal is to understand the relationships between genome diversity and habitat diversity. Currently, we are focusing on microbes. We use various bioinformatics and statistical methodologies related to comparative genomics and metagenomics for our research. We are also developing some bioinformatics methods and tools for genomics and metagenomics, and applying these methods for various collaborative researches in the Advanced Genomics Center.

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, Rasoamiamanana 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.

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.

Kosakamoto H, Yamauchi T, Akuzawa-Tokita Y, Nishimura K, Soga T, Murakami T, Mori H, Yamamoto K, Miyazaki R, Koto A, Miura M, Obata F. Local Necrotic Cells Trigger Systemic Immune Activation via Gut Microbiome Dysbiosis in *Drosophila*. *Cell Rep*. 2020 Jul 21;32(3):107938.

Genome Diversity Laboratory ゲノム多様性研究室

Mori Group 森研究室



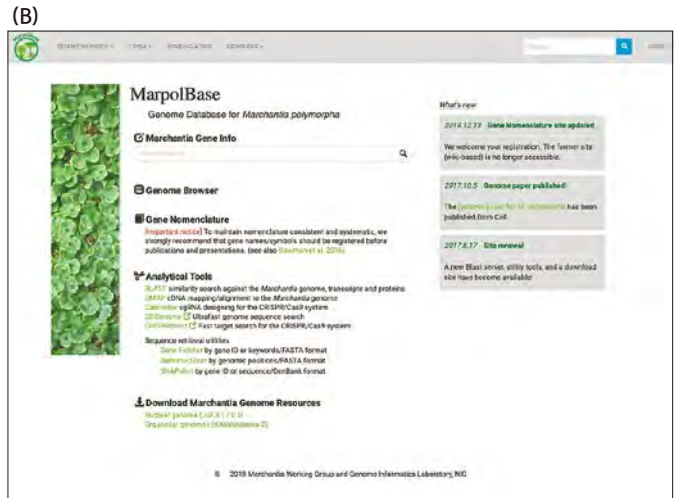
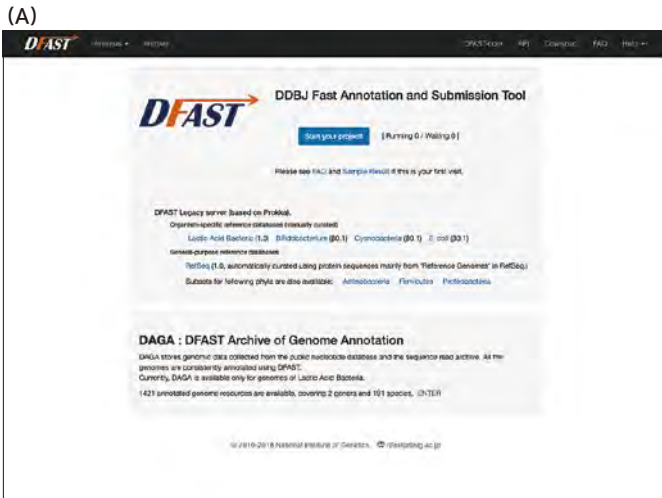
MORI, Hiroshi
Associate Professor
森 宙史 准教授 (兼)

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



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のアノテーションと使いやすい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*、ウンシュウミカン *Citrus unshu*、イエネコ *Felis catus* のような進化研究上、産業上あるいは医療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 use such huge nucleotide data, it is necessary to provide a high-quality genome annotation and versatile 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 and animal species such as a liverwort *Marchantia polymorpha*, a Japanese orange *Citrus unshu* and a domestic cat *Felis catus*.

Selected Publications

Kaminuma E, Baba Y, Mochizuki M, Matsumoto H, Ozaki H, Okayama T, Kato T, Oki S, Fujisawa T, Nakamura Y, Arita M, Ogasawara O, Kashima H, Takagi T. DDBJ Data Analysis Challenge: a machine learning competition to predict Arabidopsis chromatin feature annotations from DNA sequences. *Genes Genet Syst.* 2020 Apr 22;95(1):43-50.

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 Feb 24;30(4):573-588.e7.

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

Bowman JL, Kohchi T, Yamato KT, Jenkins J, Shu S, Ishizaki K, Yamaoka S, Nishihama R, Nakamura Y, Berger F, Adam C, Aki SS, Althoff F, Araki T, Arteaga-Vazquez MA, Balasubramanian S, Barry K, Bauer D, Boehm CR, Briginshaw L, Caballero-Perez J, Catarino B, Chen F, Chiyoda S, Chovatia M, Davies KM, Delmans M, Demura T, Dierschke T, Dolan L, Dorantes-Acosta AE, Eklund DM, Florent SN, Flores-Sandoval E, Fujiyama A, Fukuzawa H, Galik B, Grimaldi D, Grimwood J, Grossniklaus U, Hamada T, Haseloff J, Hetherington AJ, Higo A, Hirakawa Y, Hundley HN, Ikeda Y, Inoue K, Inoue SJ, Ishida S, Jia Q, Kakita M, Kanazawa T, Kawai Y, Kawashima T, Kennedy M, Kinose K, Kinoshita T, Kohara Y, Koide E, Komatsu K, Kopschke S, Kubo M, Koyozuka J, Lagercrantz U, Lin SS, Lindquist E, Lipzen AM, Lu CW, De Luna E, Martienssen RA, Minamino N, Mizutani M, Mizutani M, Mochizuki N, Monte I, Mosher R, Nagasaki H, Nakagami H, Naramoto S, Nishitani K, Ohtani M, Okamoto T, Okumura M, Phillips J, Pollak B, Reinders A, Rövekamp M, Sano R, Sawa S, Schmidt MW, Shirakawa M, Solano R, Spunde A, Suetsugu N, Sugano S, Sugiyama A, Sun R, Suzuki Y, Takenaka M, Takezawa D, Tomogane H, Tsuzuki M, Ueda T, Umeda M, Ward JM, Watanabe Y, Yazaki K, Yokoyama R, Yoshitake Y, Yotsui I, Zachgo S, Schmutz J. Insights into Land Plant Evolution Gained 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



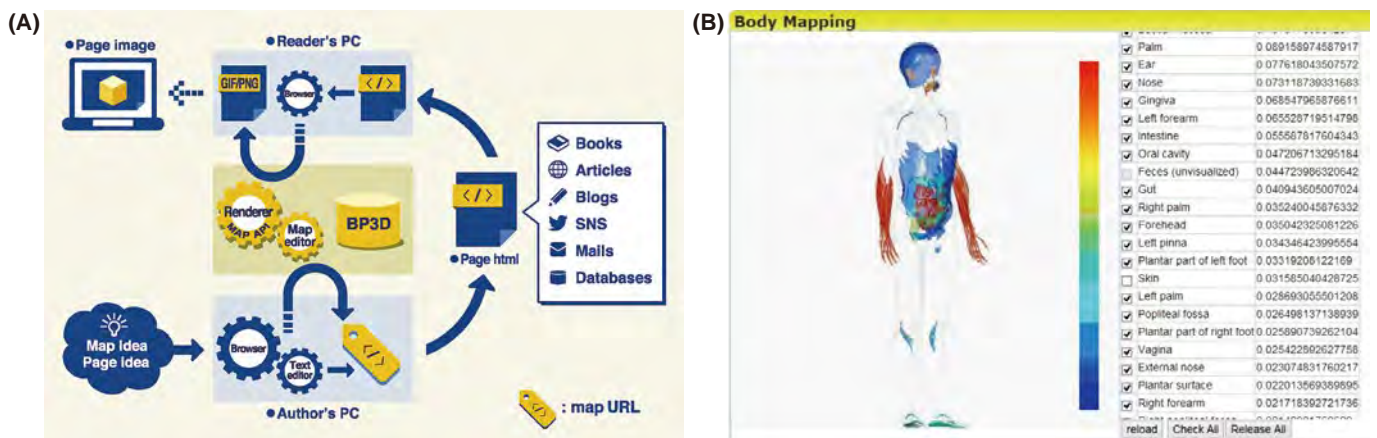
TANIZAWA, Yasuhiro
 Assistant Professor
 谷澤靖洋 助教

<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こそ正しなければなりません。当室ではBの為に技術を開発しています。

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

Selected Publications

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

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

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

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

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

Okubo Group 大久保研究室



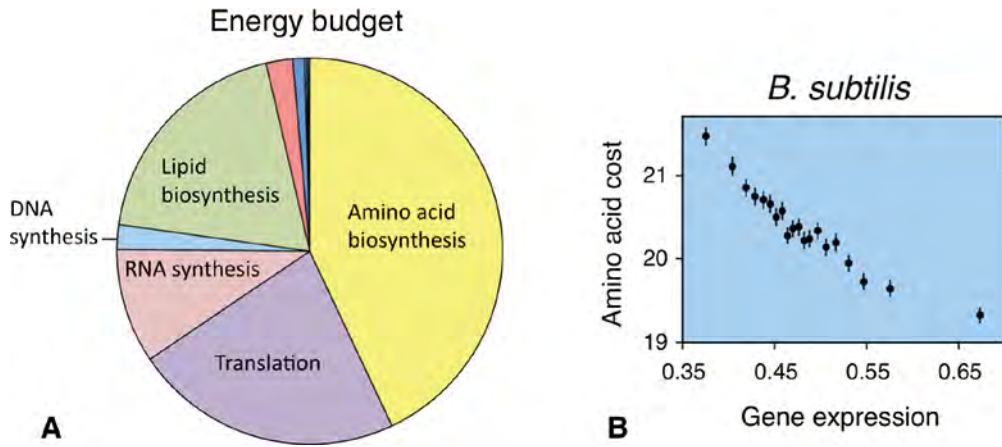
OKUBO, Kousaku
Professor
大久保公策 教授

<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.

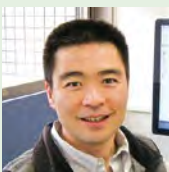
Matsumoto T, Akashi H, Yang Z. Evaluation of Ancestral Sequence Reconstruction Methods to Infer Nonstationary Patterns of Nucleotide Substitution. *Genetics.* 2015 Jul;200(3):873-90.

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



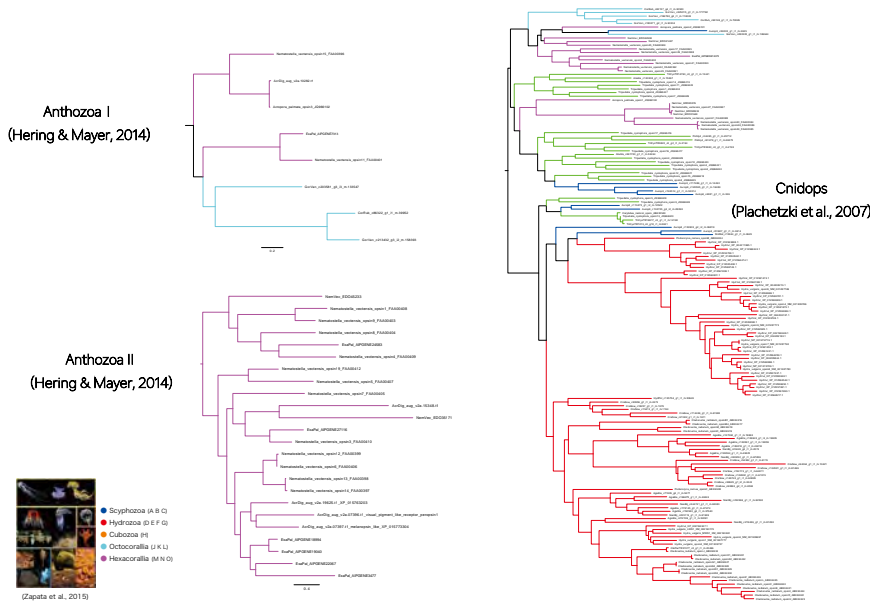
MATSUMOTO, Tomotaka
Assistant Professor
松本知高 助教

<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おります。

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

Selected Publications

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

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

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

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

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

Ikeo Group 池尾研究室

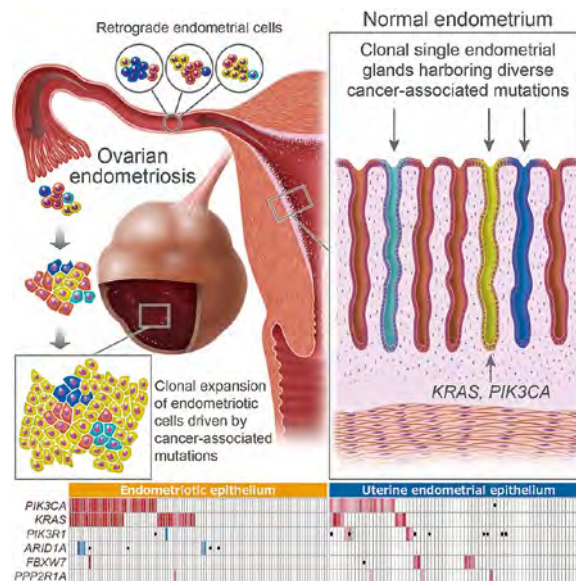


IKEO, Kazuho
Associate Professor
池尾一穂 准教授



Genomic medicine with next generation sequencing technology

次世代シーケンサーを駆使したゲノム医学研究



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

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

本研究室では、次世代シーケンサーで得られる膨大な塩基配列情報を医学研究に活用し、ヒト疾患の理解、治療法の開発に寄与することを目指しています。疾患ゲノム研究は原因となっている遺伝子変異、多型を検出する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で、疾患メカニズム理解につなげる研究も推進します。また多因子疾患における疾患感受性遺伝子は進化的な意義を有することが多く、集団遺伝学的な検討も試みています。

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

Ito J, Kimura I, Soper A, Coudray A, Koyanagi Y, Nakaoka H, Inoue I, Turelli P, Trono D, Sato K. Endogenous retroviruses drive KRAB zinc-finger protein family expression for tumor suppression. *Sci Adv.* 2020 Oct 21;6(43):eabc3020.

Nakayama A, Nakatochi M, Kawamura Y, Yamamoto K, Nakaoka H, Shimizu S, Higashino T, Koyama T, Hishida A, Kuriki K, Watanabe M, Shimizu T, Ooyama K, Ooyama H, Nagase M, Hidaka Y, Matsui D, Tamura T, Nishiyama T, Shimanoe C, Katsuura-Kamano S, Takashima N, Shirai Y, Kawaguchi M, Takao M, Sugiyama R, Takada Y, Nakamura T, Nakashima H, Tsunoda M, Danjoh I, Hozawa A, Hosomichi K, Toyoda Y, Kubota Y, Takada T, Suzuki H, Stiburkova B, Major TJ, Merriman TR, Kuriyama N, Mikami H, Takezaki T, Matsuo K, Suzuki

S, Hosoya T, Kamatani Y, Kubo M, Ichida K, Wakai K, Inoue I, Okada Y, Shinomiya N, Matsuo H; Japan Gout Genomics Consortium (Japan Gout). Subtype-specific gout susceptibility loci and enrichment of selection pressure on ABCG2 and ALDH2 identified by subtype genome-wide meta-analyses of clinically defined gout patients. *Ann Rheum Dis.* 2020 May;79(5):657-665.

Nishimura L, Sugimoto R, Inoue J, Nakaoka H, Kanzawa-Kiriyama H, Shinoda KI, Inoue I. Identification of ancient viruses from metagenomic data of the Jomon people. *J Hum Genet.* 2021 Mar;66(3):287-296.

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, Ituro
Professor
井ノ上逸朗 教授



FUJITO, Naoko
Project Assistant Professor
藤戸尚子 特任助教

<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、池やメソコム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

Yamasaki YY, Kakioka R, Takahashi H, Toyoda A, Nagano AJ, Machida Y, Møller PR, Kitano J. Genome-wide patterns of divergence and introgression after secondary contact between *Pungitius* sticklebacks. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.* 2020 Aug 31;375(1806):20190548.

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.

Ecological Genetics Laboratory 生態遺伝学研究室

Kitano Group 北野研究室



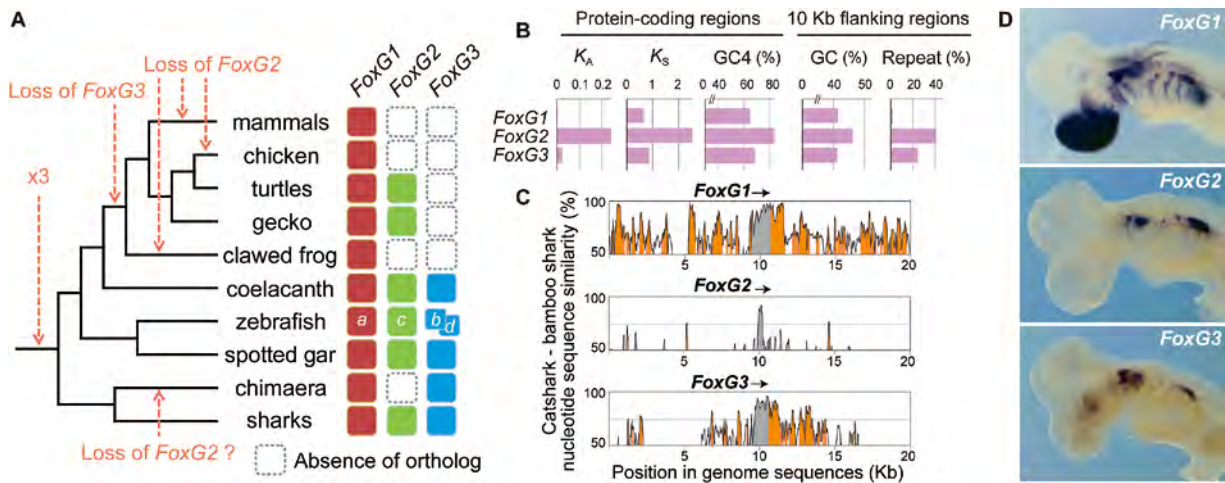
KITANO, Jun
Professor
北野 潤 教授

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



Decoding evolution through the mechanism of genomic readout

ゲノム情報発現のしくみから生命の進化に迫る



発生期のゲノム情報発現機構を調べるために注目したFoxG遺伝子群。3つの遺伝子は、保持している生物種 (A)、塩基組成や周辺の反復配列頻度 (B)、遺伝子配列と周辺のゲノム配列の進化速度 (BとC)、胚発生期の発現部位 (D、トラザメ胚) 等が異なる。こういった性質の連関や、他の遺伝子群も含めたゲノム全体の情報発現が調和するしくみについては謎が多い。

The FoxG group of genes analyzed as a proxy of the whole genome. These genes have different retention patterns (A), evolutionary rates of the genes and flanking genomic regions (B and C, respectively), and embryonic expression domains (D, in catshark embryos). Their inter-relationship and its orchestration within a genome remain largely unexplored and belong to our laboratory's theme.

本研究室では、ゲノムDNA配列情報を分子系統学的観点から解析するとともに、ゲノムワイドな分子情報プロファイリングがもたらす細胞レベルの現象の知見を統合し、複雑な生命の成り立ちを理解するための研究を進めています。脊椎動物を中心とした、生物学的に際立つ特徴を持つ希少生物を含む多様な生物を対象としています。主要なテーマは以下の3つに分けられます。

- 1) DNA配列の種間比較によるゲノム構成の進化的変遷の解明
- 2) 細胞レベルの現象の理解に基づくゲノム進化機構の解明
- 3) ゲノムワイドな情報の取得および利用のための方法の高度化

Our group aims to infer the molecular-level history of complex life, based on molecular phylogenetic approaches to evolutionarily dissecting biodiversity with increasing knowledge of cellular events from genome-wide profiling. We mainly focus on vertebrates including elusive wildlife with unique phenotypes. Our interests are categorized into these themes.

- 1) Deciphering the evolutionary history of genomes
- 2) Formulating genome evolution by referring to cellular events
- 3) Advancing genome-wide data acquisition and analysis methods

Selected Publications

Onimaru K, Tatsumi K, Tanegashima C, Kadota M, Nishimura O, Kuraku S. Developmental hourglass and heterochronic shifts in fin and limb development. *Elife*. 2021 Feb 9;10:e62865.

Kajikawa E, Horo U, Ide T, Mizuno K, Minegishi K, Hara Y, Ikawa Y, Nishimura H, Uchikawa M, Kiyonari H, Kuraku S, Hamada H. Nodal paralogues underlie distinct mechanisms for visceral left-right asymmetry in reptiles and mammals. *Nat Ecol Evol*. 2020 Feb;4(2):261-269.

Hara Y, Yamaguchi K, Onimaru K, Kadota M, Koyanagi M, Keeley SD, Tatsumi K, Tanaka K, Motone F, Kageyama Y, Nozu R, Adachi N, Nishimura O, Nakagawa R, Tanegashima C, Kiyatake I, Matsumoto R, Murakumo K, Nishida K, Terakita A, Kuratani S, Sato K, Hyodo S, Kuraku S. Shark genomes provide insights into elasmobranch evolution and the origin of vertebrates. *Nat Ecol Evol*. 2018 Nov;2(11):1761-1771.

Hara Y, Takeuchi M, Kageyama Y, Tatsumi K, Hibi M, Kiyonari H, Kuraku S. Madagascar ground gecko genome analysis characterizes asymmetric fates of duplicated genes. *BMC Biol*. 2018 Apr 16;16(1):40.

Molecular Life History Laboratory 分子生命史研究室

Kuraku Group 工樂研究室



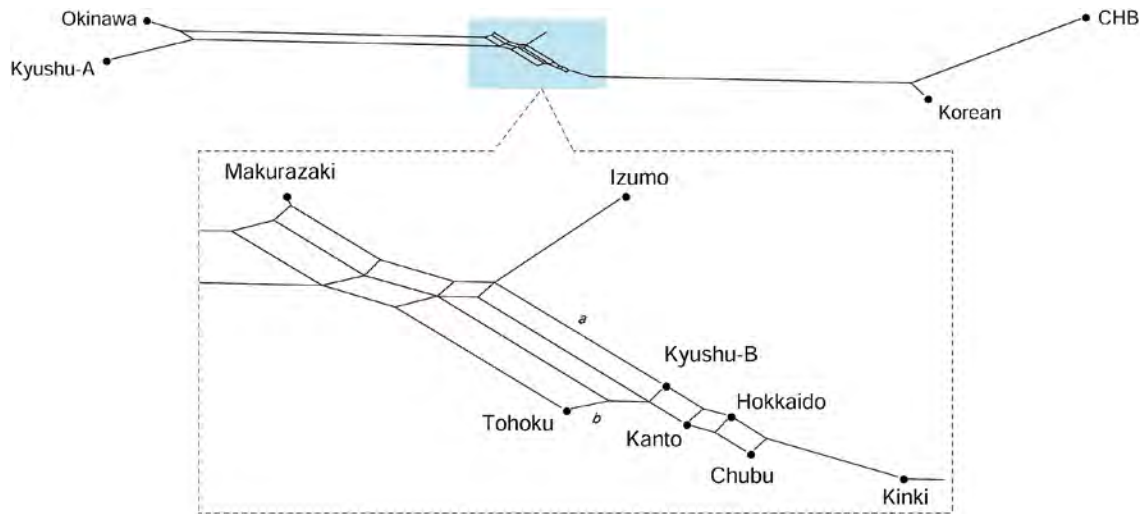
KURAKU, Shigehiro
Professor
工樂樹洋 教授

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



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



ヤポネシア諸集団の系統ネットワーク。Jinamら (2021) 図5より。
Phylogenetic network of Yaponesia populations. From Figure 5 of Jinam et al. (2021).

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

Babarinde IA, Saitou N. The Dynamics, Causes, and Impacts of Mammalian Evolutionary Rates Revealed by the Analyses of Capybara Draft Genome Sequences. *Genome Biol Evol.* 2020 Aug 1;12(8):1444-1458.

Inoue J, Saitou N. dbCNS: a new database for conserved noncoding sequences. *Mol Biol Evol.* 2020 Nov 16;msaa296.

Jinam T, Kawai Y, Kamatani Y, Sonoda S, Makisumi K, Sameshima H, Tokunaga

K, Saitou N. Genome-wide SNP data of Izumo and Makurazaki populations support inner-dual structure model for origin of Yamato people. *J Hum Genet.* 2021 Jan 25.

Jinam T, A, Kawai Y, Saitou N. Modern human DNA analyses with special reference to the Inner-Dual structure model of Yaponesian. *Anthropological Science.* 2021 (in press).

Population Genetics Laboratory 集団遺伝研究室

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

Saitou Group 齋藤研究室



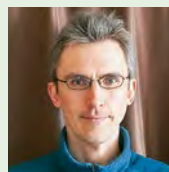
SAITOU, Naruya
Professor
齋藤成也 教授



JINAM, Timothy A.
Assistant Professor
ジナム テイモシー A. 助教



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



KRYUKOV, Kirill
Specially Appointed Associate Professor
クリュコフ キリル 特命准教授



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トとなる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

Shimizu-Sato S, Tsuda K, Nosaka-Takahashi M, Suzuki T, Ono S, Ta KN, Yoshida Y, Nonomura KI, Sato Y. Agrobacterium-Mediated Genetic Transformation of Wild Oryza Species Using Immature Embryos. *Rice* (NY). 2020 Jun 3;13(1):33.

Shenton M, Kobayashi M, Terashima S, Ohyanaagi 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.

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読を実施した生物種。上左：解剖前のシーラカンス稚魚 上右：ニホンザル 下左：セレンシスメダカ 下右：オオコオモリの一種

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、最新のゲノム解読技術を用いた先端ゲノミクス研究を実施しており、多くの国内外の研究機関との共同研究を積極的に進めています。

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

Selected Publications

Nishiyama T, Sakayama H, de Vries J, Buschmann H, Saint-Marcoux D, Lillrich KK, Haas FB, Vanderastraeten L, Becker DJ, Lang D, Vosslobé S, Rombauts S, Wilhelmsson PK, Janitza P, Kern R, Heyl A, Rümpler F, Willalbos LAC, Clay JM, Skokan R, Toyoda A, Suzuki Y, Kagoshima H, Schijen E, Tejeshwar N, Catarino B, Hetherington AJ, Salykova A, Bonnot C, Breuninger H, Symeonidi A, Radhakrishnan GV, Van Nieuweburgh F, Deforce D, Chang C, Karel KG, Hedrich R, Ulivskov P, Glöckner G, Delwiche CF, Petržek J, Van de Peer Y, Friml J, Bellay M, Dolan L, Kohara Y, Sugano S, Fujiyama A, Delaun PM, Quint M, Theissen G, Hagemann M, Harholt J, Durand C, Zachgo S, Langdale J, Maumus F, Van Der Straeten D, Gould SB, Rensing SA. The Chara 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, Gakuhari 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, Saeidin MM, Allentoft ME, Sato T, Malaspina AS, Aghakhanian FA, Komelussen T, Prohaska A, Margaryan A, de Barros Damgaard P, Kaewwattit S, Lertit P, Nguyen TMH, Hung HC, Minh Tran T, Nghia Tuong H, Nguyen GH, Shahidan S, Wiradnyana K, Matsumae H, Shigehara N, Yoneda M, Ishida H, Masuyama T, Yamada Y, Tajima A, Shibata H, Toyoda A, Hanhara T, Nakagome S, Deviese T, Bacon AM, Düringer P, Ponche JL, Shackelford L, Patole-Edumba E, Nguyen AT, Bellina-Plyce B, Galipaud JC, Kinaston R, Buckley H, Pottier C, Rasmussen S, Higham T, Foley RA, Lahr MM, Orlando L, Sikora M, Phipps ME, Oota H, Higham C, 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, Hellsten U, Lyons JB, Simakov O, Putnam N, Sites J, Kuroki Y, Tanaka T, Michiue T, Watanabe M, Bogdanovic O, Lister R, Georgiou G, Parangge SS, van Krujsbergen I, Shu S, Carlson J, Kinoshita T, Ohta Y, Mawaribuchi S, Jenkins J, Grimwood J, Schmutz J, Mitros T, Mozaffari SV, Suzuki Y, Haramoto Y, Yamamoto TS, Takagi C, Heald R, Miller K, Haudenschild C, Kitzman J, Nakayama T, Ibusu Y, Robert J, Fortriede J, Burns K, Lotay V, Karimi K, Yasuoka Y, Dichmann DS, Flajnik MF, Houston DW, Shendure J, DuPasquier L, Vize PD, Zom AM, Ito M, Marcotte EM, Wallingford JB, Ito Y, Asashima M, Ueno N, Matsuda Y, Yeenstra 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, Horikawa DD, Saito Y, Kuwahara H, Kozuka-Hata H, Shinji T, Mitsuuchi Y, Ohishi K, Motoyama A, Atzu T, Enomoto A, Kondo K, Tanaka S, Hara Y, Koshikawa S, Sagara H, Miura T, Yokobori SI, Miyagawa K, Suzuki Y, Kubo T, Oyama M, Kohara Y, Fujiyama A, Arakawa K, Katayama T, Toyoda A, Kunieda T. Extremotolerant tardigrade genome and improved radiotolerance of human cultured cells by tardigrade-unique protein. *Nat Commun*. 2016 Sep 20;7:12808.

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

Toyoda Group 豊田研究室



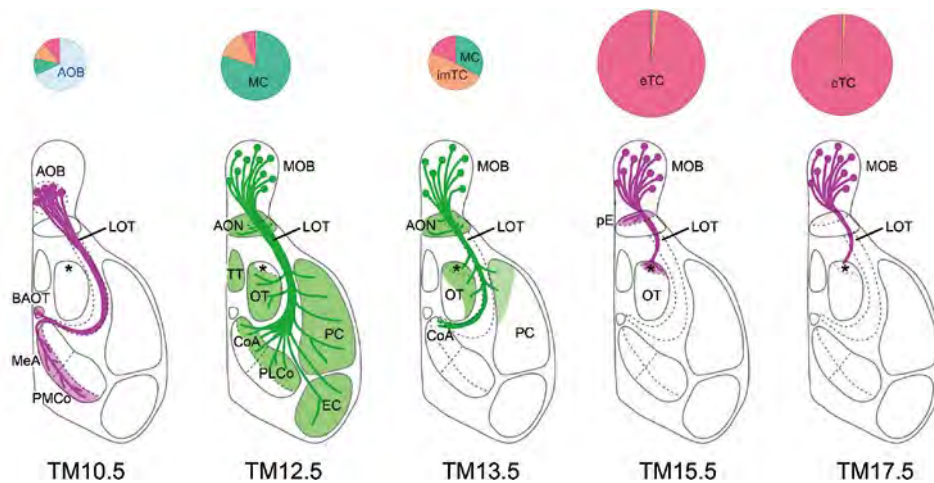
TOYODA, Atsushi
Project Professor
豊田 敦 特任教授

<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

Zhu Y, Hirata T, Mackay F, Murakami F. Chemokine receptor CXCR7 non-cell-autonomously controls pontine neuronal migration and nucleus formation. *Sci Rep.* 2020 Jul 16;10(1):11830.

Hatanaka Y, Hirata T. How Do Cortical Excitatory Neurons Terminate Their Migration at the Right Place? Critical Roles of Environmental Elements. *Front Cell Dev Biol.* 2020 Oct 23;8:596708.

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.

Brain Function Laboratory 脳機能研究室

Hirata Group 平田研究室



HIRATA, Tatsumi
Professor
平田たつみ 教授



KAWASAKI, Takahiko
Assistant Professor
川崎能彦 助教



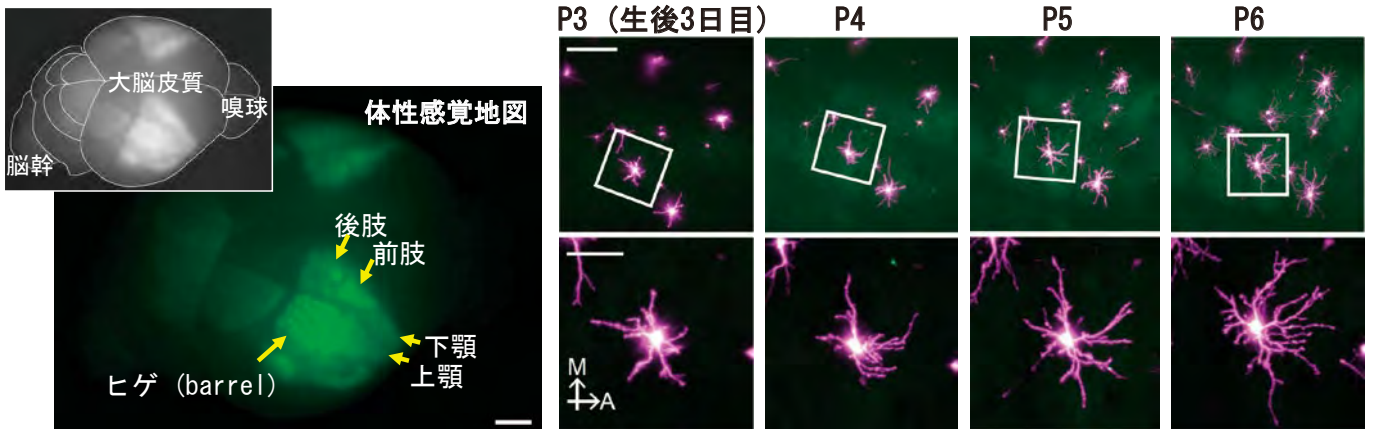
ZHU, Yan
Assistant Professor
トウー ヤン 助教

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



Neuronal circuit development and function in the mouse brain

マウスを用いた脳神経回路発達の分子から個体までの統合的解析



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

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

哺乳類の脳は高度な情報処理能力をもっていますが、その基盤となるのは、精密に構築された複雑な神経回路です。その発達の仕組みを理解するためには、分子から動物個体までの統合的な研究が必要不可欠です。本研究室では、分子生物学、マウス遺伝学を基盤とし、in vivoでの遺伝子操作や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(神経活動依存的回路発達)に興味を持っています。

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

Selected Publications

Nakazawa S, Yoshimura Y, Takagi M, Mizuno H, Iwasato T. Developmental Phase Transitions in Spatial Organization of Spontaneous Activity in Postnatal Barrel Cortex Layer 4. *J Neurosci*. 2020 Sep 30;40(40):7637-7650.

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.

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

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

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

Iwasato Group 岩里研究室



IWASATO, Takuji
 Professor
 岩里琢治 教授

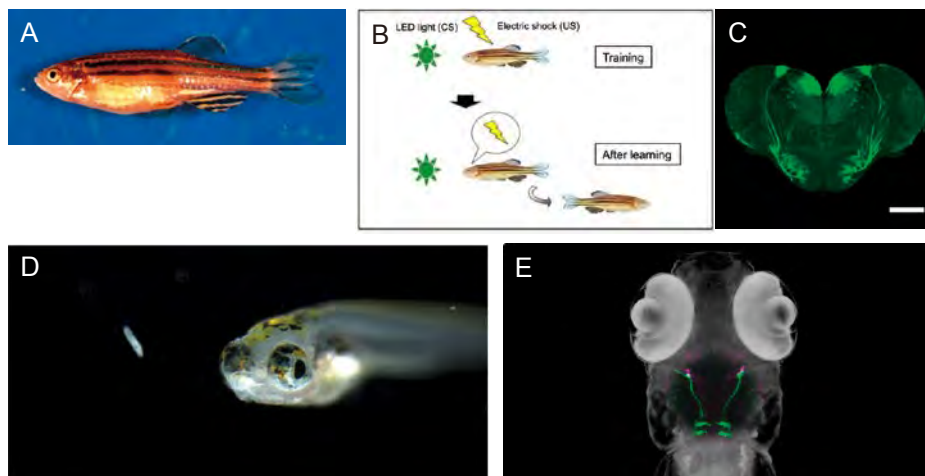


NAKAGAWA, Naoki
 Assistant Professor
 中川直樹 助教



The genetic basis of development and behaviors in zebrafish

ゼブラフィッシュを用いた高次生命現象の遺伝学的解析



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

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

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

Selected Publications

Asakawa K, Handa H, Kawakami K. Optogenetic modulation of TDP-43 oligomerization accelerates ALS-related pathologies in the spinal motor neurons. *Nat Commun.* 2020 Feb 21;11(1):1004.

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.

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

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

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

Kawakami Group 川上研究室



KAWAKAMI, Koichi
 Professor
 川上浩一 教授



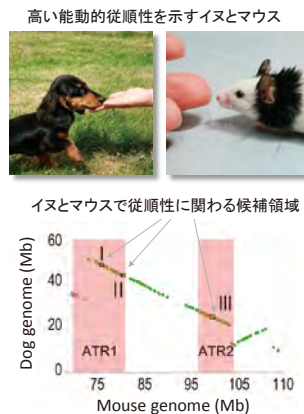
Behavioral genetics using wild-derived mouse strains

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



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

Matsumoto Y, Nagayama H, Nakaoka H, Toyoda A, Goto T, Koide T. Combined change of behavioral traits for domestication and gene-networks in mice selectively bred for active tameness. *Genes Brain Behav.* 2020 Dec 13:e12721.

Tanave A, Koide T. A role for the rare endogenous retrovirus $\beta 4$ in development of Japanese fancy mice. *Commun Biol.* 2020 Feb 4;3(1):53.

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.

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



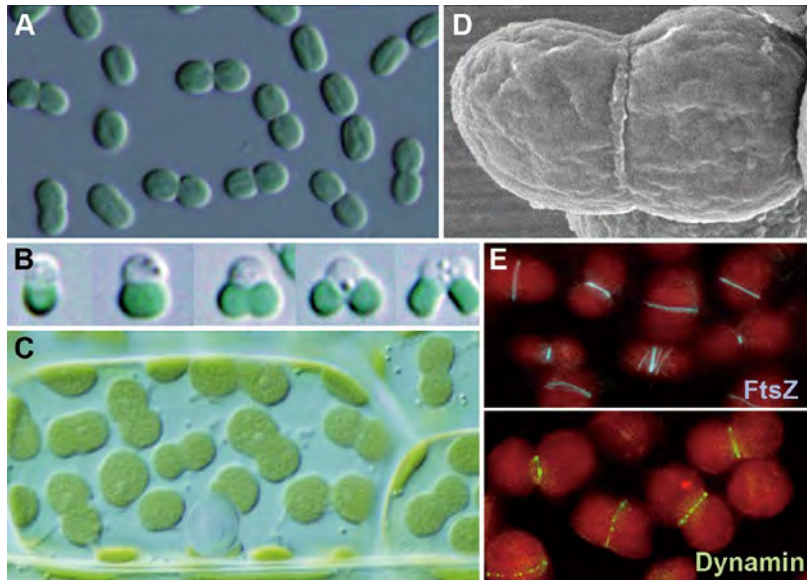
TAKANAMI, Keiko
Assistant Professor
高浪景子 助教

<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 Dynamain 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 alga; C, land plant cells). Chloroplast division is performed by the division ring (D) which involves cyanobacterial FtsZ and eukaryotic dynamain (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

Onuma R, Hirooka S, Kanesaki Y, Fujiwara T, Yoshikawa H, Miyagishima SY. Changes in the transcriptome, ploidy, and optimal light intensity of a cryptomonad upon integration into a kleptoplastic dinoflagellate. ISME J. 2020 Oct;14(10):2407-2423.

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.

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



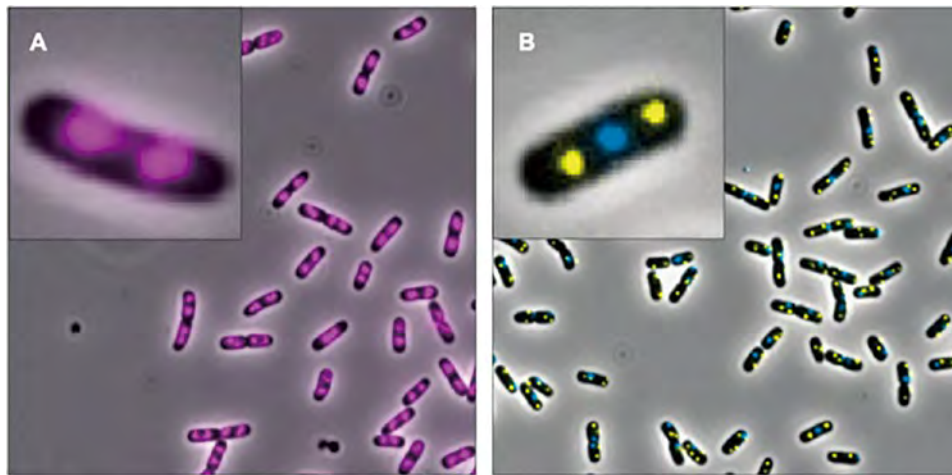
HIROOKA, Shunsuke
Project Assistant Professor
廣岡俊亮 特任助教

<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



DNA 染色では染色体全体を (A)、蛍光タンパク質を用いた方法では複製起点など染色体の特定の部位 (B) を観察できる。これらの手法を用いることでバクテリア染色体の分配を正確に測定できる。

(A) Bacterial nucleoid visualized by the DNA staining. (B) The specific segments of the chromosome are visualized by using fluorescent proteins. These methods enable us to uncover the mechanism of nucleoid segregation in bacteria.

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 methodologies to investigate *S. japonicus*.

Selected Publications

Onaka AT, Su J, Katahira Y, Tang C, Zafar F, Aoki K, Kagawa W, Niki H, Iwasaki H, Nakagawa T. DNA replication machinery prevents Rad52-dependent single-strand annealing that leads to gross chromosomal rearrangements at centromeres. *Commun Biol.* 2020 Apr 30;3(1):202.

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). pii: e00660-18.

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

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

Niki Group 仁木研究室



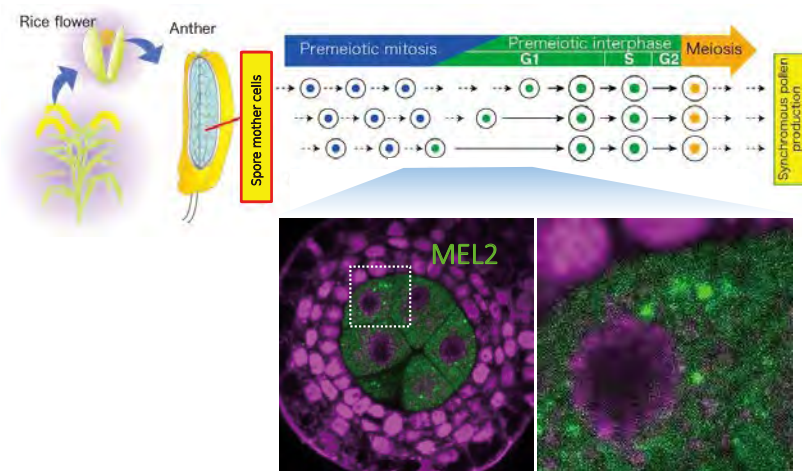
NIKI, Hironori
Professor
仁木宏典 教授

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



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 conduct 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

Tonosaki K, Ono A, Kunisada M, Nishino M, Nagata H, Sakamoto S, Kijima ST, Furuumi H, Nonomura KI, Sato Y, Ohme-Takagi M, Endo M, Comai L, Hatakeyama K, Kawakatsu T, Kinoshita T. Mutation of the imprinted gene OsEMF2a induces autonomous endosperm development and delayed cellularization in rice. *The Plant Cell*, 2020 November 25

Araki S, Le NT, Koizumi K, Villar-Briones A, Nonomura KI, Endo M, Inoue H, Saze H, Komiya R. miR2118-dependent U-rich phasiRNA production in rice anther wall development. *Nat Commun*. 2020 Jun 19;11(1):3115.

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.

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



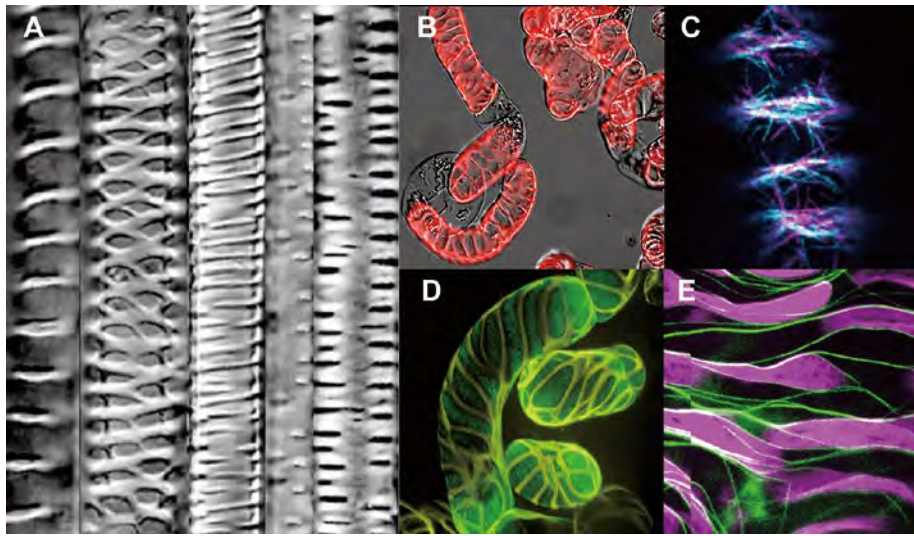
TSUDA, Katsutoshi
Assistant Professor
津田勝利 助教

<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) Xylogenetic 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つでも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

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

Oda Group 小田研究室



ODA, Yoshihisa
Professor
小田祥久 教授

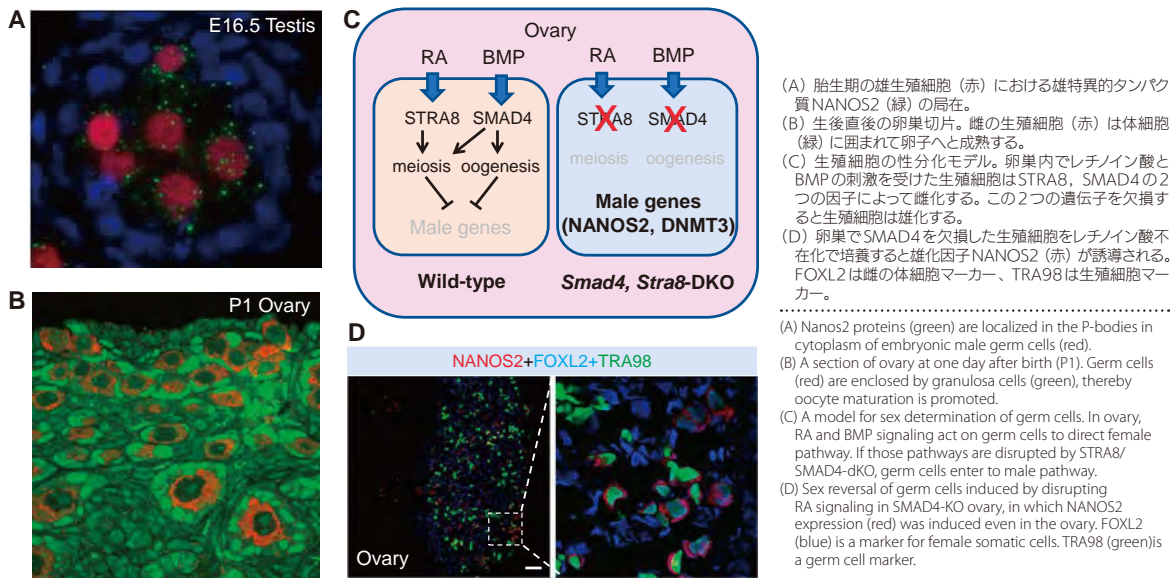


SASAKI, Takema
Assistant Professor
佐々木武馬 助教



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

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

Saga Group 相賀研究室



SAGA, Yumiko
Professor
相賀裕美子 教授



KATO, Yuzuru
Assistant Professor
加藤 譲 助教

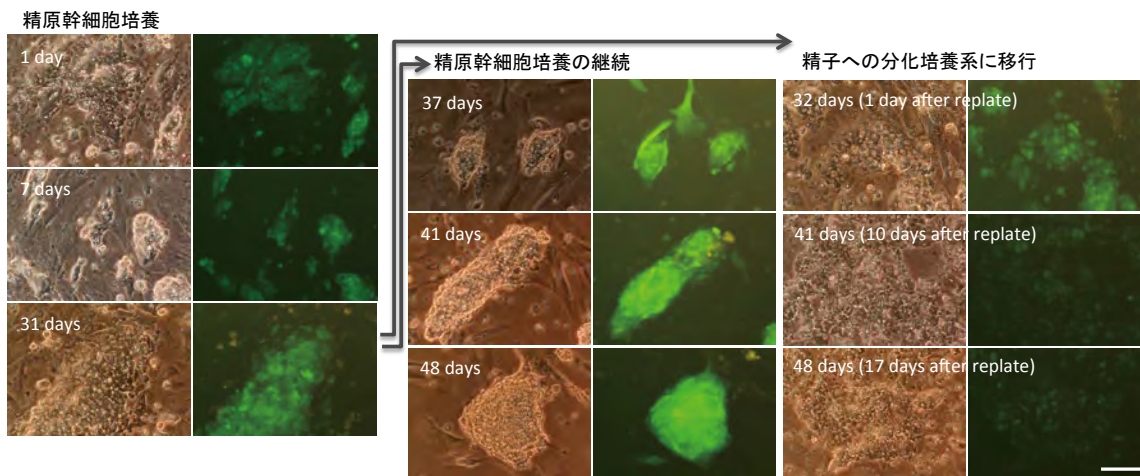


AJIMA, Rieko
Assistant Professor
安島理恵子 助教



Analyses of regulatory mechanisms in zebrafish germ cells

ゼブラフィッシュを用いた生殖細胞制御機構の解析



精原幹細胞で緑色蛍光タンパク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 KI, Sakai N. Sycp2 is essential for synaptonemal complex assembly, early meiotic recombination and homologous pairing in zebrafish spermatocytes. *PLoS Genet.* 2020 Feb 24;16(2):e1008640.

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

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

Sakai Group 酒井研究室



SAKAI, Noriyoshi
Associate Professor
酒井則良 准教授

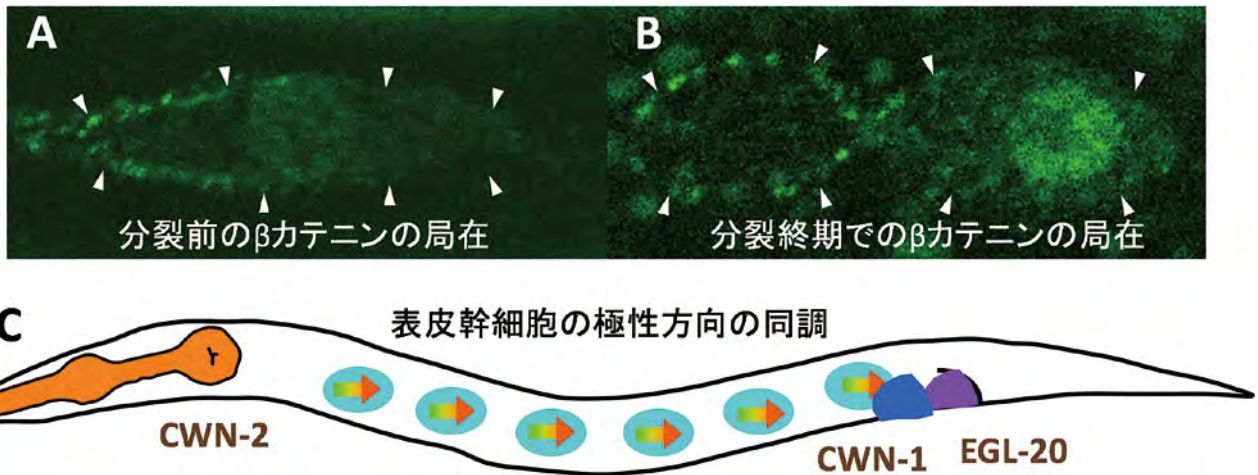


KAWASAKI, Toshihiro
Assistant Professor
河崎敏広 助教



Generation of cellular diversity by asymmetric cell division

非対称分裂による細胞多様性創出機構



非対称分裂前 (A)、分裂終期 (B) での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

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

Sawa Group 澤 研究室



SAWA, Hitoshi
Professor
澤 斉 教授

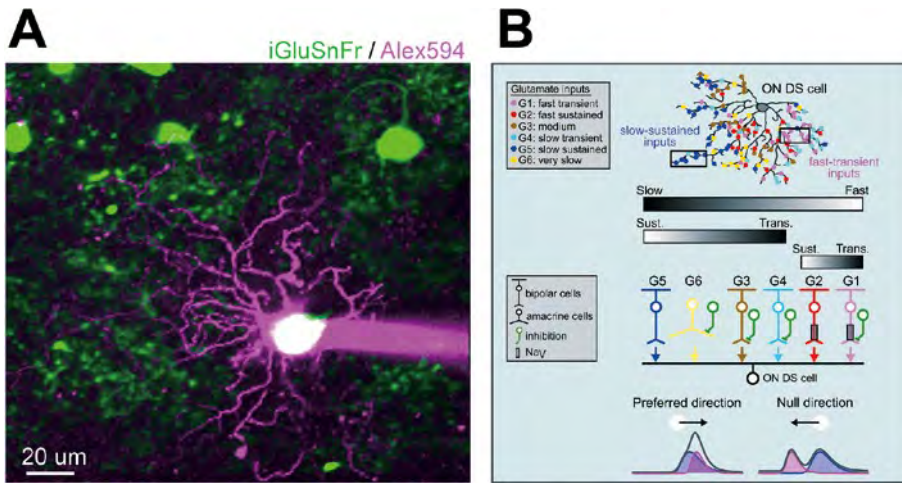


NEGISHI, Takefumi
Assistant Professor
根岸剛文 助教



Multiscale understanding of the structural principles of mammalian sensory system

哺乳類感覚系の構造原理を多階層で理解する



(A) グルタミン酸センサー（緑）を発現するマウス網膜 ON DS cell に蛍光色素（マゼンタ）を注入した。(B) ON DS cell 樹状突起からの二光子グルタミン酸イメージングにより、遅い持続性及び早い一過性の入力空間的に分離していることを発見した。この“時空間接続”が視覚刺激の速度と方向への選択性を生み出す。

(A) Alexa594 dye(magenta) was injected into one of the retinal ganglion cells expressing the glutamate sensor iGluSnFr (green). (B) By two-photon glutamate imaging, we found a spatial separation between slow-sustained and fast-transient glutamate-mediated inputs to the dendrites of ON DS cells. This “space-time wiring” creates selectivity in the speed and direction of visual stimuli.

感覚系による外部環境の情報抽出は動物の生存にとって重要です。私たちはマウスやサル視覚系を遺伝子、分子、細胞種、回路、神経演算、行動などの多階層で研究することにより、感覚機能創発やその基盤構造に関する普遍的原理あるいは多様性を理解することを目指しています。このために、遺伝学、分子生物学、2光子イメージング、電気生理学、トランスシナプス標識、1細胞遺伝子発現解析、機械学習など多様な技術を組み合わせます。このような研究により、感覚疾患の原因細胞種の特定やその修復などへの道も拓かれると考えています。

Extraction of information about the environment by the sensory system is important for animal’s survival. We aim to understand the universal principles and diversity of sensory function emergence and its underlying structure by studying the visual system of mice and monkeys at multi-scales, including genes, molecules, cell types, circuits, neural processing, and behaviors. For this, we combine various techniques such as genetics, two-photon imaging, electrophysiology, transsynaptic labeling, single-cell transcriptomics, and machine learning. Our studies would pave the way to identifying the cell types responsible for sensory diseases and their repair.

Selected Publications

Sethuramanujam S, Matsumoto A, deRosenroll G, Murphy-Baum B, McIntosh JM, Jing M, Li Y, Berson D, Yonehara K, Awatramani GB. Rapid multi-directed cholinergic transmission in the central nervous system. Nat Commun. 2021 Mar 2;12(1):1374.

Rasmussen RN, Matsumoto A, Arvin S, Yonehara K. Binocular integration of retinal motion information underlies optic flow processing by the cortex. Curr Biol. 2021 Mar 22;31(6):1165-1174.e6.

Rasmussen R, Matsumoto A, Dahlstrup Sietam M, Yonehara K. A segregated cortical stream for retinal direction selectivity. Nat Commun. 2020 Feb 11;11(1):831.

Matsumoto A, Briggman KL, Yonehara K. Spatiotemporally Asymmetric Excitation Supports Mammalian Retinal Motion Sensitivity. Curr Biol. 2019 Oct 7;29(19):3277-3288.e5.

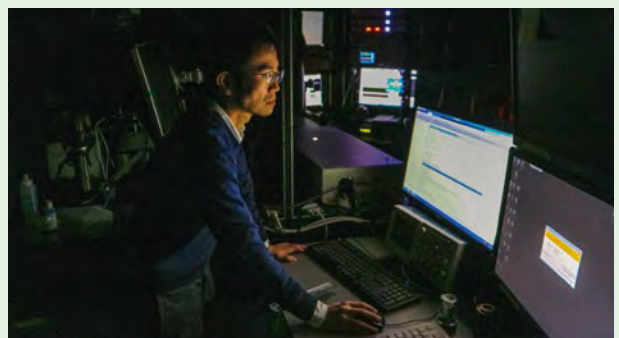
Multiscale Sensory Structure Laboratory 多階層感覚構造研究室

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/yonehara/> (擔任後公開)

Yonehara Group 米原研究室

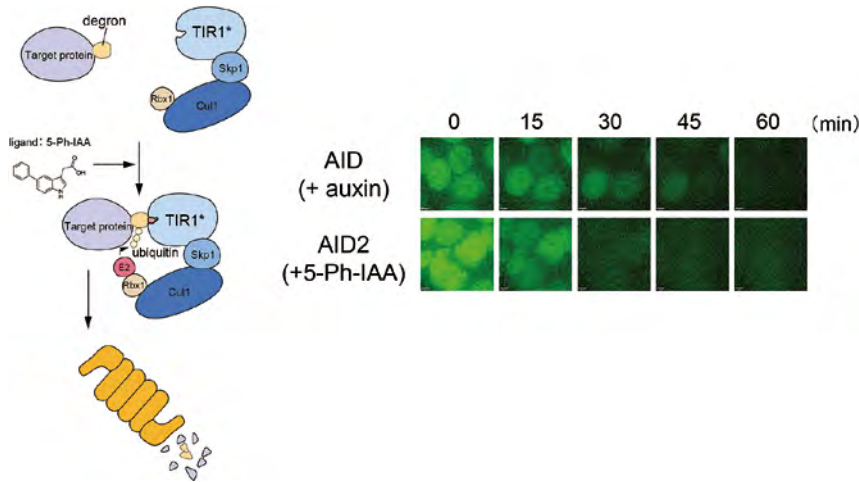


YONEHARA, Keisuke
Professor
米原圭祐 教授
(10月1日着任予定)



Studying DNA replication by use of an original degron-based technology

独自タンパク質分解技術を駆使してDNA複製機構の解明に迫る



AID2によるタンパク質分解。(左) デグロン配列を付加した標的タンパク質は、オーキシナンアナログ5-Ph-IAA存在時にのみ変異型TIR1に認識されて迅速に分解される。(右) AIDとAID2によるコヒーシンサブユニットRAD21の分解比較。AID2はより迅速な分解を可能にする。

(Left) Target degradation by the AID2 technology. A degron-fused protein of interest is recognized for rapid degradation by a TIR1 mutant only in the presence of an auxin analogue, which initiates the degradation process. (Right) Comparison of AID and AID2. A cohesin subunit RAD21 was induced for depletion. AID2 enabled even faster depletion.

当研究室は、植物のタンパク質分解機構を利用して、特定のタンパク質の迅速分解を可能にするオーキシンドグロン (AID) 技術を開発しました。さらに改良型AID2の開発により、酵母からマウスまで迅速タンパク質分解を可能にするプラットフォームを作りました。遺伝学的技術開発と共に、AID2を利用してヒト細胞やマウス個体内でDNA複製が行われるメカニズムの解明に取り組んでいます。

Our laboratory pioneered to develop the auxin-inducible degron (AID) technology, by which degron-fused proteins of interest can be rapidly degraded by the addition of a plant hormone, auxin. We recently improved it and established AID2 to control the degradation of proteins of interest not only in yeast and mammalian cell lines, but also in mice. We are currently trying to develop related genetic technologies and, by employing AID2, to understand the mechanisms of DNA replication in human cells and mice.

Selected Publications

Yesbolatova A, Saito Y, Kitamoto N, Makino-Itou H, Ajima R, Nakano R, Nakaoka H, Fukui K, Gamo K, Tominari Y, Takeuchi H, Saga Y, Hayashi KI, Kanemaki MT. The auxin-inducible degron 2 technology provides sharp degradation control in yeast, mammalian cells, and mice. *Nat Commun.* 2020 Nov 11;11(1):5701.

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

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

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

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

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

Kanemaki Group 鐘巻研究室



KANEMAKI, Masato
Professor
鐘巻将人 教授

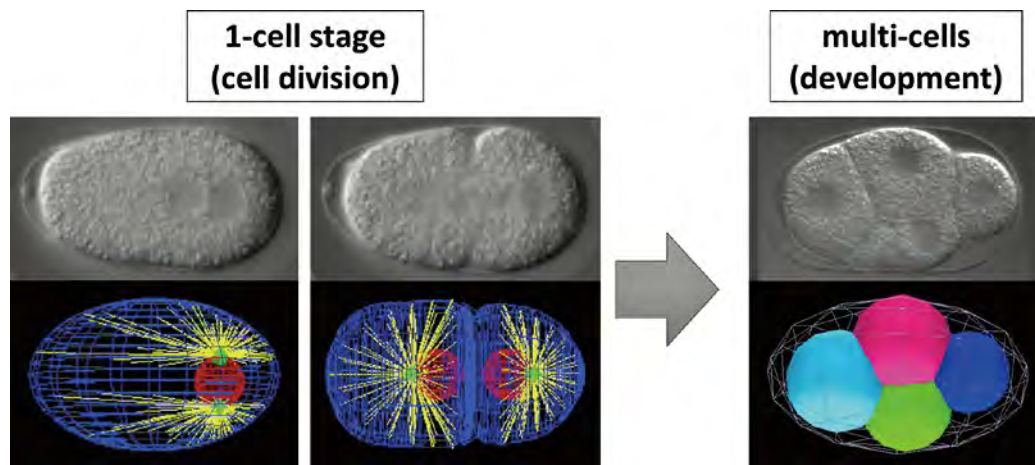


NATSUME, Toyoaki
Assistant Professor
夏目豊彰 助教



Understanding cell architecture through quantitative microscopy and structural calculations

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



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

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

細胞は自然が造りあげたみごとな建築物です。細胞はその内部で、“適切なサイズ”で形成された細胞内小器官が“適材適所に”配置していますが、この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.

Kimura K, Kimura A. Cytoplasmic streaming drifts the polarity cue and enables posteriorization of the *Caenorhabditis elegans* zygote at the side opposite of sperm entry. *Mol Biol Cell*. 2020 Jul 21;31(16):1765-1773.

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.

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



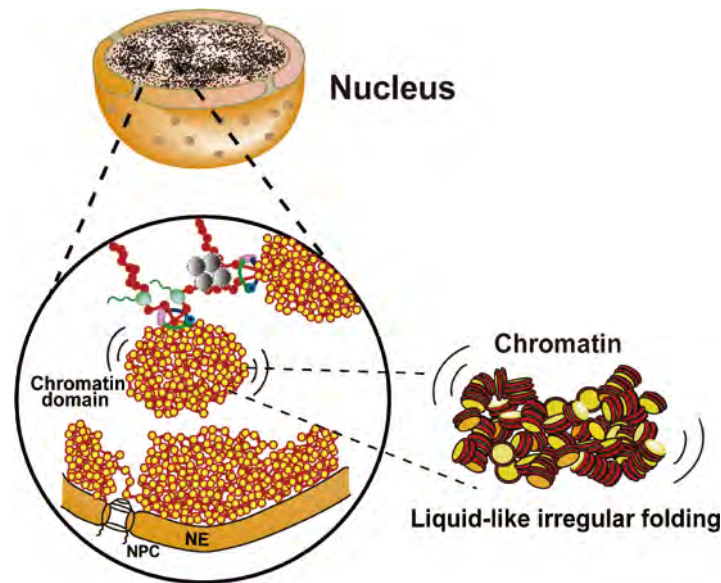
TORISAWA, Takayuki
Assistant Professor
鳥澤 嵩征 助教

<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



ヌクレオソーム繊維（10-nm 繊維）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

Ide S, Imai R, Ochi H, Maeshima K. Transcriptional suppression of ribosomal DNA with phase separation. *Sci Adv.* 2020 Oct 14;6(42):eabb5953.

Maeshima K, Tamura S, Hansen JC, Itoh Y. Fluid-like chromatin: Toward understanding the real chromatin organization present in the cell. *Curr Opin Cell Biol.* 2020 Jun;64:77-89.

Ashwin SS, Nozaki T, Maeshima K, Sasai M. Organization of fast and slow chromatin revealed by single-nucleosome dynamics. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2019 Oct 1;116(40):19939-19944.

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.

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

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

Maeshima Group 前島研究室



MAESHIMA, Kazuhiro
Professor
前島一博 教授



IDE, Satoru
Assistant Professor
井手 聖 助教

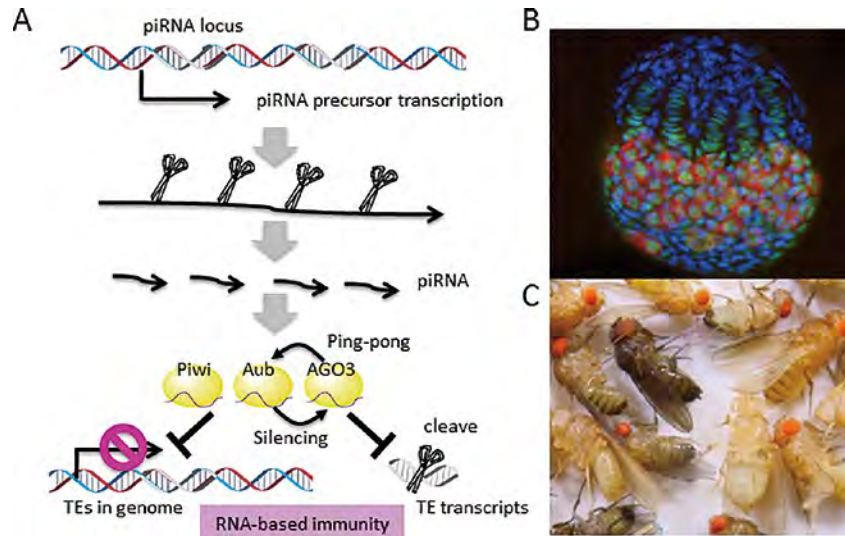


HIBINO, Kayo
Assistant Professor
日比野佳代 助教



The mechanisms of transposon regulation in *Drosophila*

ショウジョウバエにおけるトランスポゾン制御のメカニズム



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

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

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/>

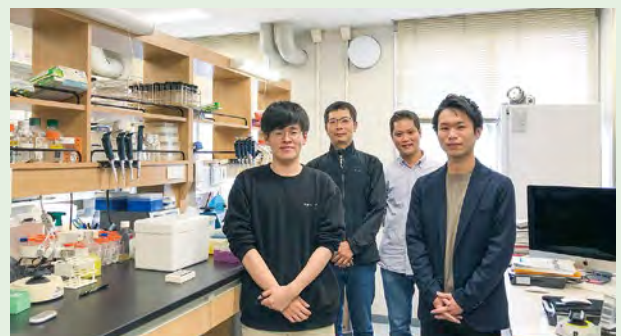
Saito Group 齋藤研究室



SAITO, Kuniaki
Professor
齋藤都暁 教授

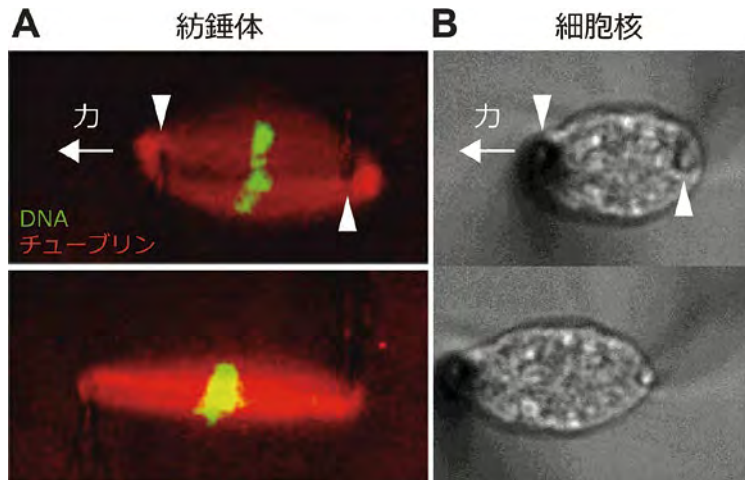


MIYOSHI, Keita
Assistant Professor
三好啓太 助教



Physical and molecular basis governing eukaryotic chromosome dynamics

染色体の動態を支配する物理と分子のメカニズム



当研究室では、染色体の動態を制御する細胞装置の機能メカニズムを物理と分子の観点から調べている。上の写真は、染色体分配装置である紡錘体 (A) と遺伝情報の維持や複製の場である核 (B) を2本のガラス製マイクロファイバー (先端位置を白矢頭で示す) を使ってそれぞれ顕微操作し、その力学応答特性を解析している様子。

Images show micromanipulation experiments performed in our laboratory for examining the micromechanical properties of the meiotic spindle (A) and the cell nucleus (B). Using fiber-shaped ultra-thin force probes (white arrowheads), we study how these micron-sized machines generate and respond to forces for properly functioning in a cell.

生命の基本単位である細胞は、自ら力(ちから)を発生し、また周囲から受ける力を感じながら協調的に機能することで胚発生や組織形成を達成しています。私たちの研究室は、1) 光やガラスファイバーを使った微細な力の計測・操作技術、2) 遺伝子や分子の摂動ツール、3) 分子解像度の蛍光イメージング、4) 材料工学の粘弾性解析手法など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力を発生・受容しながら細胞内に適切な大きさとかたちで自己組織形成するしくみ、複製された染色体を2つの娘細胞に均等分配するしくみなどを調べています。また、細胞の核が力の刺激やストレスを感じながら機能するしくみなど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 diverse biological processes, including embryonic development and tissue formation. Our laboratory takes a multi-disciplinary approach, integrating biophysical force sensing/actuation tools (e.g., optical tweezers, glass microfibers) with genetic and biochemical perturbation, single-molecule imaging, and material science methods to study how the spindle – the chromosome segregation machinery – can self-organize into a proper size and shape and generate and respond to forces for error-free cell division. We also use our physical manipulation techniques to study the mechanical integrity and mechano-transduction mechanisms of the cell 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

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

Shimamoto Group 島本研究室



SHIMAMOTO, Yuta
Associate Professor
島本勇太 准教授

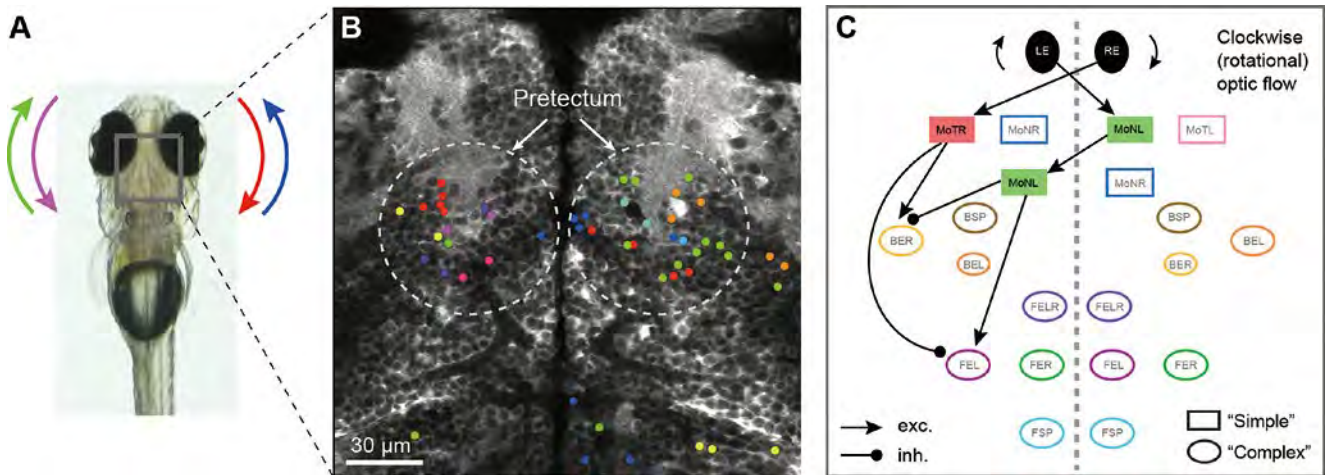


SAITO, Kei
Assistant Professor
齋藤 慧 助教



Neural circuit mechanisms for visual processing and behavior in zebrafish

視覚情報処理と行動制御の神経回路メカニズム



(A) 受精後5日目のゼブラフィッシュ稚魚。矢印は運動視覚刺激の方向を示す。(B) カルシウムイメージングによる神経活動の記録と定量的な解析を行うことで、視覚情報処理に関わる脳領域の神経活動パターンを調べることができる(ここでは前視蓋 (pretectum) を示す)。(C) 視野の動きの情報抽出し、適切な行動を生み出すための神経回路のモデル。
 (A) A larval zebrafish at 5 days post fertilization. Arrows indicate visual motion stimuli presented to the zebrafish. (B) Calcium imaging and quantitative analysis reveal the activity pattern of multiple neuron types in a brain region (e.g. pretectum) involved in the visual processing. (C) Predicted wiring diagram of the whole-field motion processing circuit in the pretectum.

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

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

Selected Publications

Wu Y, Dal Maschio M, Kubo F, Baier H. An Optical Illusion Pinpoints an Essential Circuit Node for Global Motion Processing. *Neuron*. 2020 Nov 25;108(4):722-734. e5.

Kramer A, Wu Y, Baier H, Kubo F. Neuronal Architecture of a Visual Center that Processes Optic Flow. *Neuron*. 2019 Jul 3;103(1):118-132.e7.

Förster D, Kramer A, Baier H, Kubo F. Optogenetic precision toolkit to reveal

form, function and connectivity of single neurons. *Methods*. 2018 Nov 1;150:42-48.

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

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

Kubo Group 久保研究室



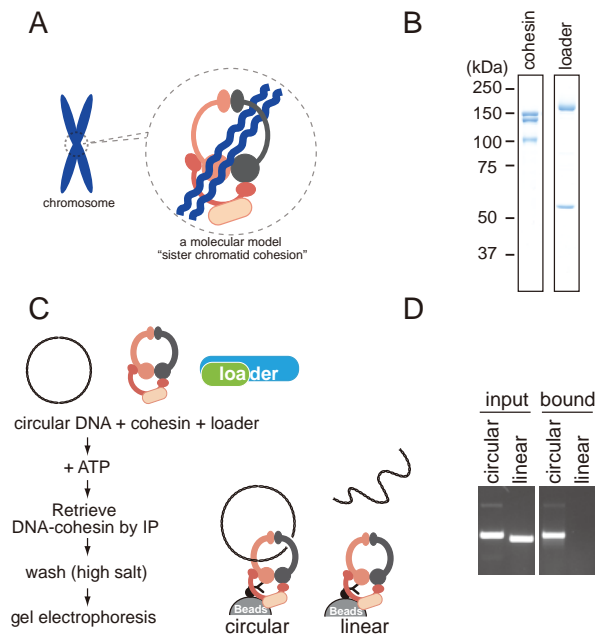
KUBO, Fumi
Associate Professor
久保 郁 准教授

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



Revealing molecular function of SMC complexes in chromosome structural control

SMC 複合体による染色体構造形成機構の解明



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

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

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

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

Selected Publications

Kurokawa Y, Murayama Y. DNA Binding by the Mis4Scc2 Loader Promotes Topological DNA Entrapment by the Cohesin Ring. *Cell Rep.* 2020 Nov 10;33(6):108357.

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.

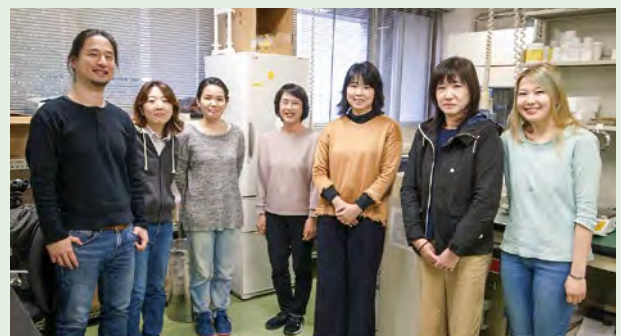
Chromosome Biochemistry Laboratory 染色体生化学研究室

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

Murayama Group 村山研究室



MURAYAMA, Yasuto
Associate Professor
村山泰斗 准教授



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.bcm.edu/people-search/erez-lieberman-aiden-25411>

LIEBERMAN-AIDEN, Erez
International Strategic Advisor
(Associate Professor, Baylor College of Medicine)
(Adjunct Professor, Rice University)

リーバーマン・エイデン, エレツ
国際戦略アドバイザー
(ベイラー医科大学助教授)
(ライス大学助教授)



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, コンシン
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.ieu.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

発達期の経験が脳機能を形作る仕組みを解明する。臨界期を制御するGABA回路の生物学的な理解を新たな治療戦略や人工知能の開発など広範な応用につなげる。

We are revealing how early life experience shapes brain function. The biological triggers and brakes for such critical periods implicate specific GABA circuits with broad insights for therapy and novel A.I.

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.oeaw.ac.at/research-groups/frederic-berger/>

BERGER, Frederic
Visiting Professor
(Senior Principal Investigator, Gregor Mendel Institute)

ベルシエ, フレデリック
客員教授
(グレゴール・メンデル研究所シニア研究室主宰者)

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



(2020年度実績)

知的財産 Intellectual Property	件数 QUANTITY
特許出願 Patent application	11件
特許登録 Patent registration	3件
企業との共同・受託研究契約 Joint research agreement with the private sector	34件
ライセンス、有償MTA契約 License agreement	46件
MTA Material Transfer Agreement	703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関しての議題. 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, 学術の動向. 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. コンテンツシティー出版

NIG INNOVATION

産学連携・知的財産室



SUZUKI, Mutsuki
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

論文作成／プレゼン／研究費申請の議論や助言、遺伝研メソッドなどのワークショップ企画や異分野交流の仲介などを通じ、「研究者が新しいアイデアに挑戦」するためのサポートをします。これら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ーの研究力が向上することを目指しています。

●広報

科学広報の受け手は、一般社会、研究コミュニティ、公的機関など多方面にわたります。受け手のそれぞれに適したコンテンツが何かを考え、最適な情報をイベント、冊子、プレスリリース、ウェブ／SNS等を通して発信します。また、遺伝研において1949年から続く要覧／年報を発行しています。

●Institutional Research (IR)

研究活動などに関する様々な定量／定性データを収集・分析します。客観的な指標等に基づくデータを研究所の運営や実績報告書等の作成に活用します。

“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.

● Strengthening of Research Activity:

Our activities include organizing workshops, mediating collaborative research, discussion and advice on manuscripts and scientific presentations, and grant-application support. 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.

● Public Relations:

The target of science communication and public relations activities is diverse including the general public, research community, and public institutions. By considering what content is most appropriate for each recipient, we disseminate the best information through events, booklets, press releases, and website/SNS. In addition, we publish an annual NIG guidebook (YORAN) that has continued since 1949.

● Institutional Research (IR):

We collect and analyze various quantitative and qualitative data related to research and institute activities. The data are used for the management of the institute and the preparation of institute reports.

Office for Research Development

リサーチ・アドミニストレーター室



KURUSU, Mitsuhiro
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/nigdanjoenglish/>

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

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



HIRATA, Tatsumi
Director

平田たつみ 室長(兼)



YASUIKE, Yuki
Staff

安池友紀 室員(兼)



YAMATANI, Noriko
Staff

山谷宣子 室員(兼)



TAKIDA, Masatoshi
Staff

滝田昌稔 室員(兼)

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する事務手続き、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



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

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



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。生命科学を支援するため、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) バ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まれます。登録件数では全INSDC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。

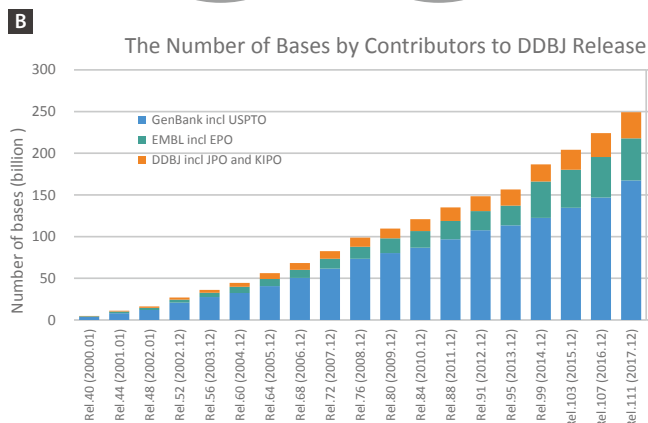
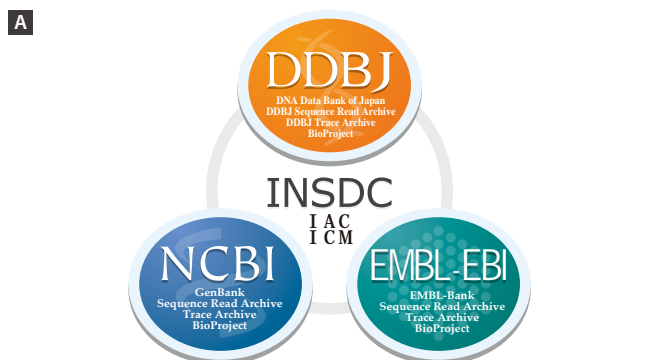
センターでは国内研究者向けにスーパーコンピュータ (スパコン) の無償貸出も行っています。毎年800名以上の登録者がスパコンを利用した生命科学を実施しています。

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 800 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



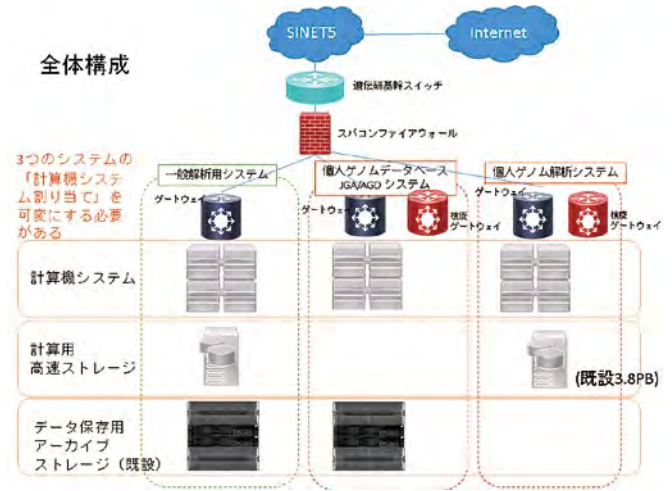
NAKAMURA, Yasukazu
Division Head (International Affairs)
中村保一 国際連携部門長 (兼)

SHIMIZU, Atsushi
清水厚志 (岩手医科大学)
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)
TANJO, Tomoya
丹生智也

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150以上の機関から平均して800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 supercomputer 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 800 users from 150 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年以降の増強
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	3PB追加 (合計16.8PB)
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読の要請に対し、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、ゲノム解読から情報解析までをシームレスに接続した包括的な研究と共同利用事業を推進しています。

■ 先端ゲノミクス推進センターの活動

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

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



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

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

- 動物：ヒト、ラット、マウス、チンパンジー、ニホンザル、クジラ、イヌ、コウモリ、スナク、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
黒川 顕
センター長 (兼)

□ Sequencing Division
シーケンシング部門
TOYODA, Atsushi
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
MORI, Hiroshi Division Head (Data Analysis)
森 宙史 データ解析部門長
KOHARA, Yuji Project Professor
特任教授 (兼)
FUJIYAMA, Asao Project Professor
藤山秋佐夫 特任教授 (兼)

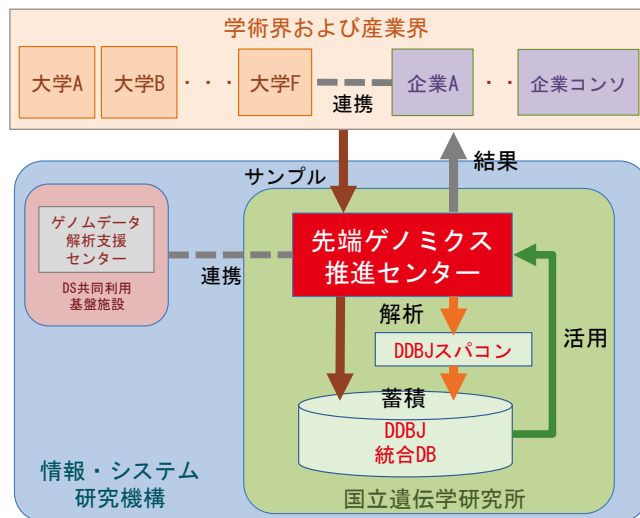
INOUE, Ituro Professor
井ノ上逸朗 教授 (兼)
NOGUCHI, Hideki Project Professor
野口英樹 特任教授 (兼)
BABA, Tomoya Project Associate Professor
馬場知哉 特任准教授 (兼)
KONDO, Shinji Project Associate Professor
近藤伸二 特任准教授 (兼)

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

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

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

■ 共同研究・共同利用・受託研究の流れ



Genetic Resource Center

生物遺伝資源センター

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

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

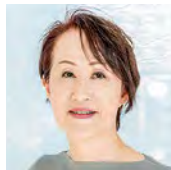
Genetic Resource Center 生物遺伝資源センター



NIKI, Hironori
Head, Genetic Resource Center
Division Head (Bioresource Management)
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)

MIYOSHI, Keita Assistant Professor
三好啓太 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)

□ Bioresources 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。昨年度は外部研究機関からのコロナ緊急支援を行いました。

<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.

We also conducted the urgent support for the researchers in the COVID19 pandemic situation last year.

<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

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

ゲノム変異マウス開発支援部門

SAGA, Yumiko
Division Head

相賀裕美子 部門長(兼)

KISO, Makoto
Technical Staff

木曾 誠 技術職員

AJIMA, Rieko
Assistant Professor

安島理恵子 助教(兼)

YAMATANI, Noriko
Technical Staff

山谷 宣子 技術職員



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

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

動物飼育実験施設



凍結胚及び精子保存設備 (左) とマイクロインジェクションルーム (右)

Frozen embryo and sperm storage system (left) and microinjection 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 miscacylated tRNAs. *PLoS One*. 2015 Jan 20;10(1):e0116981.

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

Radioisotope Unit

放射線・アイソトープ支援ユニット



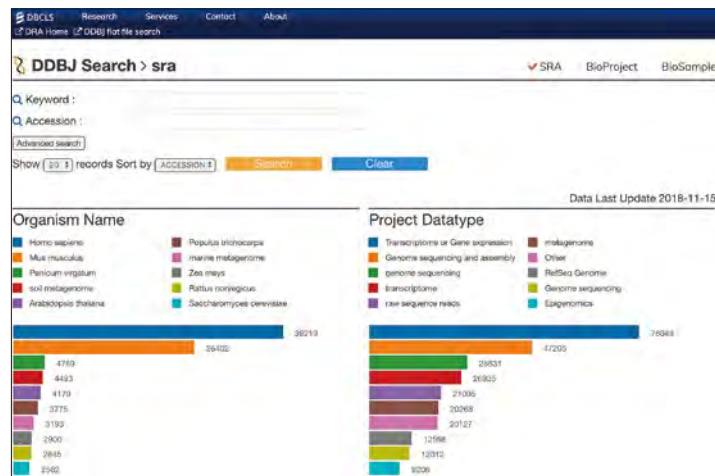
ANDACHI, Yoshiki
Assistant Professor
安達佳樹 助教

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



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の統合化と保身に努め、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發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

Nakane W, Nakamura H, Nakazato T, Kaminaga N, Nakano M, Sakamoto T, Nishiko M, Bono H, Ogiwara I, Kitano Y, Iwabuchi K, Kinoshita K, Simpson RJ, Tabunoki H. Construction of TUATInsecta database that integrated plant and insect database for screening phytophagous insect metabolic products with medicinal potential. *Sci Rep.* 2020 Oct 15;10(1):17509.

Bono H. All of gene expression (AOE): An integrated index for public gene expression databases. *PLoS One.* 2020 Jan 24;15(1):e0227076.

Ohta T, Tanjo T, Ogasawara O. Accumulating computational resource usage of genomic data analysis workflow to optimize cloud computing instance selection. *Gigascience.* 2019 Apr 1;8(4):giz052.

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.

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
坊農秀雅 客員教授

NAITO, Yuki Project Assistant Professor
内藤雄樹 特任助教

OHTA, Tazro Project Assistant Professor
大田達郎 特任助教

ONO, Hiromasa Project Assistant Professor
小野浩雅 特任助教

NAKAZATO, Takeru Project Assistant Professor
仲里猛留 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

The main goals of the Coelacanth Genome Project

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

Assembly Information

Assembly ID	LatCha_J1.0
Assembly date	Sep. 2012
Accession (CON)	DF158906-DF196766
BioProject ID	174410
Provider	NIG / Tokyo Tech

Statistical Information

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

What's new

2012.12.3
Coelacanth fosmid end data were added.

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

Home | Contact

Copyright 2012 National Institute of Genetics

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

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

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

Next generation sequencing (NGS) technologies have dramatically increased the throughput of DNA sequencing, and is now widely applied to various areas of life science research. Not only model organisms but all sorts of species are studied based on their nucleotide sequences through de novo sequencing/re-sequencing 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

Nikaido M, Kondo S, Zhang Z, Wu J, Nishihara H, Niimura Y, Suzuki S, Touhara K, Suzuki Y, Noguchi H, Minakuchi Y, Toyoda A, Fujiyama A, Sugano S, Yoneda M, Kai C. Comparative genomic analyses illuminate the distinct evolution of megabats within Chiroptera. *DNA Res.* 2020 Aug 1;27(4):dsaa021.

Kon T, Omori Y, Fukuta K, Wada H, Watanabe M, Chen Z, Iwasaki M, Mishina T, Matsuzaki SS, Yoshihara D, Arakawa J, Kawakami K, Toyoda A, Burgess SM, Noguchi H, Furukawa T. The Genetic Basis of Morphological Diversity in

Domesticated Goldfish. *Curr Biol.* 2020 Jun 22;30(12):2260-2274.e6.

Mohsin M, Tanaka K, Kawahara R, Kondo S, Noguchi H, Motooka D, Nakamura S, Khong DT, Nguyen TN, Hoang TN, Yamamoto Y. Whole-genome sequencing and comparative analysis of the genomes of *Bacteroides thetaiotaomicron* and *Escherichia coli* isolated from a healthy resident in Vietnam. *J Glob Antimicrob Resist.* 2020 Jun;21:65-67.

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

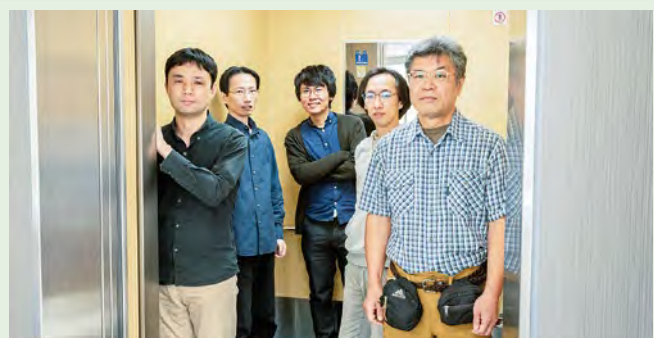
寺内 真 博士研究員

MIYAZAWA, Hideyuki Postdoc

宮澤秀幸 博士研究員

KATO, Hirokazu Postdoc

加藤大和 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(2020年度は207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野拡大を進めます。

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

■ 大規模配列解析拠点ネットワーク支援活動

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

■ 高度情報解析支援ネットワーク活動

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

これらの支援活動を推進するために、国立遺伝学研究所を中核機関とし、参加する班員が所属する主な機関を連携機関とするネットワークを形成し、分担して支援及びその高度化にあたります(図B)。研究支援代表者の下、現在研究支援分担者22名、研究支援協力者30名、総勢53名の班員が全国22の大学・研究機関(部局数は30)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.

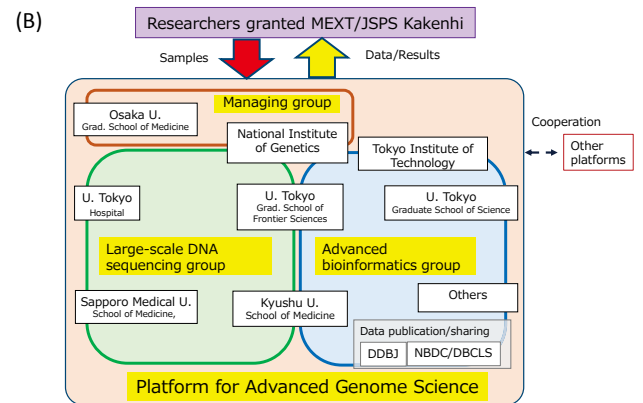
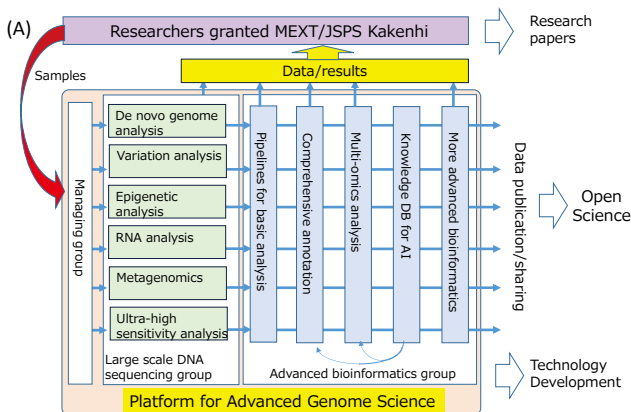
■ Large-scale DNA sequence analysis

- de novo genome analysis
- RNA analysis
- Variation analysis
- Metagenome analysis
- Epigenetic analysis
- Single-cell 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 53 members in total are participating in PAGS from 22 universities and research institutes (30 departments).



Members at NIG 遺伝研で活動する参加班員

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



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

- Large-scale DNA sequencing group
大規模ゲノム解析
TOYODA, Atsushi Project Professor
○豊田 敦 特任教授
FUJIYAMA, Asao Project Professor
一藤山秋佐夫 特任教授(兼)
INOUE, Ituro Professor
一井ノ上逸朗 教授

- Advanced bioinformatics group
高度情報解析
KUROKAWA, Ken Professor
○黒川 顕 教授
MORI, Hiroshi Associate Professor
一森 宙史 准教授
NAKAMURA, Yasukazu Professor
○中村保一 教授

- TANIZAWA, Yasuhiro Assistant Professor
一谷澤靖洋 助教
OGASAWARA, Osamu Project Associate Professor
一小笠原 理 特任准教授
NOGUCHI, Hideki Project Professor
○野口英樹 特任教授※
KONDO, Shinji Project Associate Professor
一近藤伸二 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、一: 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、千葉大学、大阪大学、九州大学、札幌医科大学、慶応義塾大学、早稲田大学、富山国際大学、産業技術総合研究所、科学技術振興機構、東京医科歯科大学、山梨大学、滋賀大学、京都大学、京都府立医科大学、神戸薬科大学、かずさDNA研究所、久留米大学、佐々木研究所

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、2020年度も計95件の共同研究と計16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 2020, 95 Joint Researches and 16 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.

Study on molecular mechanisms of meiotic initiation

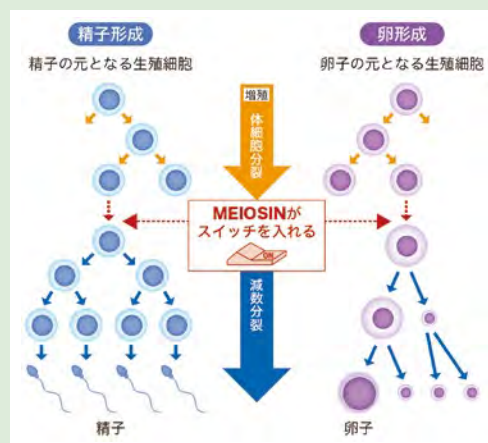
減数分裂の誘導機構に関する研究

熊本大学 発生医学研究所
石黒啓一郎 教授

マウス生殖細胞より、体細胞分裂から減数分裂への“スイッチ”として働く因子を特定し、これを減数分裂開始因子 MEIOSIN と命名した。この MEIOSIN は、卵巣や精巣内で減数分裂が始まる直前の特定の時期に活性化するという極めて珍しい性質を示す。MEIOSIN は STRA8 と複合体を形成して減数分裂に関連する遺伝子を一斉に活性化する転写因子として働くことがわかった。

Institute of Molecular Embryology and Genetics,
Kumamoto University
ISHIGURO, Kei-ichiro, Professor

A novel germ cell specific factor, that acts as a switch from mitosis to meiosis, was identified in mouse and named as "MEIOSIN" for meiosis initiator. The MEIOSIN shows extremely rare property of becoming activated only just before the initiation of meiosis in the gonads. MEIOSIN plays an essential role in meiotic gene activation.



MEIOSIN は体細胞分裂から減数分裂へのスイッチとして働く。
MEIOSIN directs the switch from mitosis to meiosis.

▶ Joint Research Meeting

研究会



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

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

共同研究 (A)

研究課題

- 1A2020 遺伝子様トランスポゾンGLTが喪失したトランスポゾン識別標識の探索
- 2A2020 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
- 3A2020 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
- 4A2020 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
- 5A2020 抗がん剤感受性における核の力学特性の重要性の評価
- 6A2020 真核生物DNA二本鎖架橋修復複合体の構造機能解析
- 7A2020 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明
- 8A2020 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
- 9A2020 中心体複製と細胞分裂の制御に関わるメカニズムの解明
- 10A2020 野生マウス由来ヘテロジニアストックの従順性行動に関わる表現型ネットワーク解析
- 11A2020 てんかん脳の神経活動イメージング
- 12A2020 超短命魚ターコイズキリフィッシュを用いた老化制御機構の解明
- 13A2020 HP1によるクロマチンダイナミクスの制御
- 14A2020 真核生物DNAミスマッチ修復の細胞周期制御
- 15A2020 がんゲノム医療に向けた小児がんの全ゲノム解析
- 16A2020 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
- 17A2020 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
- 18A2020 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
- 19A2020 遺伝子改変マウスの3次元筋骨格形態変化
- 20A2020 複製新生鎖クロマチン形成のAFM構造解析
- 21A2020 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
- 22A2020 琵琶湖固有魚ホンモロコ(Gnathopogon caerulescens)の配偶子形成
- 23A2020 マウスウィスカーシステムの発達遅延に関する分子遺伝学解析
- 24A2020 キンギョ体色の表現型に関する遺伝子変異の同定
- 25A2020 群性ヒドロ虫:ギンカクラグにおける群体形成様式の解明
- 26A2020 マイクロフォーカスX線CT装置を用いたヒラムシ類における交接器構造の形態学的研究
- 27A2020 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
- 28A2020 Mechanism of Mood Stabilizing Drug's Action to Explore New Avenues for Drug Target
- 29A2020 アトピー性皮膚炎モデルマウスを用いた病態メカニズム解明を目指したアプローチ—電気生理学的及び組織形態学的解析を用いて—
- 30A2020 Micro-CTイメージングを用いたハタンボ科魚類における発光器の構造比較
- 31A2020 遺伝子発現の多重検出によるイネ発生過程の遺伝学的解析
- 32A2020 イネ種子の休眠・発芽制御に関わる遺伝子の機能解析
- 33A2020 Identification of Vagal Reflex Circuits in Zebrafish
- 34A2020 植物細胞の成長極性を制御する微小管依存的なメカニズムの解析
- 35A2020 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
- 36A2020 高次クロマチン構造と動態のin vitro解析
- 37A2020 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質発現システムの確立
- 38A2020 アクチン細胞骨格の時空間制御技術の開発
- 39A2020 Molecular biology and Developmental biology
- 40A2020 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
- 41A2020 イネ胚乳発生機構に関する研究
- 42A2020 微小管切断機構の導管分化における機能解析
- 43A2020 薬剤性難聴の遺伝的要因と発症機構の解明
- 44A2020 マイクロCTを使った虫こぶ維管束の空間パターンの解明
- 45A2020 淡水イトヨにおける海水適応能喪失メカニズムの解明
- 46A2020 複数コピーゲノムの複製、遺伝様式の解明
- 47A2020 マウスの性成熟と社会性行動の関連解析
- 48A2020 アトピー性皮膚炎モデルマウスの慢性痒みメカニズムの解析
- 49A2020 雄マウスの遺伝的多様性と性行動の関連解析
- 50A2020 細菌染色体の複製因子、核様体因子、分配因子の細胞内タイムラプス動態解析
- 51A2020 ヒトゲノムにおけるDNA複製フォーク進行のプロファイリング
- 52A2020 Hi-C法を活用したメタゲノムピニング手法の開発
- 53A2020 交連軸索の腹側伸長制御機構の解明
- 54A2020 トランスポゾンを用いた新規のイネ花粉突然変異体の単離
- 55A2020 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
- 56A2020 Study of human leukocyte antigen (HLA) in Vietnamese ethnic groups
- 57A2020 Behavior and Genetic Variation of zebrafish in Myanmar
- 58A2020 幾何学的制御による微小管集団の動的な秩序形成メカニズムの解明
- 59A2020 Oryza属の野生イネにおける抗菌性二次代謝物質合成経路の進化
- 60A2020 Role of calcium signaling in lead-induced locomotor defect in developing zebrafish
- 61A2020 脳形成異常を伴う筋緊張低下に関する病態解明
- 62A2020 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
- 63A2020 野生由来マウス系統を用いた攻撃行動の個体差に関わる神経回路の解析

研究代表者

- 東京大学 理学系研究科 藤 泰子
- 立教大学 理学部 塩見大輔
- 東京大学 農学生命科学研究科 吉武和敏
- 熊本大学 国際先端医学研究機構 水野秀信
- 甲南大学 フロンティアサイエンス学部 川内敬子
- 東京理科大学 基礎工学部 生物工学科 西野達哉
- 埼玉大学 理工学研究科 川村哲規
- 静岡大学 理学部 塩尻信義
- 東京大学 大学院薬学系研究科 知念拓実
- 帯広畜産大学 グローバルアグロメティシ研究センター 後藤達彦
- 青山学院大学 理工学部 平田晋三
- 大阪大学 微生物病研究所 石谷 太
- 基礎生物学研究所 クロマチン制御研究部門 中山潤一
- 九州大学 理学研究院 高橋達郎
- 山口大学 大学院医学系研究科 早野崇英
- 東京大学 大学院新領域創成科学研究科 大谷美沙都
- 琉球大学 研究基盤センター 八木沢芙美
- 金沢大学 医薬保健研究域 医学系 細道一善
- 東京大学 大学院理学系研究科 茨原直道
- 埼玉医科大学 医学部中央研究施設 RI部門 日詰光治
- 大阪大学 大学院生命機能研究科 畠中由美子
- 立命館大学 薬学部 高田達之
- 帝京大学 医学部 解剖学講座 宮下俊雄
- 長浜バイオ大学 バイオサイエンス研究科 大森義裕
- 東京大学 理学系研究科附属臨海実験所 三浦 徹
- 北海道大学 理学研究院 柁原 宏
- 公立諏訪東京理科大学 工学部 来須孝光
- University of Madras, Medical Biochemistry, biochemical Genetics Unit Venugopal Bhuvaramurthy
- 富山大学 学術研究部 薬学・和漢系 歌 大介
- 名古屋大学 高等研究院 別所上原 学
- 東京大学 大学院農学生命科学研究科 伊藤純一
- 静岡大学 理学部 木野暁子
- Fred Hutchinson Cancer Research Center, Basic Sciences Division 兼子拓也
- 岡山大学 自然科学研究科 本瀬宏康
- 基礎生物学研究所 進化発生研究部門 森田慎一
- 東京大学 定量生命科学研究所 胡桃坂仁志
- 長崎大学 医学部共同利用研究センター 増本博司
- 京都大学 白眉センター 宮崎牧人
- Queen Marys College, Advanced Zoology and Biotechnology Brindha Devi Basker
- 理化学研究所 生命機能科学研究センター 清家泰介
- 名古屋大学 大学院生命農学研究科 服部束穂
- 名古屋大学 トランスフォーマティブ生命分子研究所 (ItbM) 中村匡良
- 国立成育医療研究センター ゲノム医療研究部 要 匡
- 京都府立大学 生命環境科学 武田征士
- 静岡大学 理学部 日下部 誠
- 理化学研究所 生命機能科学研究センター 大林龍胆
- 岡山大学 大学院自然科学研究科 坂本浩隆
- 京都薬科大学 薬理学分野 藤井正徳
- 神奈川大学 理学部 生物科学科 越智拓海
- 九州大学 薬学研究院 片山 勉
- 東北大学 学際科学フロンティア研究所 大学保一
- 東京工業大学 生命理工学院 伊藤武彦
- 順天堂大学 医学研究科 山内健太
- 秋田県立大学 生物資源科学 上田健治
- 東京医科歯科大学 医療データ科学推進室 神沼英里
- Institute of Genome Research, Human Genomics Lab Nguyen Thuy
- Mandalay University of Distance Education, Zoology Department Moe Thida Htway
- 九州大学 理学研究院 物理学部門 前多裕介
- 東京大学 生物生産工学研究センター 岡田憲典
- Southern Medical University, School of Public Health Meng Xiaojing
- 大阪府立病院機構大阪母子医療センター(研究所) 代謝部門 細木華奈
- 東京都医学総合研究所 依存性薬物プロジェクト 空井慎也
- 筑波大学 人間系 心理学域 高橋阿貴

※採択課題一覧

研究課題

64A2020	ゼブラフィッシュ骨芽細胞におけるカルシウムイオンの輸送機構
65A2020	Genetic analysis of genes required for embryogenesis in rice and maize
66A2020	侵害受容感覚を回避行動へと変換する神経回路の遺伝学的解析
67A2020	Induction and characterization of Hcn4-EGFP transgenic zebrafish for cardiac conductive system regeneration
68A2020	枯草菌のプロファージが介在する胞子形成期特異的遺伝子再編成
69A2020	ゲノムワイド・セントラルドグマ解析を基盤としたオルガネラ・細胞分裂増殖機構の解明
70A2020	新規モデル生物イペリアトゲイモリの活用に向けたゲノム情報の整備
71A2020	ポスト癌ゲノム革新的クリニカルシーケンスの確立と提唱のための基礎研究
72A2020	国立遺伝学研究所蔵資料に基づく研究所設立過程の研究
73A2020	種間交雑時における性染色体間の競争と置換メカニズム
74A2020	イネ染色体添加系統のゲノム機能解析
75A2020	人に能動的従順性を示す野生由来マウスにおける同種他個体に対する援助行動
76A2020	ゲノム不均等分配による環境適応仮説の検証
77A2020	Dissecting the molecular mechanism of tumor hypoxia in Oral Squamous Cell Carcinoma
78A2020	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
79A2020	発達過程の神経系におけるオートファジーと自閉スペクトラム症の関連の解析
80A2020	Shelf screen for zebrafish transgenic lines expressing in lateral line stem and progenitor cells
81A2020	Screening for transgenic fish with specific markers in the nervous system and the digestive system from gene trap and enhancer trap
82A2020	Interaction between CFH and WVF and their biological effects in WVF proteolysis by ADAMTS13
83A2020	Gal4-UASトランスジェニックゼブラフィッシュ系統を用いたストレス耐性に関わる脳領域の同定
84A2020	Functional Analysis of microRNAs using zebrafish transgenic lines for in vivo studies of cardiovascular development and disease
85A2020	Identification and characterization of genes involved in heart development using gene trap zebrafish lines.
86A2020	Calcium-imaging of brain activity in nicotine-seeking larval zebrafish

研究代表者

北里大学 一般教育部	和田浩則
University of Florida, Horticultural Sciences	Suzuki Masaharu
帝京科学大学 総合教育センター	小出哲也
University of Madras, chennai, India, Anatomy	Muhammed Ibrahim Sekar
法政大学 生命科学部	佐藤 勉
東京大学 大学院理学系研究科	吉田大和
広島大学 両生類研究センター	林 利憲
京都大学 医学(系)	上久保靖彦
国立科学博物館 理工学研究所	有賀暢迪
琉球大学 熱帯生物圏研究センター	山平寿智
横浜市立大学 木原生物学研究所	保坂 碧
関西学院大学 文学部	佐藤暢哉
愛知県心身障害者コロニー発達障害研究所 障害モデル研究部	吉崎嘉一
University of Madras, Genetics	Munirajan Arasambattu Kannan
理化学研究所 生命機能科学研究センター	田邊 彰
長岡技術科学大学 生物機能工学専攻	霧田 靖
Colgate University, Biology	Meyers Jason
Sichuan University, West China Hospital	Li Siying
University of Alabama at Birmingham, Pathology	Zheng Liang
Monash University Malaysia, School of Medicine and Health Sciences	Ogawa Satoshi
University of Madras, Department of Genetics	Balakrishnan Anandan
Wenzhou Medical University, Children's heart center, the Second Affiliated Hospital and Yuying Children's Hospital, Institute of Cardiovascular Development and Translational Medicine	Wen Bin
DePauw University, Department of Biology	Schneider Henning

共同研究 (B)

研究課題

1B2020	ガーナの巨大齧歯類グラスカッターの家畜化に向けたゲノム解析
2B2020	植物における新規環境ストレス応答因子の解明
3B2020	有胚乳種子の胚サイズを制御する胚、胚乳側要因の探索
4B2020	光遺伝学的運動ニューロン変性に惹起される多細胞応答ネットワーク機構の解明
5B2020	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

研究代表者

京都大学 野生動物研究センター	村山美穂
北海道大学 理学研究院	伊藤秀臣
吉備国際大学 農学部	松原健一郎
東京医科大学 ケミカルバイオロジー講座	浅川和秀
東北大学 大学院生命科学研究所	安齋 賢

国際共同研究

研究課題

1I2020	オミックス解析によるRGF1ペプチドの植物幹細胞の発生調節機構の解明
2I2020	Transgenic zebrafish for brain vascular research
3I2020	Molecular basis of adaptation to salinity heterogeneity in the sperm of teleost fishes
4I2020	Integration of in vivo, in vitro, and in silico analyses for microtubule aster movement and force generation

研究代表者

Academia Sinica	Yamada Masashi
University of Calgary	Childs Sarah
Netherlands Institute of Ecology	Rowe Melissa
Indian Institute of Science and Research (IISER)	Athale Chaitanya Anil

研究会

研究課題

1R2020	単細胞システムの複製と維持における生体高分子の機能
2R2020	ショウジョウバエ多様性研究会
3R2020	新家畜化学 一家畜化プロセスの遺伝子・神経・行動・内分泌学的解明
4R2020	クロマチン・細胞核の動的構造変換とエピジェネティック制御
5R2020	哺乳類脳の機能的神経回路の構築メカニズム
6R2020	Wnt研究会2020
7R2020	イネ分子遺伝学の未来
8R2020	流れと澁みを語る会2020
9R2020	転移因子と宿主の相互作用による生命機能と進化
10R2020	ゲノム医科学とバイオインフォマティクスの接点と集学研究
11R2020	染色体安定維持研究会
12R2020	都市の微生物群集
13R2020	昆虫におけるNGSおよびゲノムデータベース利用によるデータ解析
14R2020	微生物バイオプロダクションー生理機能・代謝の理解と応用
15R2020	日本列島人の起源と成立をゲノム情報から探る
16R2020	コンパニオンアニマルのゲノム医療

研究代表者

京都大学 ウイルス・再生医学研究所	秋山芳展
杏林大学 医学部	栗崎 健
麻布大学 獣医学部	菊水健史
基礎生物学研究所 クロマチン制御研究部門	中山潤一
国立遺伝学研究所 神経回路構築研究室	岩里琢治
基礎生物学研究所 分子発生学研究部門	三井優輔
東京大学 大学院農学生命科学研究科	伊藤純一
名古屋大学 大学院医学系研究科	宮田卓樹
名古屋大学 生命農学研究科	一柳健司
国立遺伝学研究所 人類遺伝研究室	井ノ上逸朗
理化学研究所 生命機能科学研究センター	平谷伊智朗
慶應義塾大学 環境情報学部	鈴木治夫
農業・食品産業技術総合研究機構 生物機能利用研究部門	横井 翔
東京工業大学 生命理工学院	平沢 敬
国立遺伝学研究所 集団遺伝研究室	高藤成也
国立遺伝学研究所 大量遺伝情報研究室	中村保一

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	'20.07.01～'21.03.31
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～'21.03.31
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
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～'21.12.31
名古屋市立大学	肺線維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～'21.03.31
北海道大学	骨細胞特異的アルカリフォスターゼ, ENPP1 過剰発見マウス骨組織における組織学的検索	発生工学研究室 教授 相賀裕美子 助教 安島理恵子	'20.04.15～'21.03.31
国立医薬品食品衛生研究所	ハイパーアクティブティマウスのバイタル測定	発生工学研究室 教授 相賀裕美子 助教 安島理恵子	'20.09.01～'21.03.31
国立医薬品食品衛生研究所	後根神経節特異的にD111細胞内ドメインを異所発現するマウスの作製	発生工学研究室 教授 相賀裕美子 助教 安島理恵子	'20.09.01～'21.03.31
理化学研究所/新潟大学	筋萎縮性側索硬化症の早期診断を目的としたバイオマーカーの探索	遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂	'20.11.17～'23.03.31
台湾中央研究院農業生物科学センター	シロイヌナズナ根発生帯における高温誘導性選択的スプライシングアイソフォームの機能の解明	先端ゲミクス推進センター 教授 豊田 敦	'20.11.01～'21.12.31
大阪大学	双生児のエピゲノム情報と臨床検査値に基づいた、生活習慣病に影響する環境因子の解明	ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕	'20.12.14～'21.12.13
理化学研究所/東京大学	HPV持続感染と子宮頸癌発癌機構の解明	遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂	'20.12.18～'23.03.31
東京都立松沢病院/東京都医学総合研究所	国内SARS-CoV-2ゲノムの解読および新規検出手法の開発に関する共同研究	人類遺伝研究室 教授 井ノ上逸朗	'20.09.14～'23.03.31

その他民間等との共同研究27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	ゲムダイナミクス研究室 教授 前島一博	'15.10.01～'21.09.30
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バ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 特任准教授 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	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～'22.03.31
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～'22.03.31
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～'22.03.31
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～'22.03.31
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 特任准教授 櫻井 望	'18.06.01～'22.03.31
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～'21.03.31
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～'21.03.31
日本医療研究開発機構	モデル生物コーディネーティングネットワークによる希少・未診断疾患メカニズム解析	人類遺伝研究室 教授 井ノ上逸朗	'17.11.14～'21.03.31
名古屋市立大学(日本医療研究開発機構)	次世代シーケン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～'21.03.31
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～'21.03.31

委託者	研究課題（研究題目）	研究代表者	契約期間
名古屋大学（日本医療研究開発機構）	ゲノム不安定性疾患群を中心とした希少難治性疾患の次世代マルチオミクス解析拠点構築	大量遺伝情報研究室 教授 中村保一	'20.04.01～'21.03.31
京都大学（日本医療研究開発機構）	日本人の糖尿病・肥満症発症予防に対する褐色脂肪組織の役割および制御因子の解明	生命ネットワーク研究室 特任准教授 櫻井 望	'20.06.29～'21.03.31
京都大学（日本医療研究開発機構）	成長期の栄養履歴が後期ライフステージに与える機能低下のメカニズム	生命ネットワーク研究室 特任准教授 櫻井 望	'20.04.01～'21.03.31
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
農業・食品産業技術総合研究機構	食を通じた健康システムの確立による健康寿命の延伸への貢献	ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕 生命ネットワーク研究室 特任准教授 櫻井 望	'18.11.09～'21.03.31
農業・食品産業技術総合研究機構	バイオ・デジタルデータ統合流通基盤の構築	ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕	'18.11.07～'21.03.31
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～'22.03.31
科学技術振興機構	ゲノム編集・移植技術による早期養殖魚品種の系統化	小型魚類遺伝研究室 准教授 酒井則良	'19.11.01～'22.03.31
科学技術振興機構	低CO ₂ と低環境負荷を実現する微細藻バイオファイナリーの創出に関する大学共同利用機関法人情報・システム研究機構による研究開発	共生細胞進化研究室 教授 宮城島進也	'20.04.01～'22.03.31
科学技術振興機構	西アフリカの環境保護と食の安全を目指した巨大齧歯類グラスカッターの家畜化推進	マウス開発研究室 准教授 小出 剛	'20.04.01～'21.03.31
科学技術振興機構	種分化を規定するゲノム構造	生態遺伝学研究室 教授 北野 潤	'20.11.01～'22.03.31
科学技術振興機構	近縁種免疫不全成魚へのクロマグロ生殖幹細胞移植による早期配偶子産生	小型魚類遺伝研究室 准教授 酒井則良	'20.12.01～'22.03.31
科学技術振興機構	野生遺伝資源を活用したイネ科新奇食糧資源の開拓	植物遺伝研究室 教授 佐藤 豊	'20.11.01～'22.03.31
科学技術振興機構	野生イネが持つ花序形態環境可塑性の解明	植物遺伝研究室 博士研究員 懸 歩美	'20.12.01～'22.03.31
科学技術振興機構	野生イネ種子における二次代謝産物を介した植物-微生物間相互作用の分子基盤の解明	植物遺伝研究室 特任研究員 吉田悠里	'20.12.01～'22.03.31
国立国際医療研究センター（AMED）	クラウド計算環境を利用したゲノム医科学研究の倫理・技術課題の調査と実践	生命情報・DDBJセンター 特任准教授 小笠原 理	'20.04.01～'21.03.31
国立国際医療研究センター（AMED）	生命情報・DDBJセンターにおけるゲノム分析体制の構築に向けた解析基盤の連携及びデータ共有の推進に向けた検証	生命ネットワーク研究室 教授 有田正規	'20.04.01～'21.03.31
京都大学（AMED）	iPS細胞を用いた希少疾患の研究促進のための研究者マッチング	人類遺伝研究室 教授 井ノ上逸朗	'20.08.25～'21.03.31
産業技術総合研究所（AMED）	新型コロナウイルス等感染症の精確な検査を可能にする極微量RNAの超高感度増幅検出技術（RT-PCR）の開発	先端ゲノミクス推進センター 特任教員 馬場知哉	'20.09.18～'21.03.31
日本学術振興会	神経科学分野に関する学術的動向—分子、細胞、個体、集団レベルおよび神経科学分野にまたがる学際的研究—	脳機能研究室 教授 平田たつみ	'19.04.01～'21.03.31
日本ソフトウェアマネジメント	ミトコンドリアDNAデータを用いた系統解析に関する研究	人類遺伝研究室 教授 井ノ上逸朗	'20.04.01～'20.06.30
日本ソフトウェアマネジメント	ミトコンドリアDNAデータを用いた多型解析に関する研究	人類遺伝研究室 教授 井ノ上逸朗	'20.12.14～'21.02.28
㈱リパネス	パイオインフォマティクス人材に必要なスキルの抽出と育成系の策定	生命ネットワーク研究室 教授 有田正規	'20.02.01～'21.03.31
科学技術振興機構	超高感度ウイルス計測に基づく感染症対策データ基盤	生命ネットワーク研究室 教授 有田正規	'21.02.01～'22.03.31

2020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	'20.04.01～'21.03.31
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	'20.04.01～'21.03.31
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	'20.04.01～'21.03.31
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	'20.04.01～'21.03.31
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	'20.04.01～'21.03.31
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	'20.04.01～'21.03.31
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	'20.04.01～'21.03.31
日本医療研究開発機構	Oryza属に関するゲノム情報整備Ⅱ	植物遺伝研究室 教授 佐藤 豊	'20.04.10～'21.03.31
日本医療研究開発機構	日本産疾患モデルマウス系統の長鎖解読によるゲノム情報整備（日本産疾患モデルマウス系統のゲノム解読）	比較ゲノム研究室 特任教授 豊田 敦	'20.04.10～'21.03.31

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11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。2021年度は、国立遺伝学研究所国際シンポジウム“Genome Concept Centennial Symposium”をオンラインにて開催しました。

国内外の研究者が最新の研究成果について講演し、活発な質疑応答が行われました。

シンポジウムウェブサイト:

http://molevo.sakura.ne.jp/DnaData_lab/GCC2021.html

- 会期: 2021年2月15-17日
- オンライン

■ NIG International Symposium

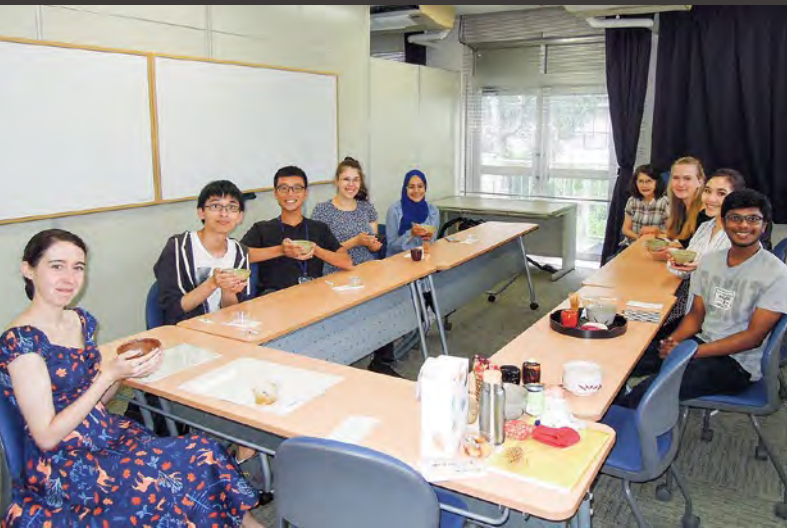
Every year National Institute of Genetics (NIG) organizes an international symposium of various fields of biology and genetics to promote research and academic interactions among researchers from NIG, Japan, and all over the world. In FY2021, “Genome Concept Centennial Symposium” was held.

International and domestic invited lecturers and NIG researchers gave lectures on their latest research, and active question and answer sessions took place.

Symposium website:

http://molevo.sakura.ne.jp/DnaData_lab/GCC2021.html

- Date: February 15-17, 2021
- Zoom



■ 英語での研究・生活のサポート

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



■ 国外出身の研究者・留学生

遺伝研には長期、短期様々な形で国外出身の教員・研究者や留学生（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、2021年2月現在で36名（内留学生が23名）。出身地についてみると、多い順にインド、カザフスタン（各5名）、中国、ベトナム（各3名）で、続いてマレーシア、英国、韓国、スペイン、パキスタン、メキシコから2名ずつ。さらにロシア、フランス、米国、台湾、フィリピン、ガーナ、バングラデシュ、シリアから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者・留学生等を迎え、地図も一層賑やかになっています。新型コロナウイルスに見舞われた2020年は、オンラインでの交流会となりました。



■ 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 36 international members (including 23 students of the Department of Genetics, SOKENDAI) as of February 2021. They are from India/Kazakhstan (5 members from each), China/Vietnam (3 members from each), Malaysia/UK/Korea/Spain/Pakistan/Mexico (2 members from each) and Russia/France/USA/Taiwan/Philippines/Ghana/Bangladesh/Syria (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. In the year 2020, the gathering was held online due to the outbreak of the novel coronavirus disease.



Activities and Events for Research Promotion

研究を促進するための活動と行事

▶ Activities for Research Promotion

研究を促進するための活動



NIG Colloquium
内部交流セミナー



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

■ 内部交流セミナー

研究所内における研究成果を発表し、討論する会で、毎週金曜日に開かれます。教員による発表の他、D5 プロ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



Open House
一般公開



Public Lecture Presented by Dr. MIYAGISHIMA, Shin-ya
公開講演会 宮城島進也 教授講演

■ 研究所の一般公開

科学技術週間における行事の一環として、毎年4月上旬に各研究部門の展示や学術講演を行い、研究所の一部を一般の方々に公開しています。2020年は新型コロナウイルス感染症拡大防止のため中止となりました。

■ 公開講演会

年1回、東京地区を中心に本研究所教員を講師として、一般の方々に対象に遺伝学公開講演会を開催しています。2020年はオンラインで開催されました。

● 2020年講演タイトル

オープンデータが変える生物学 / 有田正規 教授

微細藻類で探る生命進化と社会実装 / 宮城島進也 教授

■ Open House

As one of the events of the Science and Technology Week, NIG opens its grounds and facilities to the public. Visitors attend exhibits and special lectures as well as enjoying cherry blossoms in the campus. The open house 2020 was unfortunately cancelled due to the prevention of Covid-19.

■ Public Lecture

Once every autumn, NIG holds a public lecture in Tokyo, presented by its faculty. The NIG public lecture 2020 was held online.



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「分子進化学」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

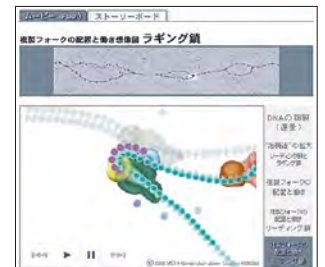
ゲノムプロジェクトにより、生命現象の基本プログラムの詳細な姿を明らかにするための基礎となる「情報」が日々蓄積されています。それらは、ゲノムの構造と密接に関連した生物情報知識ベースとしてコンピュータ化され、バイオサイエンス研究の基盤情報として広く使われているのです。

■ 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 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リジカルシンポジウムが毎週のように開かれ、活発な論議が行われています。セミナー演者と大学院生との昼食会に参加すれば、あこがれの研究者と実際に会って個人的に話をすることができます。

■ 複数教員による教育制度

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

■ Diverse Courses and Frequent Seminars

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

■ Team Teaching

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



■ 研究者間の活発な交流

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

■ 生命科学リトリート

総研大の生命科学研究科は、遺伝研を基盤機関とする遺伝学専攻、岡崎の生理研、基生研を基盤機関とする生理科学専攻、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。入学料、授業料については、経済的理由により納付が困難で、かつ学業優秀な者等に対し、入学後選考のうえ、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。

■ 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)。

■ 科学プレゼンテーションの授業

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

https://www.nig.ac.jp/jimu/soken/courses/OSC/OSC_1.html

■ 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。

■ 森島奨励賞と森島啓子プロGRESS賞

優秀な研究成果を発表して学位を取得した学生には、その研究内容を称えて「森島奨励賞」が贈られます。また生命科学プロGRESSポスター発表会において、研究に鋭意努力する学生に、激励の意味を込めて「森島啓子プロGRESS賞」を授与しています。

■ 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.

■ 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/soken/courses/OSC/OSC_1.html

■ 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.

■ Morishima Award and Hiroko Morishima Progress Award

The Morishima Award is given to students who receive a doctoral degree with outstanding performance. At the Life Science Progress Poster Presentation, the Hiroko Morishima Progress Award is given to students who eagerly make an effort in research.



▶ Research Internship

体験入学プログラム

■ 学部学生のための遺伝研体験プログラム

遺伝研では学部学生のための「体験入学プログラム」を実施しています。1週間程度、遺伝研の宿泊施設に泊まり込み、実験、セミナー参加など、たくさんのプログラムで遺伝研の研究生活を体験することができます。旅費・宿泊費は遺伝研から支給されます。

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/phd-program/taiken/>

■ Undergraduate Research Internships at NIG

NIG offers a 6-week undergraduate research internship program for international students who wish to gain experience in scientific lab work. Each intern will join ongoing research projects in a world class research group, and will be provided with latitude as well as responsibility to conduct “real” research, i.e. something that no one in the world has done before. Interns also participate in various departmental activities, such as lectures for our graduate students, journal clubs, and seminars by outstanding researchers in and out of NIG. Japanese lessons are also available. Stipend will be provided to cover travel and living expenses. If you want to find out what it is like to do research, this is the best way to spend a summer.

<https://www.nig.ac.jp/jimu/sokei/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.



Identification of ancient viruses from metagenomic data of the Jomon people.

Nishimura L, Sugimoto R, Inoue J, Nakaoka H, Kanzawa-Kiriyama H, Shinoda KI, Inoue I. J Hum Genet. 2021 Mar;66(3):287-296.

西村瑠佳 NISHIMURA, Ruka

▶ Programs to Host Researchers

遺伝研で研究しよう

遺伝研は、他大学の大学院生の教育にも貢献しています。遺伝学またはこれに関連する学問分野を専攻している大学院生（修士・博士課程）であれば、「特別共同利用研究員」として遺伝研で研究することが可能です。授業料などの費用はかかりません。そのほか、企業に所属しながら遺伝研で研究する「受託研究員」制度や、大学卒業の資格で遺伝研で研究する「遺伝研研究生」の制度もあります。詳細は以下 URL をご覧ください。

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/about-nig/how-to/>

NIG accepts students who belong to other graduate programs (master's course or doctor's course) and provides research environment at the Institute. NIG also offers ample opportunity for post-graduate education and international exchanges. In addition to institutionally-funded postdoc positions (NIG postdoctoral fellow), one can also work at NIG through externally-funded postdoc grants (MEXT and JSPS Programs) or grants to individual laboratory. In addition, NIG welcomes sabbatical stays of foreign faculty. Please contact your proposed mentor/host/hostess for details on the programs.

NIG Data

遺伝研データ



Management

(2021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.

上村 匡 UEMURA, Tadashi	京都大学大学院生命科学研究所教授 Professor, Graduate School of Biostudies, Kyoto University	高橋 智 TAKAHASHI, Satoru	筑波大学医学医療系教授 Professor, Faculty of Medicine, University of Tsukuba
漆原秀子 URUSHIHARA, Hideko	筑波大学名誉教授 Professor Emeritus, University of Tsukuba	田畑哲之 TABATA, Satoshi	かずさDNA研究所長 Director, Kazusa DNA Research Institute
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	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
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	本橋ほづみ MOTOHASHI, Hozumi	東北大学加齢医学研究所副所長 Deputy Director, Institute of Development, Aging and Cancer, Tohoku University
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	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
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		(所外委員)

仁木宏典 NIKI, Hironori	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	斎藤成也 SAITOU, Naruya	ゲノム・進化研究系教授 Professor, Department of Genomics and Evolutionary Biology
相賀裕美子 SAGA, Yumiko	副所長 Vice-Director	澤 斉 SAWA, Hitoshi	新分野創造センター長 Head, Center for Frontier Research	北野 潤 KITANO, Jun	ゲノム・進化研究系教授 Professor, Department of Genomics and Evolutionary Biology
黒川 顕 KUROKAWA, Ken	副所長 Vice-Director	大久保公策 OKUBO, Kousaku	情報研究系教授 Professor, Department of Informatics	川上浩一 KAWAKAMI, Koichi	遺伝形質研究系教授 Professor, Department of Gene Function and Phenomics
岩里琢治 IWASATO, Takuji	遺伝形質研究系研究主幹 Head, Department of Gene Function and Phenomics				(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, Mitsuhiko

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

(所外委員) Non-NIG members

上村 匡 京都大学大学院生命科学系研究科教授
UEMURA, Tadashi Professor, Graduate School of Biostudies, Kyoto University
菅野純夫 千葉大学未来医療教育研究機構特任教授
SUGANO, Sumio Professor, Future Medicine Education and Research Organization, Chiba University
塩見美喜子 東京大学大学院理学系研究科教授
SIOMI, Mikiko Professor, Graduate School of Sciences, The University of Tokyo

(所内委員) NIG members

澤 齊 新分野創造センター長
SAWA, Hitoshi Head, Center for Frontier Research
相賀裕美子 副所長
SAGA, Yumiko Vice-Director
佐藤 豊 ゲノム・進化研究系教授
SATO, Yutaka Professor, Department of Genomics and Evolutionary Biology
鐘巻将人 遺伝メカニズム研究系教授
KANEMAKI, Masato Professor, Department of Chromosome Science

(2021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 頌 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 頌 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 頌 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 DBDJ	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		

(2020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)

伊藤隆司 ITO, Takashi	九州大学大学院医学研究院教授 Professor, Graduate School of Medical Sciences, Kyushu University	平井優美	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
伊藤 剛	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	HIRAI Yokota, Masami	Team Leader, RIKEN Center for Sustainable Resource Science
ITOH, Takeshi	Leader, Advanced Analysis Center National Agriculture and Food Research Organization	星 潤一	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
笠原雅弘	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	HOSHI, Junichi	Director, Department of Planning and Management, NBDC Japan Science and Technology Agency
KASAHARA, Masahiro	Associate Professor, Department of Computational Biology and Medical Science, Graduate School of Frontier Science, The University of Tokyo	松岡 聡	理化学研究所計算科学研究センター長
菅野純夫	千葉大学未来医療教育研究機構特任教授	MATSUOKA, Satoshi	Director, RIKEN Center for Computational Science
SUGANO, Sumio	Professor, Future Medicine Education and Research Organization, Chiba University	水島 洋	国立保健医療科学院研究情報支援センター長
二階堂 愛	東京医科歯科大学難治疾患研究所ゲノム応用医学部門ゲノム機能情報分野教授	MIZUSHIMA, Hiroshi	Director of Center for Public Health Informatics, National Institute of Public Health
NIKAIDO, Itoshi	Department of Functional Genome Informatics, Division of Medical Genomics, Medical Research Institute, Tokyo Medical and Dental University		

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 静岡大学理学部教授
SHIOJIRI, Nobuyoshi 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 宮崎大学農学部畜産草地科学科教授
AKASHI, Ryo Professor, Department of Animal and Grassland Science, Miyazaki University

浅野雅秀 京都大学大学院医学研究科附属動物実験施設教授
ASANO, Masahide Professor, Institute of Laboratory Animals, Graduate School of Medicine, Kyoto University

荒木喜美 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
ARAKI, Kimi Professor, Division of Developmental Genetics, Institute of Resource Development and Analysis, Kumamoto University

射場 厚 九州大学大学院理学研究院主幹教授
IBA, Koh Professor, Faculty of Science, Kyushu University

江面 浩 筑波大学生命環境系教授
EZURA, Hiroshi Professor, Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba

大熊盛也 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
OHKUMA, Moriya Head, Microbe Division, RIKEN BioResource Research Center

小笠原直毅 奈良先端科学技術大学院大学名誉教授
OGASAWARA, Naotake Professor Emeritus, Nara Institute of Science and Technology

岡本 仁 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
OKAMOTO, Hitoshi Team Leader, Neural Circuit Dynamics of Decision Making, RIKEN Center for Brain Science

荻野 肇 広島大学両生類研究センター教授
OGINO, Hajime Professor, Amphibian Research Center, Hiroshima University

小幡裕一 理化学研究所バイオリソース研究センター特別顧問
OBATA, Yuichi Special Advisor, RIKEN BioResource Research Center

上村陽一郎 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
KAMIMURA, Yoichiro Senior Research Scientist, Laboratory for Cell Signaling Dynamics, RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research

河地正伸 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
KAWACHI, Masanobu Head, Biodiversity Resource Conservation Office, Center for Environmental Biology and Ecosystem Studies, National Institute for Environmental Studies

川原信夫 医薬基盤・健康・栄養研究所薬用植物資源研究センター長
KAWAHARA, Nobuo Director, Research Center for Medical Plant Resources, National Institutes of Biomedical Innovation, Health and Nutrition

北柴大泰 東北大学大学院農学研究所教授
KITASHIBA, Hiroyasu Professor, Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University

草場 信 広島大学大学院総合生命科学研究所附属植物遺伝子保管実験施設長
KUSABA, Makoto Director, Laboratory of Plant Chromosome and Gene Stock, Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University

小林正智 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
KOBAYASHI, Masatomo Head, Experimental Plant Division, RIKEN BioResource Research Center

小原有弘 医薬基盤・健康・栄養研究所培養資源研究室研究リーダー
KOHARA, Arihiro Project Leader, Laboratory of Cell Cultures, National Institutes of Biomedical Innovation, Health and Nutrition

笹倉靖徳 筑波大学下田臨海実験センター長
SASAKURA, Yasunori Director, Shimoda Marine Research Center, University of Tsukuba

佐藤和広 岡山大学資源植物科学研究所教授
SATO, Kazuhiro Professor, Institute of Plant Science and Resources, Okayama University

城石俊彦 理化学研究所バイオリソース研究センター長
SHIROISHI, Toshihiko Director, RIKEN BioResource Research Center

神野浩二 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
JINNO, Koji Director, Culture Collection Division, Biological Resource Center, National Institute of Technology and Evaluation

末盛博文 京都大学ウイルス・再生医学研究所准教授
SUEMORI, Hirofumi Associate Professor, Laboratory of Embryonic Stem Cell Research, Institute for Frontier Life and Medical Sciences, Kyoto University

杉山峰崇 大阪大学大学院工学研究科准教授
SUGIYAMA, Minetaka Associate Professor, Graduate School of Engineering, Osaka University

高野敏行 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
TAKANO, Toshiyuki Head, Department of Drosophila Genomics and Genetic Resources, Kyoto Institute of Technology

田中香お里 岐阜大学科学研究基盤センター嫌気性菌研究分野教授
TANAKA, Kaori Professor, Division of Anaerobe Research, Life Science Research Center, Gifu University

中桐 昭 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
NAKAGIRI, Akira Professor, Fungus/Mushroom Resource and Research Center, Faculty of Agriculture, Tottori University

中村克樹 京都大学霊長類研究所教授
NAKAMURA, Katsuki Professor, Cognitive Neuroscience Section, Primate Research Institute Kyoto University

中村太郎 大阪市立大学大学院理学研究科教授
NAKAMURA, Taro Professor, Graduate School of Science, Osaka City University

中村幸夫 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
NAKAMURA, Yukio Head, Cell Engineering Division, RIKEN BioResource Research Center

長村登紀子 東京大学医科学研究所附属病院セルプロセッシング・輸血部准教授
NAGAMURA, Tokiko Associate Professor, Department of Cell Processing and Transfusion, Cell Resource Center, The Institute of Medical Science, The University of Tokyo

成瀬 清 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
NARUSE, Kiyoshi Project Professor, Laboratory of Bioresources, Evolutionary Biology and Biodiversity, National Institute for Basic Biology

仁田坂英二 九州大学大学院理学研究院准教授
NITASAKA, Eiji Associate Professor, Department of Biology, Faculty of Sciences, Kyushu University

仁藤伸昌 近畿大学生物理工学部地域交流センター長
NITO, Nobumasa Director, Regional Exchange Center, Faculty of Biology-Oriented Science and Technology, Kindai University

伴野 豊 九州大学大学院農学研究院附属遺伝子資源開発研究センター教授
BANNO, Yutaka Professor, Institute of Genetic Resources, Faculty of Agriculture, Kyushu University

福田裕穂 東京大学未来ビジョン研究センター特任教授
FUKUDA, Hiroo Project Professor, Institute for Future Initiatives, The University of Tokyo

藤島政博 山口大学大学院創成科学研究科教授(特命)
FUJISHIMA, Masahiro Specially Appointed Professor, Graduate School of Sciences and Technology for Innovation, Yamaguchi University

細矢 剛 国立科学博物館植物研究部菌類・藻類研究グループ長
HOSOYA, Tsuyoshi Chief Curator, Division of Fungi and Algae, Department of Botany, National Museum of Nature and Science

榎屋啓志 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
MASUYA, Hiroshi Head, Integrated Bioresource Information Division, RIKEN BioResource Research Center

松居靖久 東北大学加齢医学研究所医用細胞資源センター教授
MATSUI, Yasuhisa Professor, Cell Resource Center for Biomedical Research, Institute of Development, Aging and Cancer, Tohoku University

松田 勝 宇都宮大学バイオサイエンス教育研究センター教授
MATUSUDA, Masaru Professor, Center for Bioscience Research and Education, Utsunomiya University

三谷昌平 東京女子医科大学医学部生理学講座教授
MITANI, Shohei Professor, Department of Physiology, Tokyo Women's Medical University School of Medicine

森 郁恵 名古屋大学大学院理学研究科附属ニューロサイエンス研究センター長
MORI, Ikue Director, Nagoya University Neuroscience Institute of the Graduate School of Science

矢口貴志 千葉大学真菌医学研究センター准教授
YAGUCHI, Takashi Associate Professor, Medical Mycology Research Center, Chiba University

湯本貴和 京都大学霊長類研究所長
YUMOTO, Takakazu Director, Primate Research Institute, Kyoto University

吉木 淳 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
YOSHIKI, Atsushi Head, Experimental Animal Division, RIKEN BioResource Research Center

渡辺敦史 九州大学大学院農学研究院准教授
WATANABE, Atsushi Associate Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University

川口健太郎 農業・食品産業技術総合研究機構遺伝資源センター長
KAWAGUCHI, Kentaro Director, Genetic Resources Center, National Agriculture and Food Research Organization

寺内良平 京都大学大学院農学研究科教授
TERAUCHI, Ryohei Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University

西島謙一 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
NISHIJIMA, Kenichi Director, Avian Bioscience Research Center, Nagoya University Graduate School of Bioagricultural Sciences

三輪佳宏 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長
MIWA, Yoshihiro Head, Gene Engineering Division, RIKEN BioResource Research Center

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	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
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	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
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	米川博通 YONEKAWA, Hiromichi	東京都医学総合研究所特別客員研究員 Felloeship Researcher, Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science
木南 凌 KOMINAMI, Ryo	新潟大学医学部名誉教授 Professor Emeritus, School of Medicine, Niigata University	若林雄一 WAKABAYASHI, Yuichi	千葉県がんセンター研究開発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
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	佐渡 敬 SADO, Takashi	近畿大学農学部生物機能科学科教授 Professor, Faculty of Agriculture, Kindai University
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	佐藤和広 SATO, Kazuhiro	岡山大学資源植物科学研究所教授 Professor, Institute of Plant Science and Resources, Okayama University
井澤 毅 IZAWA, Takeshi	東京大学大学院農学生命科学研究科教授 Professor, Graduate School of Agricultural Life sciences, The University of Tokyo	辻 寛之 TSUJI, Hiroyuki	横浜市立大学木原生物学研究所准教授 Associate Professor, Kihara Institute for Biological Research, Yokohama City University
石井尊生 ISHII, Takashige	神戸大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agricultural Science, Kobe 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
石川隆二 ISHIKAWA, Ryuji	弘前大学農学生命科学部教授 Professor, Faculty of Agriculture and Life Science, Hirosaki University	土井一行 DOI, Kazuyuki	名古屋大学大学院生命農学研究科准教授 Associate Professor, Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University
江花薫子 EBANA, Kaworu	農業・食品産業技術総合研究機構遺伝資源センター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	土門英司 DOMON, Eiji	農業・食品産業技術総合研究機構遺伝資源センター調整室上級研究員 Principal Researcher, Management section, Genetic Resources Center, National Agriculture and Food Research Organization
奥本 裕 OKUMOTO, Yutaka	摂南大学農学部教授 Professor, Faculty of Agriculture, Setsunan 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科教授 Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University
久保眞彦 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科教授 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
小出陽平 KOIDE, Yohei	北海道大学大学院農学研究科助教 Assistant Professor, Research Faculty of Agriculture, Hokkaido 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・再生医科学研究科教授 Professor, Institute for Frontier Life and Medical Sciences, Kyoto University	佐藤 勉 SATO, Tsutomu	法政大学生命科学部教授 Professor, Department of Frontier Bioscience, Hosei University
板谷光泰 ITAYA, Mitsuhiro	信州大学工学部特任教授 Specially Appointed Professor, Faculty of Engineering, Shinshu University	関根靖彦 SEKINE, Yasuhiko	立教大学理学部教授 Professor, College of Science, Rikkyo University
伊藤維昭 ITO, Koreaki	京都大学名誉教授 Professor Emeritus, Kyoto 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	矢口眞志 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	久留米大学医学部教授 Professor, Department of infectious medicine, Kurume University School of Medicine	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	日本大学副学長・法学部長 Vice President, Dean, College of Law Professor, Nihon University	坂本由紀子 SAKAMOTO, Yukiko	三島信用金庫顧問, 学校法人ねむの木学園監事 Adviser, Mishima Shinkin Bank Auditor, Nemunoki-Gakuen
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		

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	日本大学副学長・法学部長 Vice President, Dean, College of Law Professor, Nihon University	坂本由紀子 SAKAMOTO, Yukiko	三島信用金庫顧問, 学校法人ねむの木学園監事 Adviser, Mishima Shinkin Bank Auditor, Nemunoki-Gakuen
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		

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 Biology, 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	9	Associate Professors
助教	25	Assistant Professors
客員教授	6	Visiting Professors
小計 (所長、客員教授を除く)	56	(excluding Director - General and Visiting Professors) Subtotal
管理部	17	Administration Staffs
技術課	12	Technicians
合計 (所長、客員教授を除く)	85	(excluding Director - General and Visiting Professors) Total

(2021年4月1日現在)

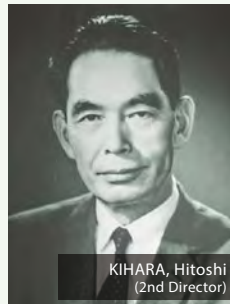
- 1949年 6月1日 文部省所轄研究所として設置
庶務部及び3研究部で発足
- 8月10日 小熊 捍 初代所長就任
- 1953年 1月1日 研究部を形質遺伝部、細胞遺伝部、
生理遺伝部に改組
- 8月1日 生化学遺伝部設置
- 1954年 7月1日 応用遺伝部設置
- 1955年 9月15日 変異遺伝部設置
- 10月1日 木原 均 第2代所長就任



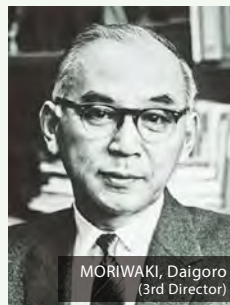
- 1960年 4月30日 人類遺伝部設置
- 1962年 4月1日 微生物遺伝部設置
- 1964年 4月1日 集団遺伝部設置
- 1969年 4月1日 森脇大五郎 第3代所長就任、
分子遺伝部設置
- 1974年 4月1日 植物保存研究室設置
- 1975年 3月1日 田島彌太郎 第4代所長就任
- 10月1日 遺伝実験生物保存研究施設動物保存
研究室設置
- 1976年 10月1日 遺伝実験生物保存研究施設微生物保
存研究室設置
- 1983年 10月1日 松永 英 第5代所長就任
- 1984年 4月12日 大学共同利用機関に改組 遺伝実験
生物保存研究センター（哺乳動物保
存・無脊椎動物保存・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）、実験農場設置
- 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）



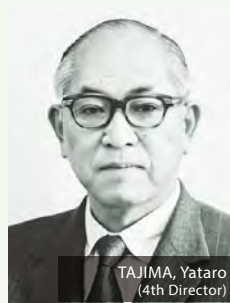
OGUMA, Kan
(1st Director)



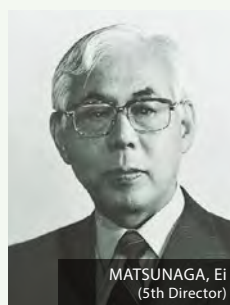
KIHARA, Hitoshi
(2nd Director)



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

		(マウス系統研究分野哺乳動物遺伝研究室・発生工学研究室、イネ系統研究分野植物遺伝研究室、大腸菌系統研究分野原核生物遺伝研究室、無脊椎動物系統研究分野無脊椎動物遺伝研究室の5研究室振替) 生物遺伝資源情報総合センター設置(系統情報研究室振替、生物遺伝資源情報研究室設置)			
	10月1日	堀田凱樹 第7代所長就任			
1998年	4月9日	個体遺伝研究系に初期発生研究部門を設置、総合遺伝研究系に脳機能研究部門を設置		1998	Oct. 1 Apr. 9
2001年	4月1日	生命情報・DDBJ研究センター設置(生命情報研究センターの改組)(分子分類研究室振替、データベース運用開発研究室設置、遺伝子発現解析研究室設置)		2001	Apr. 1
2002年	4月1日	系統生物研究センターに遺伝子改変系統開発研究分野マウス開発研究室、小型魚類開発研究室を設置		2002	Apr. 1
2003年	4月1日	分子遺伝研究系に分子機構研究室、系統生物研究センターに新分野創造研究室、生物遺伝資源情報総合センターに比較ゲノム解析研究室、広報知財権研究室を設置		2003	Apr. 1
2004年	4月1日	大学共同利用機関法人情報・システム研究機構国立遺伝学研究所設置			
	12月1日	小原雄治 第8代所長就任			
2005年	4月1日	知的財産室を設置(2018年4月1日付産学連携・知的財産室に改称)		2005	Apr. 1
2006年	4月1日	新分野創造センター設置(細胞系譜研究室、神経形態研究室、細胞建築研究室設置)			
2011年	10月1日	先端ゲノミクス推進センター設置		2005	Dec. 1
2012年	4月1日	研究センターの改組、共同利用事業センター(生物遺伝資源センター、DDBJセンター)、支援センター(情報基盤ユニット、マウス研究支援ユニット)を設置		2006	Apr. 1
	12月1日	桂 勲 第9代所長就任			
2014年	4月1日	リサーチ・アドミニストレーター室を設置		2011	Oct. 1
2015年	4月1日	動物飼育実験施設を設置、女性研究者活動支援室を設置(2017年4月1日付男女共同参画推進室に改称)		2012	Apr. 1
2018年	12月1日	花岡文雄 第10代所長就任			
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)、実験圃場、放射線・RIセンターを廃止。新たに、4つの研究系(情報研究系、ゲノム・進化研究系、遺伝形質研究系、遺伝メカニズム研究系)を設置。共同利用事業センターであるDDBJセンターを生命情報・DDBJセンターに名称変更。支援センターの改組(放射線・アイソトープユニットの設置等)		2014	Dec. 1
				2015	Apr. 1
				2018	Dec. 1
				2019	Jan. 1



予算 Budget

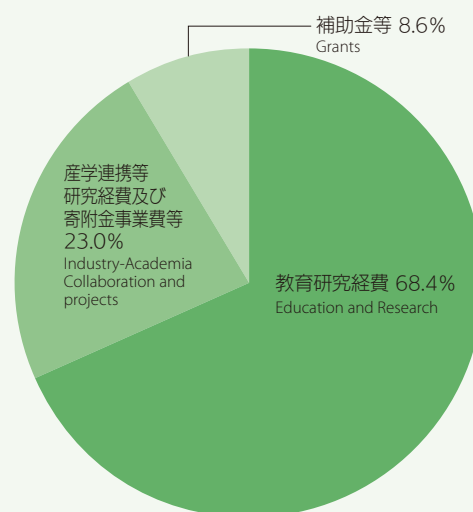
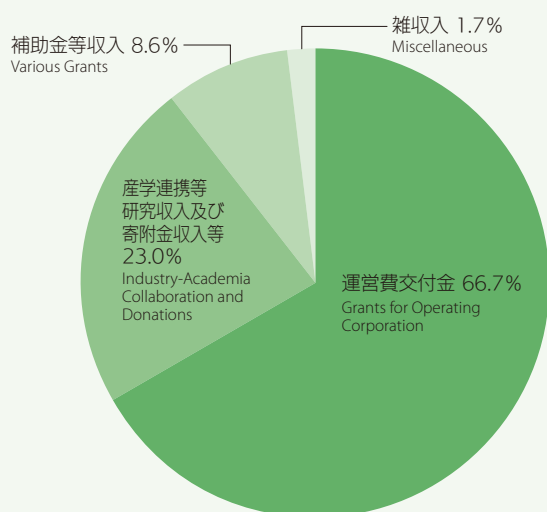
2021年度 (FY2021)

(×1,000yen)

収入	Revenue
区分	金額
運営費交付金 Grants for Operating Corporation	2,563,270
補助金等収入 Various Grants	328,139
雑収入 Miscellaneous	65,969
産学連携等研究収入及び寄附金収入等 Industry-Academia Collaboration and Donations	883,801
合計 Total	3,841,179*

支出	Expenditure
区分	金額
教育研究経費 Education and Research	2,629,239
補助金等 Grants	328,139
産学連携等研究経費及び寄附金事業費等 Industry-Academia Collaboration and Projects	883,801
合計 Total	3,841,179*

*機構長裁量経費を除く



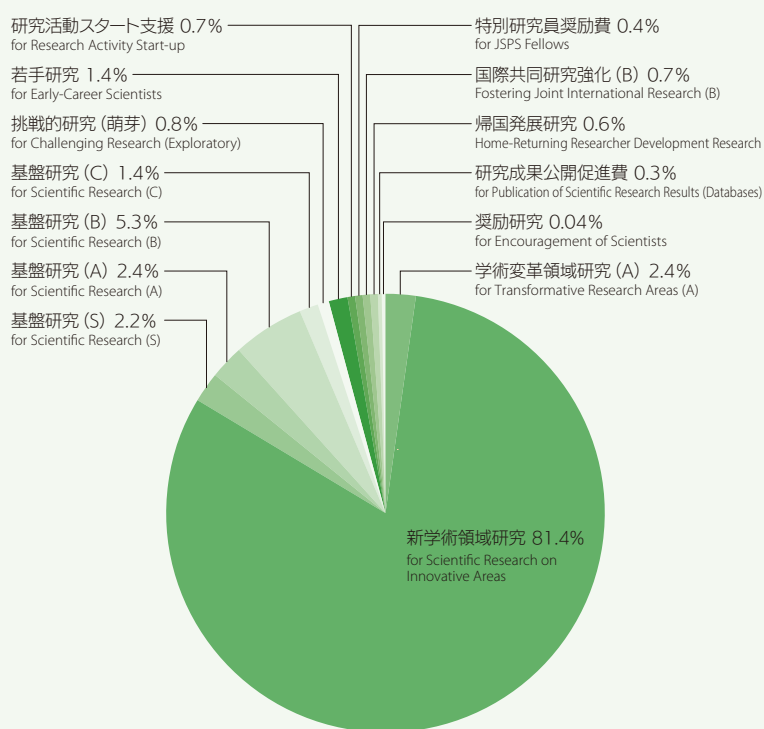
科学研究費 Grant-in-Aid for Scientific Research

2020年度 (FY2020)

(×1,000yen)

研究種目	交付額 / 交付件数 Amount / the Number of Applications Granted
学術変革領域研究 (A) for Transformative Research Areas (A)	32,500 / 1
新学術領域研究 for Scientific Research on Innovative Areas	1,109,700 / 13
基盤研究 (S) for Scientific Research (S)	29,800 / 1
基盤研究 (A) for Scientific Research (A)	32,100 / 4
基盤研究 (B) for Scientific Research (B)	71,850 / 17
基盤研究 (C) for Scientific Research (C)	18,900 / 18
挑戦的研究 (萌芽) for Challenging Research (Exploratory)	11,000 / 5
若手研究 for Early-Career Scientists	19,600 / 18
研究活動スタート支援 for Research Activity Start-up	9,700 / 9
特別研究員奨励費 for JSPS Fellows	5,600 / 5
国際共同研究強化 (B) Fostering Joint International Research (B)	10,100 / 3
帰国発展研究 Home-Returning Researcher Development Research	7,960 / 1
研究成果公開促進費 for Publication of Scientific Research Results (Databases)	3,500 / 2
奨励研究 for Encouragement of Scientists	480 / 1
合計 Total	1,362,790 / 98

(2021. 3月末現在)



内容	氏名
文化功労者	第7代所長 名誉教授 堀田凱樹
第28回(令和元年度)木原記念財団学術賞 野生動物の表現型多様化の原因遺伝子の解明	生態遺伝学研究室 教授 北野 潤
令和2年度文部科学大臣表彰 若手科学者賞 生活史の適応進化を担う分子遺伝機構の研究	生態遺伝学研究室 助教 石川麻乃
2020年 日本動物学会 奨励賞 生活史の適応進化をもたらす遺伝基盤の解明	生態遺伝学研究室 助教 石川麻乃
2020年 日本進化学会 研究奨励賞 生活史進化の分子遺伝機構の解明	生態遺伝学研究室 助教 石川麻乃
国際生物学オリンピックIBO Challenge 2020感謝状 バイオインフォマティクス実技試験の作題責任者及びリモート開催時の運営として実技問題の配信に尽力したことによる	生命ネットワーク研究室 助教 川島武士
総合研究大学院大学 遺伝学専攻 森島奨励賞 Untargeted Metabolomics: Data Analysis Platform for All-Ion Fragmentation Mass Spectrometry	生命ネットワーク研究室 大学院生 多田一風太
総合研究大学院大学 生命科学研究所 研究科長賞 Untargeted Metabolomics: Data Analysis Platform for All-Ion Fragmentation Mass Spectrometry	生命ネットワーク研究室 大学院生 多田一風太
令和2年度日本植物学会若手奨励賞 二次細胞壁の形成を制御する細胞骨格付随タンパク質の研究	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37回井上理学賞 生物多様性進化の遺伝基盤	生態遺伝学研究室 教授 北野 潤
総合研究大学院大学 遺伝学専攻 森島奨励賞 Evolution, biochemical properties and single-molecule dynamics of transposon-encoded anti-silencing factor	エピゲノム研究室/ゲノムダイナミクス研究室 大学院生 齋藤 絡
総合研究大学院大学 生命科学研究所 研究科長賞 Evolution, biochemical properties and single-molecule dynamics of transposon-encoded anti-silencing factor	エピゲノム研究室/ゲノムダイナミクス研究室 大学院生 齋藤 絡

※所属・肩書は、受賞当時のものです

Intellectual Property Rights

特許出願 11件	出願番号
魚類における他家卵子および異種配偶子の製造方法	酒井則良/河崎敏広 特願 2020-74968
1 倍体単細胞性紅藻の製造方法、及び1 倍体単細胞性紅藻用培地	宮城島進也/廣岡俊亮/藤原崇之 特願 2020-141201 共願人 DIC株式会社
崩壊性単細胞性紅藻の製造方法、及び崩壊性単細胞性紅藻用培地	宮城島進也/廣岡俊亮/藤原崇之 特願 2020-141202 共願人 DIC株式会社
ガルデリア属に属する藻類のゲノム改変方法	宮城島進也/廣岡俊亮/藤原崇之 特願 2020-172163 共願人 DIC株式会社
紅藻類を含む免疫賦活剤	宮城島進也/藤原崇之/廣岡俊亮 特願 2020-129208 共願人 ENEOS株式会社
耐熱性胆汁酸塩加水分解酵素および経口組成物	有田正規 特願 2020-143314 共願人 産業技術総合研究所
空間評価システム	黒川 顕/東 光一/森 宙史 特願 2021-005128 共願人 トヨタ自動車株式会社
オーキシンドグロンシステムのキット、及びその使用	鐘巻将人 PCT/JP2020/018237 共願人 加計学園
非ヒト動物、及びその使用	鐘巻将人/相賀裕美子/安島理恵子/北本直美 PCT/JP2020/018310 共願人 加計学園
オーキシンドグロンシステムにおけるタンパク質分解阻害剤及びその使用	鐘巻将人/夏目豊彰 日本国移行 特願 2019-557108
融合タンパク質及びその利用	浅川和秀/川上浩一 日本国移行 特願 2020-550350

特許登録 3件	登録番号
動物細胞ゲノム部位特異的外来DNA挿入方法及び前記挿入方法を用いて得られる細胞	鐘巻将人/夏目豊彰 第6713691号
大腸癌モデル動物、大腸癌モデル動物の製造方法、抗癌剤、アレルギーモデル動物、アレルギーモデル動物の製造方法、及びスクリーニング方法	城石俊彦/天野孝紀 第6779513号
インビボクローニング可能な細胞株をスクリーニングするための方法、インビボクローニング可能な細胞株の製造方法、細胞株、インビボクローニング方法、及びインビボクローニングを行うためのキット	仁木宏典/野崎晋五 第6745450号

2020 Publications in High-Impact Factor Journals

Journal Title	# of published	Journal Title	# of published	Journal Title	# of published
Nature	1	Nature Plants	1	Current Biology	4
Nature Biotechnology	1	Science Advances	3	PNAS	3
Nature Methods	1	Nature Communications	8	ISME Journal	2
Immunity	1	Microbiome	1		
Ann. Rheum. Dis.	2	Nucleic Acids Res.	1	Total # of Published Papers in NIG	179
Neuron	1	EMBO Journal	2		

Research Organization of Information and Systems

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構



機構長 藤井良一
FUJII, Ryoichi
President

機構本部

〒105-0001
東京都港区虎ノ門4-3-13
ヒューリック神谷町ビル 2階
TEL 03-6402-6200
<https://www.rois.ac.jp/>

機構所属研究所

国立極地研究所
National Institute of Polar Research
〒190-8518 東京都立川市緑町10-3
TEL 042-512-0608 <https://www.nipr.ac.jp/>

国立情報学研究所
National Institute of Informatics
〒101-8430 東京都千代田区一ツ橋2-1-2
TEL 03-4212-2000 <https://www.nii.ac.jp/>

統計数理研究所
The Institute of Statistical Mathematics
〒190-8562 東京都立川市緑町10-3
TEL 050-5533-8500 <https://www.ism.ac.jp/>

国立遺伝学研究所
National Institute of Genetics
〒411-8540 静岡県三島市谷田1111
TEL 055-981-6707 <https://www.nig.ac.jp/>

■ 機構長の挨拶

私達は変革の時代をまさに目の当たりにしています。情報通信技術の急速かつ飛躍的な発展、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、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、現代社会の複雑な諸問題を解決し、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。

大学共同利用機関法人情報・システム研究機構（ROIS）は、歴史ある4研究所——国立極地研究所（NIPR）、国立情報学研究所（NII）、統計数理研究所（ISM）、国立遺伝学研究所（NIG）——と平成28年度に設置した「データサイエンス共同利用基盤施設（ROIS-DS）」から成り、情報とシステムの視点から新たな研究領域を切り拓き、データサイエンスを発展させることを通じて、現代の諸問題を解決することを目指しています。

ROISは、大学共同利用機関法人として、全国の大学等の研究者コミュニティの要請に応える共同利用・共同研究を通じ、大学等における研究の発展に貢献することを第一の使命と任ずるとともに、産業界との連携や、市民が参加するオープンサイエンスも進めています。また総合研究大学院大学の基盤機関として、人材育成にも取り組んでいます。

現代社会はまた、生命、地球、自然環境、人間社会など多方面における不可避なリスクの存在が指摘される社会でもあります。2019年以降世界各地でパンデミックが起こった新型コロナウイルス感染症もそのひとつと言えるでしょう。ROISはこのような社会の諸課題の解決にも積極的に邁進してまいります。皆様の一層のご支援、ご協力を心よりお願いいたします。

■ President's Message

Today, we find ourselves in the midst of a transformational era. Rapid and revolutionary advancements in communications technology, the emergence of various kinds of big data, and dramatic improvements in computational performance have transformed society and dramatically altered the research environment. In such a society, science must be “data-driven.” It would not be an exaggeration to say that the advancement of data science—which could be called “the fourth science”—is the key to solving many of the complex issues facing society today and that this field will be the driving force behind scientific and technological innovation for many years to come.

The Research Organization of Information and Systems (ROIS) comprises four distinguished institutes—the National Institute of Polar Research (NIPR), the National Institute of Informatics (NII), the Institute of Statistical Mathematics (ISM), and the National Institute of Genetics (NIG)—plus the Joint Support-Center for Data Science Research (ROIS-DS) established in 2016. ROIS's mission is to pioneer new areas of research from the perspectives of information and systems, with an aim toward solving contemporary problems through the advancement of data science.

As an inter-university research institute corporation, ROIS's primary mission is to contribute to the advancement of research by universities and other institutes by promoting resource sharing and joint research that is responsive to the needs of the research community. Furthermore, ROIS has partnered with industry to promote open science that involves participation by ordinary citizens and, as a parent institute of the Graduate University for Advanced Studies (SOKENDAI), provides critical support for the development of human resources.

Modern society is faced with various challenges, including threats to the Earth, the natural environment, and human civilization. The COVID-19 pandemic that began in 2019 and has since spread to every corner of the globe is but one example of such a threat. ROIS strives to find proactive solutions to these and other issues facing society. We humbly ask for your continued support and cooperation in these efforts.

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 長谷川眞理子
HASEGAWA, Mariko
President

所在

〒240-0193 神奈川県三浦郡葉山町（湘南国際村）
Shonan Village, Hayama, Kanagawa 240-0193 Japan
TEL 046-858-1500 <https://www.soken.ac.jp/>

総研大は、大学共同利用機関である研究所を基盤とする専攻と本部直結の先導科学研究科からなる大学院大学です。建学以来、教育目標に「高い専門性」「国際的な通用性」と「広い視野」を掲げています。「広い視野」とは、自分の研究対象を人類の知的な活動全体の中で位置づけて語る能力、専門分野を越えて新たな地平を想像する能力です。幅広い知識領域をカバーする専攻をそろえた本学の特色を活かし、世界で活躍できる人材を輩出しています。

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 2021 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/>

