

2022 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 about 30 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

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

72 国際交流  
International Activities

75 遺伝学電子博物館  
Cyber Museum of Genetics

76 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

83 運営  
Management

88 沿革  
History

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

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

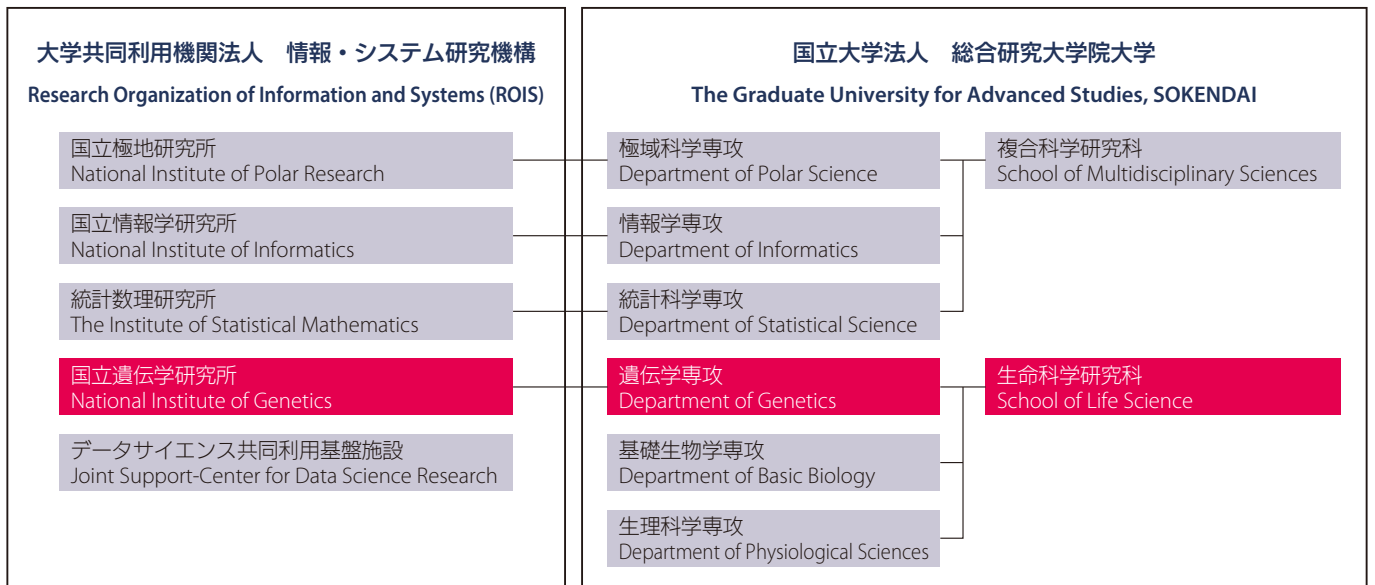
93 情報・システム研究機構  
Research Organization of Information and Systems

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



# Our Mission

## 遺伝研の活動





# Outline of Departments and Centers for Research Infrastructures

## 研究系・共同利用事業センター等

### ■ 情報研究系

データ・知識・材料の利活用に資する技術課題の発見と克服の為の研究開発

### ■ ゲノム・進化研究系

ゲノム配列解析や進化を中心とした生物の多様な側面の研究

### ■ 遺伝形質研究系

細胞から個体レベルの遺伝形質の研究や生物遺伝資源の特性解析

### ■ 遺伝メカニズム研究系

遺伝情報の継承・修飾・発現などの遺伝メカニズムの研究

### ■ 新分野創造センター

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

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

当センターは、米国立生物工学情報センター (NCBI)、欧州バイオインフォマティクス研究所 (EBI) と連携して、国際塩基配列データベースを運営している。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 evolution.

### ■ 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 run a main animal facility of NIG, and aim to contribute to research and education by providing suitable rearing condition and research environment to use mice and rats.

### ■ NIG INNOVATION

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

### ■ Office for Research Development

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

### ■ Office for Gender Equality

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

### ■ Technical Section

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



# Organization

## 組織



2022年4月現在 as of April 2022



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

## 遺伝学の中核拠点としての先端研究活動

生命はゲノムに書き込まれた遺伝情報と内外環境との相互作用で作られ、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



PZLASTによる検索結果 (<https://pzlast.riken.jp/meta>)

Overview of the PZLAST web service. (<https://pzlast.riken.jp/meta>).

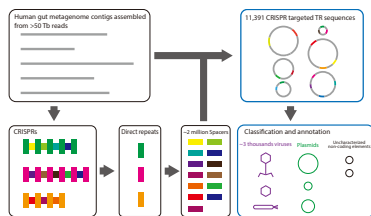
### 地球上の遺伝子資源を検索可能なシステム

黒川教授、森准教授らは、地球上の様々な環境から採取したメタゲノム情報に対して遺伝子配列の相同性検索を可能とするWebサービス「PZLAST」を開発しました。PZLASTを利用することで「遺伝子の宝の山」に埋もれている未知の遺伝子資源を、その遺伝子が存在する環境の情報などとともに容易に「発掘」することが可能になったのです。

### System for seeking genetic resources on the Earth

Kurokawa group have developed an ultra-fast homology search tool "PZLAST" which enables users to search for metagenomic genes collected from various environments on the Earth. PZLAST has made it possible to easily "unearth" unknown genetic resources buried in the "treasure trove of genes", together with rich information about the environment.

Mori H, Ishikawa H, Higashi K, Kato Y, Ebisuzaki T, Kurokawa K. PZLAST: an ultra-fast amino acid sequence similarity search server against public metagenomes. *Bioinformatics*. 2021 Jul 7;37(21):3944–6.



メタゲノム配列からCRISPRを発見し、そこからウイルスの断片配列を抽出する。抽出した断片配列とメタゲノム配列を再び比較することで、CRISPRによって標的とされるウイルスゲノムを検出する。

Metagenome sequences are assembled and searched for CRISPR arrays. From these CRISPR arrays, partial fragments of viral genomes called spacers are extracted. These spacers are aligned to metagenome sequences. A sequence containing multiple protospacers (sequences that are highly similar to spacers not locating on CRISPRs) are presumably viral or other infectious agents.

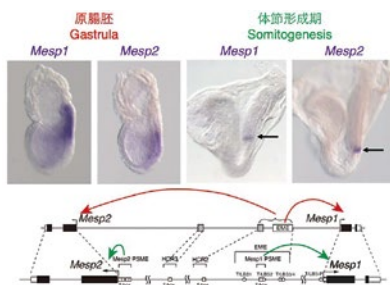
### 原核生物の免疫記憶を使ったウイルスゲノムの網羅的探索

地球上に存在する膨大かつ多様なウイルスゲノムを網羅的に収集するために井ノ上教授らは原核生物の「免疫記憶 (CRISPR)」を利用してメタゲノムからウイルスのゲノム情報を検出する方法を開発しました (図)。この方法は、既知のウイルスのゲノム情報に依存しないでメタゲノムからウイルス由来と思われる配列を網羅的に検出し、さらにその宿主の推定を可能にします。この方法によってヒト腸内メタゲノムから未知の配列を含む多様なウイルスのゲノム情報を検出することに成功しました。

### Comprehensive discovery of CRISPR targeted sequences in human gut metagenome

Viruses are the most abundant and diverse genetic entity on Earth. To discover diverse viral genomes, Inoue group developed a method utilizing CRISPR, prokaryotic adaptive immunological memory (Fig.). Using this method, they discovered diverse viral genomes including previously uncharacterized genomes from the human gut metagenome. Applying this method to samples from various environments will lead them to uncover further diverse viral genomes.

Sugimoto R, Nishimura L, Nguyen PT, Ito J, Parrish NF, Mori H, Kurokawa K, Nakaoka H, Inoue I. Comprehensive discovery of CRISPR-targeted terminally redundant sequences in the human gut metagenome: Viruses, plasmids, and more. *PLoS Comput Biol*. 2021 Oct 21;17(10):e1009428.



原腸胚と体節形成期の *Mesp1/2* 遺伝子の発現パターンとその発現制御領域

Expression pattern of *Mesp1* and *Mesp2* in gastrula and somitogenesis stage embryos, and the regulatory elements of *Mesp* locus.

### 中胚葉形成を決める転写因子の発現制御

MESP1/2は哺乳類の中胚葉形成を制御する転写因子です。相賀教授らは、中胚葉形成がMESP1/2を合わせた量により規定されることを明らかにしました。さらに、ゲノム上で隣り合う *Mesp1/2* 遺伝子の「片方」が欠損すると、調節領域の作用によって「他方」の遺伝子発現が相補的に誘導されるという補完機構を発見しました。

### Mesoderm specification is determined by dose of MESP1 and MESP2.

MESP1 and MESP2 are transcriptional factors expressed in mesodermal tissue. Saga group found that the dose of MESP1/2 determines mesoderm specification. To maintain the MESP function, *Mesp1/2* genes, which are adjacently located on the genome, acquired the compensation mechanisms that the deletion of each genes caused up-regulation of the other by utilizing each regulatory elements.

Ajima R, Sakakibara Y, Sakurai-Yamatani N, Muraoka M, Saga Y. Formal proof of the requirement of MESP1 and MESP2 in mesoderm specification and their transcriptional control via specific enhancers in mice. *Development*. 2021 Oct 15;148(20):dev194613.

Okada H, Saga Y. Repurposing of the enhancer-promoter communication underlies the compensation of *Mesp2* by *Mesp1*. *PLoS Genet*. 2022 Jan 13;18(1):e1010000.



# Intellectual Infrastructure Supporting Life Sciences

## 生命科学を支える共同利用

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

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



### DDBJ (日本DNAデータバンク) 事業

当センターは、米国国立生物工学情報センター (NCBI)、欧州バイオインフォマティクス研究所 (EBI) と連携して、国際塩基配列データベースを運営しています。また日米欧および韓国の特許庁と協力し、特許由来のDNA配列及びアミノ酸配列も公開しています。国内研究者には、スーパーコンピュータ (スパコン) の無償貸出も行っています。毎年1000名以上の登録者がスパコンを利用した生命科学研究を実施しています。

#### DDBJ Project

Bioinformation & DDBJ Center is a part of International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC) with National Center for Biotechnology Information in the United States and European Bioinformatics Institute. The center also collaborates with patent offices in Japan, the United States, Europe, and Korea on patent-related DNA and amino acid sequences. Our supercomputer platform is free for Japanese investigators. Each year, more than 1000 registered users conduct life science research on our supercomputer system.

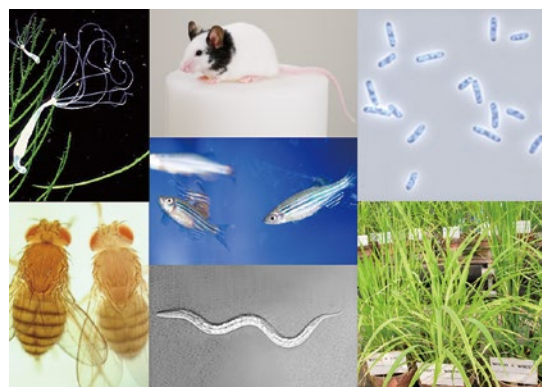


### 先端ゲノミクス推進事業

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

#### Advanced Genomics Project

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



### 生物遺伝資源 (バイオリソース) 事業

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

#### BioResource Project

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



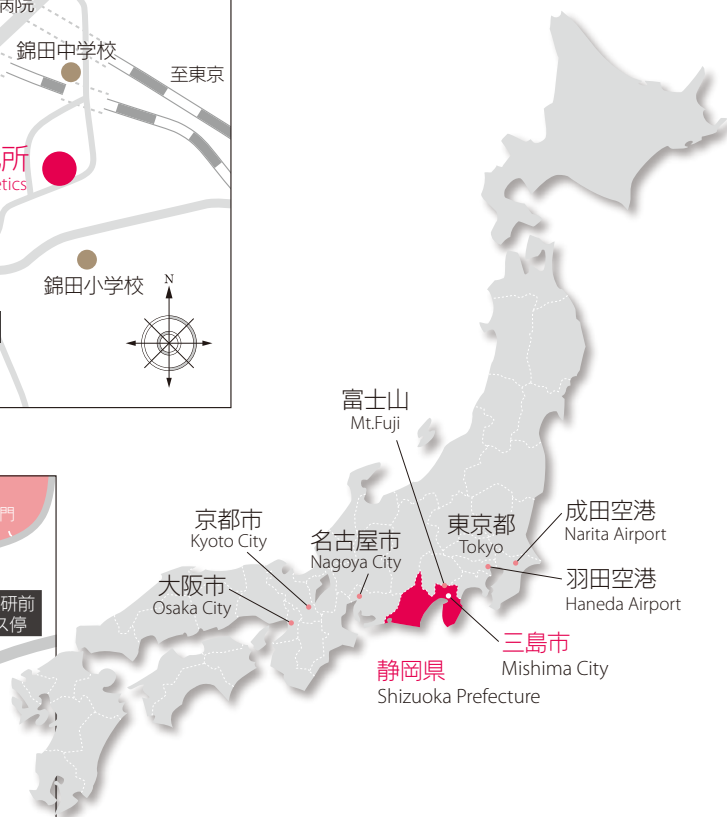
# Access to the Institute

## 遺伝研へのアクセス

### 遺伝研周辺地図



### 遺伝研詳細地図



### 三島駅までのアクセス

How to get to JR Mishima

- 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



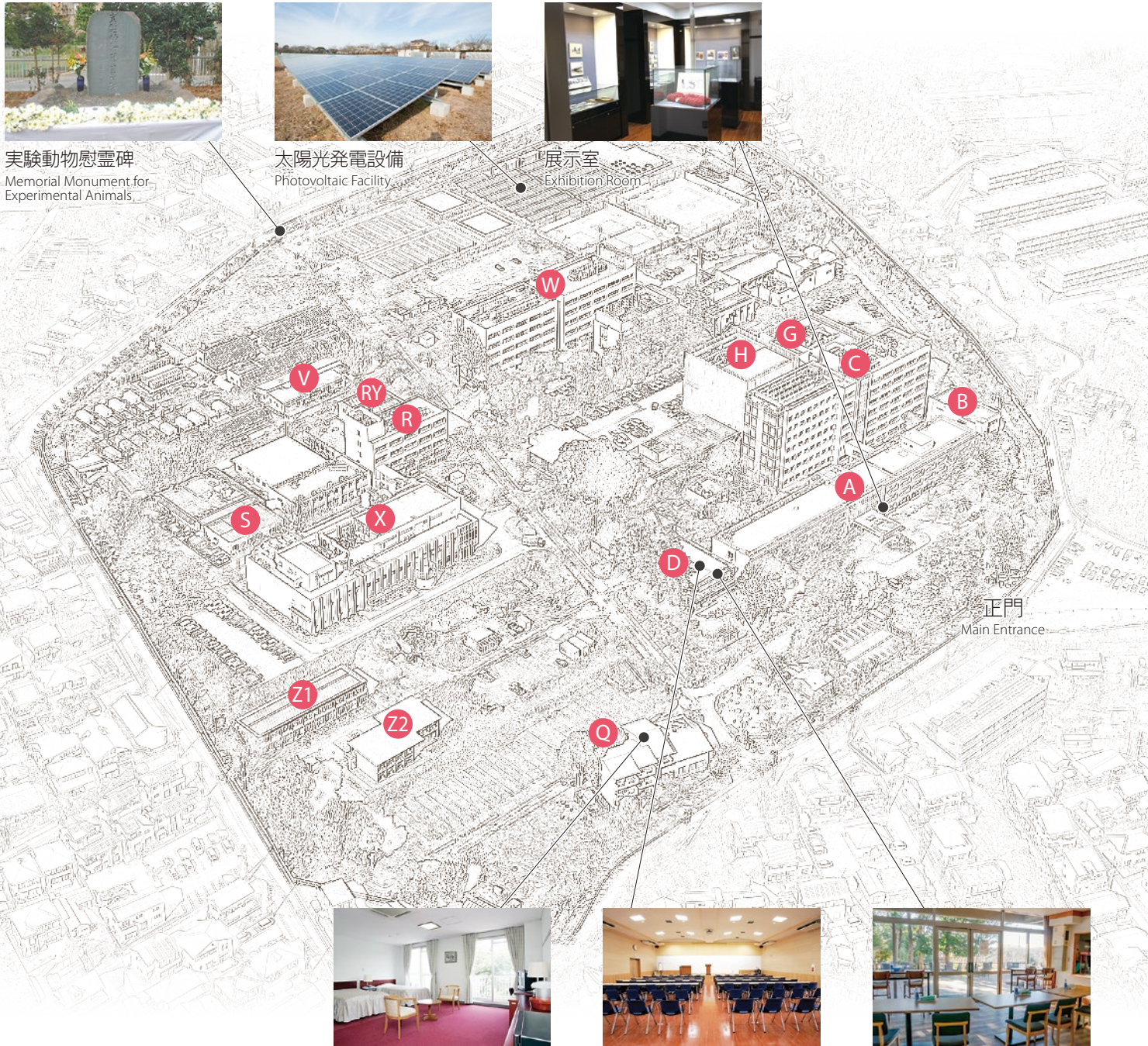
実験動物慰霊碑  
Memorial Monument for  
Experimental Animals



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 C 棟  
Laboratory Building C

**D** 講堂  
Lecture Hall

**G** 研究実験 G 棟  
Laboratory Building G

**H** 研究実験 H 棟  
Laboratory Building H

**Q** 研究員宿泊施設  
Guest House

**R** 研究実験 R 棟  
Laboratory Building R

**RY** 研究実験 RY 棟  
Laboratory Building RY

**S** 研究実験 S 棟  
Laboratory Building S

**V** 研究実験 V 棟  
Laboratory Building V

**W** 研究実験 W 棟  
Laboratory Building W

**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 97,703 m<sup>2</sup>  
Institute Facilities and Grounds

内訳  
Details  
研究所敷地 94,095 m<sup>2</sup>  
Institute Area  
宿舎敷地 3,608 m<sup>2</sup>  
Residential Area

建築面積 16,348 m<sup>2</sup>  
Building Area

建物延面積 41,168 m<sup>2</sup>  
Total Floor Space

(2022年4月1日現在)



# Research Activities

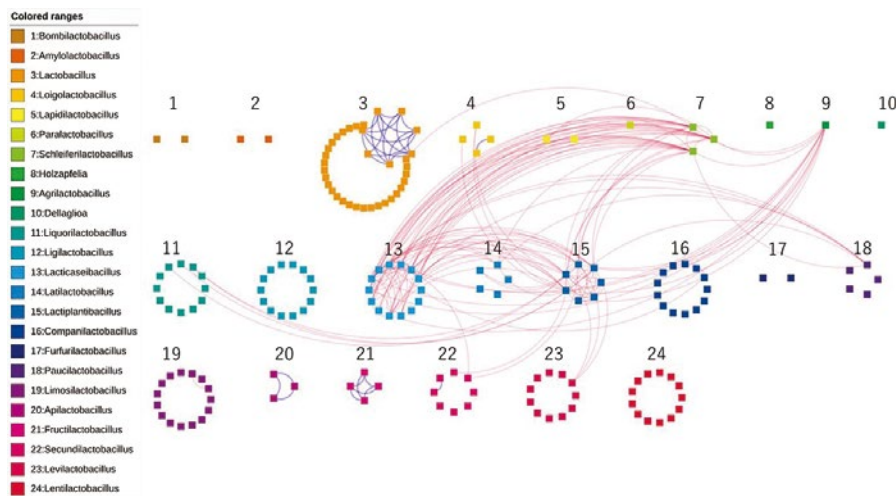
遺伝研の研究活動





# 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



24 乳酸菌属における遺伝子水平伝播ネットワーク。多くの糖を代謝できる菌同士は遺伝子の共有が多く（赤いリンク）、ニッチに住む菌は属内で遺伝子を共有する（青いリンク）。  
 Network of horizontal gene transfers among 24 genera in Lactobacillaceae. Bacteria that can metabolize many types of sugars share many genes (red links), while those metabolizing little number of sugars share genes within each genus (blue links).

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 (<https://mb2.ddbj.nig.ac.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 (<https://mb2.ddbj.nig.ac.jp>) and LipidBank (<http://lipidbank.jp/>), as well as analytical software tools for genomics and metabolomics.

## Selected Publications

Satti M, Modesto M, Endo A, Kawashima T, Mattarelli P, Arita M. Host-Diet Effect on the Metabolism of Bifidobacterium. *Genes* (Basel). 2021 Apr 20;12(4):609.

Takenaka S, Kawashima T, Arita M. A sugar utilization phenotype contributes to the formation of genetic exchange communities in lactic acid bacteria. *FEMS Microbiol Lett*. 2021 Sep 14;368(17):fnab117.

Kawashima T, Yoshida M, Miyazawa H, Nakano H, Nakano N, Sakamoto T, Hamada M. Observing phylum-level metazoan diversity by environmental DNA analysis at the Ushimado area in the Seto inland sea. *Zoological Sciences*. 2022 39(1);157-165.

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

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

## Arita Group 有田研究室



ARITA, Masanori  
Professor  
有田正規 教授



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



KAWASHIMA, Takeshi  
Specially Appointed Assistant Professor  
川島武士 特命助教





# 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。それら研究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. To advance research and facilitate discoveries, the effective utilization of bio-resources and databases plays a critical role. Our laboratory has been researching and developing databases and information retrieval systems for the National BioResource Project (NBRP) and integrated database project for life science. We continue to improve the quality of databases and studies to use biological resources.

### Selected Publications

Sakkour A, Mascher M, Himmelbach A, Haberer G, Lux T, Spannagl M, Stein N, Kawamoto S, Sato K. Chromosome-scale assembly of barley cv. 'Haruna Nijo' as a resource for barley genetics. *DNA Res.* 2022 Jan 28;29(1):dsac001.

Mizuno-Iijima S, Nakashiba T, Ayabe S, Nakata H, Ike F, Hiraiwa N, Mochida K, Ogura A, Masuya H, Kawamoto S, Tamura M, Obata Y, Shiroishi T, Yoshiki A. Mouse resources at the RIKEN BioResource Research Center and the National BioResource Project core facility in Japan. *Mamm Genome.* 2021 Sep 16:1-11.

Kajiya-Kanegae H, Ohyanagi H, Ebata T, Tanizawa Y, Onogi A, Sawada Y, Hirai MY, Wang ZX, Han B, Toyoda A, Fujiyama A, Iwata H, Tsuda K, Suzuki T, Nosaka-Takahashi M, Nonomura KI, Nakamura Y, Kawamoto S, Kurata N, Sato Y. *OryzaGenome2.1: Database of Diverse Genotypes in Wild Oryza Species.* *Rice (N Y).* 2021 Mar 4;14(1):24.

川本祥子, 希少疾患のためのモデル生物研究者レジストリとバイオリソースデータベースの役割, *細胞* 53(13), 807-810, 2021-11

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.

Mori H, Ishikawa H, Higashi K, Kato Y, Ebisuzaki T, Kurokawa K. PZLAST: an ultra-fast amino acid sequence similarity search server against public metagenomes. *Bioinformatics.* 2021 Jul 7;37(21):3944-6.

Tsukuda N, Yahagi K, Hara T, Watanabe Y, Matsumoto H, Mori H, Higashi K, Tsuji H, Matsumoto S, Kurokawa K, Matsuki T. Key bacterial taxa and metabolic pathways affecting gut short-chain fatty acid profiles in early life. *ISME J.* 2021 Sep;15(9):2574-2590.

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



HIGASHI, Koichi  
Assistant Professor  
東 光一 助教

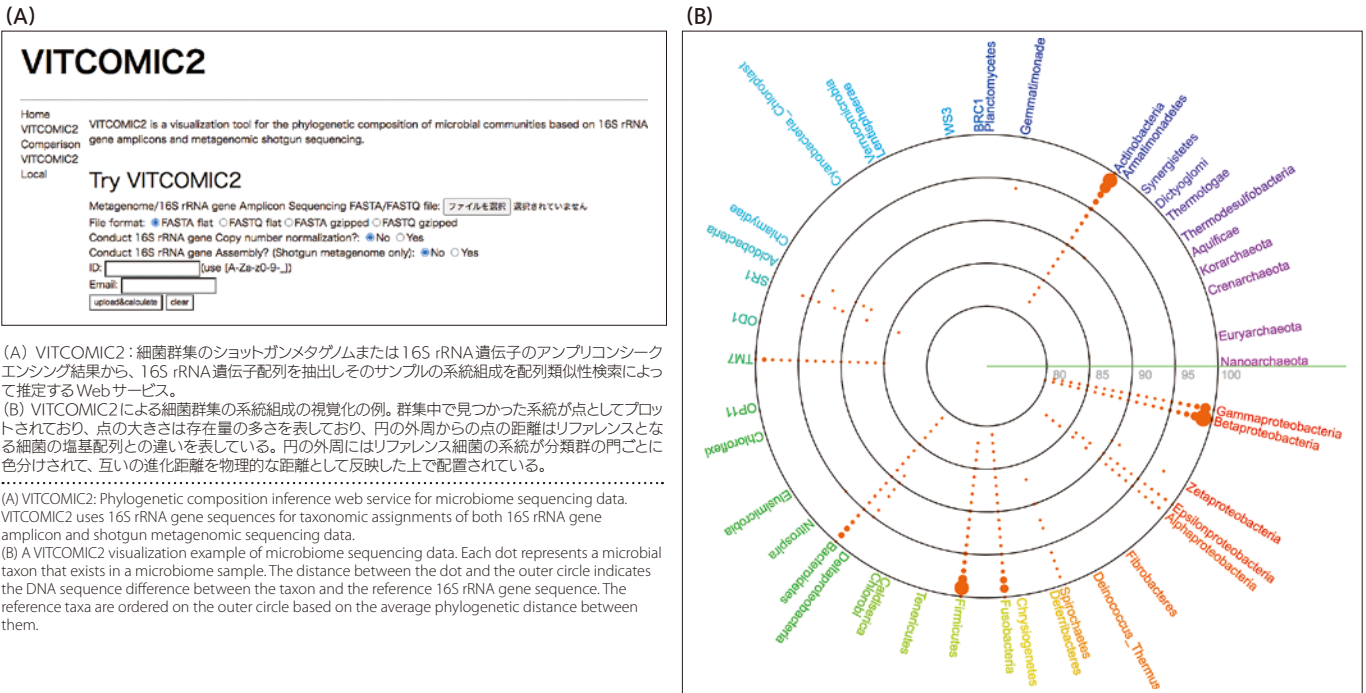
<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/kurokawa/>





# 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

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.

Mori H, Ishikawa H, Higashi K, Kato Y, Ebisuzaki T, Kurokawa K. PZLAST: an ultra-fast amino acid sequence similarity search server against public metagenomes. *Bioinformatics.* 2021 Jul 7;37(21):3944–6.

Segawa T, Yonezawa T, Mori H, Akiyoshi A, Allentoft ME, Kohno A, Tokanai F, Willerslev E, Kohno N, Nishihara H. Ancient DNA reveals multiple origins and migration waves of extinct Japanese brown bear lineages. *R Soc Open Sci.* 2021 Aug 4;8(8):210518.

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)

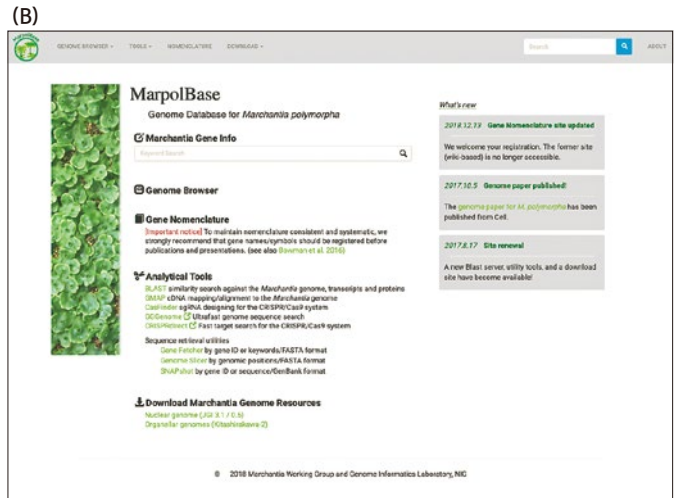
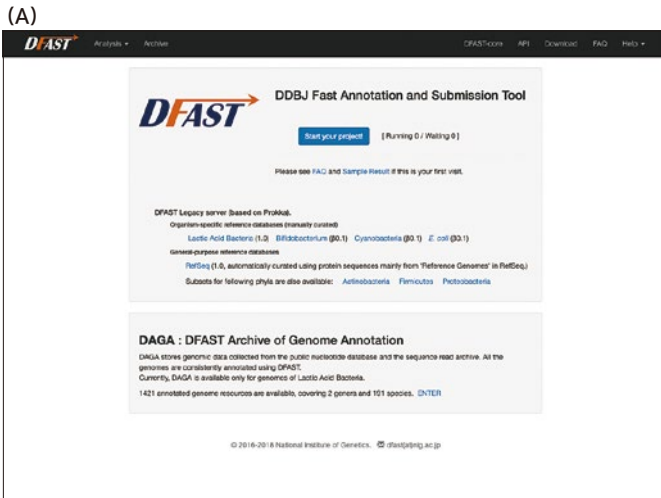
<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/mori/>





# 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, Brigginshaw L, Caballero-Perez J, Catarino B, Chen F, Chiyoda S, Chovatia M, Davies KM, Delmans M, Demura T, Dierschke T, Dolan L, Dorantes-Acosta AE, Eklund DM, Florent SN, Flores-Sandoval E, Fujiyama A, Fukuzawa H, Galik B, Grimanelli D, Grimwood J, Grossniklaus U, Hamada T, Haseloff J, Hetherington AJ, Higo A, Hirakawa Y, Hundley HN, Ikeda Y, Inoue K, Inoue 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, Kyojuka J, Lagercrantz U, Lin SS, Lindquist E, Lipzen AM, Luo 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

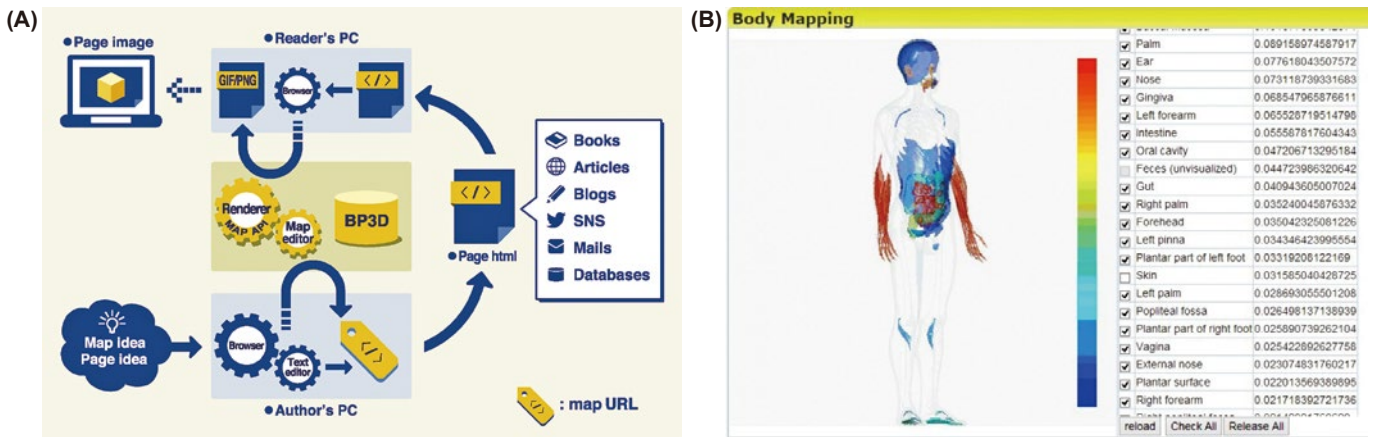
<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/nakamura/>





# 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。情報整理の特徴 (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

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

## Okubo Group 大久保研究室



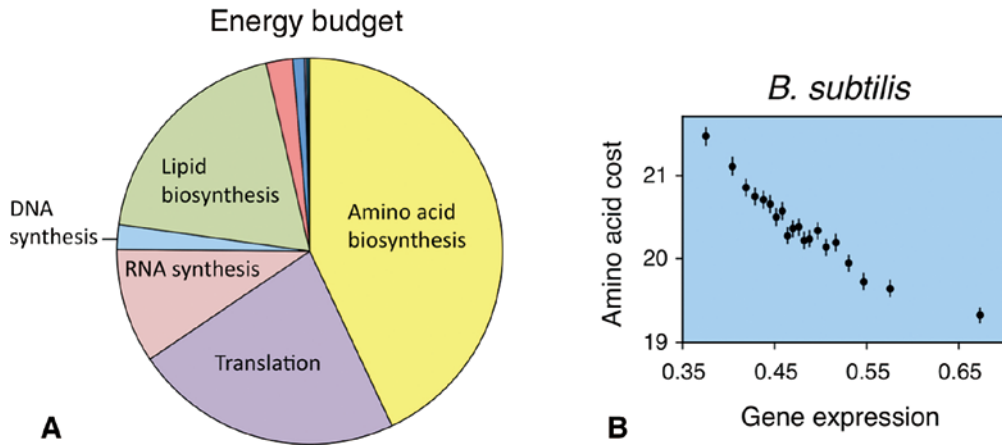
OKUBO, Kousaku  
Professor  
大久保公策 教授





# Population genetics and genome evolution

## 集団遺伝とゲノム進化



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

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

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

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

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

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

### Selected Publications

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

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

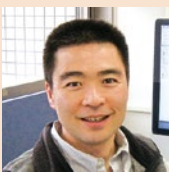
Akashi H, Osada N, Ohta T. Weak selection and protein evolution. *Genetics.* 2012 Sep;192(1):15-31.

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

Evolutionary Genetics Laboratory 進化遺伝研究室

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

### Akashi Group 明石研究室



AKASHI, Hiroshi  
Professor  
明石 裕 教授

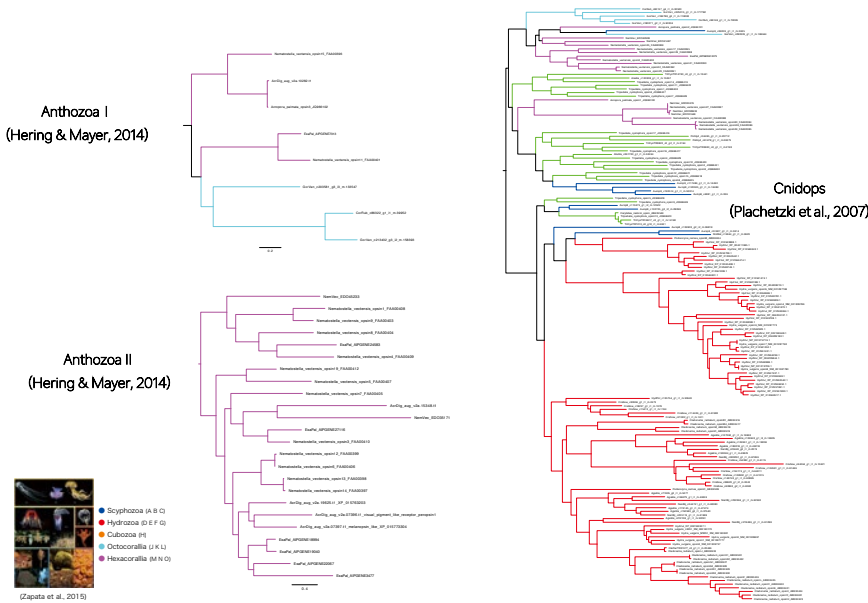


MATSUMOTO, Tomotaka  
Assistant Professor  
松本知高 助教



# Study for molecular evolution using genome sequence and gene expression

## ゲノム配列と遺伝子発現からみた分子進化学



刺胞動物のオプシン系統解析。刺胞動物の持つオプシンは、大きく3つのグループに分かれ、且つそれぞれの系統内で独自に進化してきたことが分かった。  
 Molecular phylogeny of cnidarian opsin genes. We found that cnidarian opsin genes are divided into three groups and evolved independently in each lineages (class/subclass).

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

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

### Selected Publications

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

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

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

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

Ikeo Group 池尾研究室



IKEO, Kazuho  
Associate Professor  
池尾一穂 准教授

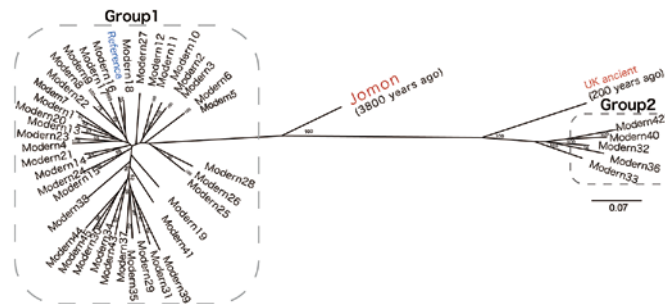
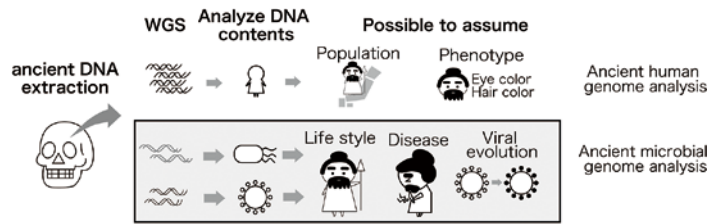
<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/ikeo/>





# Genomic medicine and evolutionary studies 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及び進化研究



古代人（縄文人）の歯髄から得られたDNAを用い、そこに含まれる微生物ゲノムを解析したところ（上図）、11種類の古代ウイルスのゲノム配列が発見されました。そのうち、ヒトの口腔内に生息するウイルス（Siphovirus contig89）の祖先型ゲノム配列（下図）については完全長の配列を決定しました。

We generated metagenomic sequencing data from the DNA samples extracted from the dental pulp of Jomon individuals, who lived in Japan more than 3000 years ago. Eleven putative ancient viral genomes were identified. Among them, we reconstructed the complete genomic sequence of the Siphovirus contig89, which resides in the human oral cavity.

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、原核生物の「免疫記憶（CRISPR）」を利用した未知のウイルスの探索や、古代ウイルスの同定などのウイルス研究も行っています。

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

Sugimoto R, Nishimura L, Nguyen PT, Ito J, Parrish NF, Mori H, Kurokawa K, Nakaoka H, Inoue I. Comprehensive discovery of CRISPR-targeted terminally redundant sequences in the human gut metagenome: Viruses, plasmids, and more. *PLoS Comput Biol.* 2021 Oct 21;17(10):e1009428.

Aamer W, Hassan HY, Nakaoka H, Hosomichi K, Jaeger M, Tahir H, Abdelraheem MH, Netea MG, Inoue I. Analysis of HLA gene polymorphisms in East Africans reveals evidence of gene flow in two Semitic populations from Sudan. *Eur J Hum Genet.* 2021 Aug;29(8):1259-1271.

Revathidevi S, Murugan AK, Nakaoka H, Inoue I, Munirajan AK. APOBEC: A molecular driver in cervical cancer pathogenesis. *Cancer Lett.* 2021 Jan 1;496:104-116.

Yamaguchi M, Nakaoka H, Suda K, Yoshihara K, Ishiguro T, Yachida N, Saito K, Ueda H, Sugino K, Mori Y, Yamawaki K, Tamura R, Revathidevi S, Motoyama T, Tainaka K, Verhaak RGW, Inoue I, Enomoto T. Spatiotemporal dynamics of clonal selection and diversification in normal endometrial epithelium. *Nat Commun.* 2022 Feb 17;13(1):943.

Human Genetics Laboratory 人類遺伝研究室

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

### Inoue Group 井ノ上研究室



INOUE, Ituro  
Professor  
井ノ上逸朗 教授



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



# Genetics of adaptive radiation

## 適応放散の遺伝機構



地道なフィールド調査と飼育室内での実験によって、野外生物にみられる行動や生理や形態の変異を解析します。ついで、古典的な遺伝的手法や最新のゲノミクス技術などを援用し、遺伝基盤や候補遺伝子を解明していきます。また、遺伝子操作法による分子機能解析に加え、池やメソコムを用いたミ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

Ansai S, Mochida K, Fujimoto S, Mokodongan DF, Sumarto BKA, Masengi KWA, Hadiaty RK, Nagano AJ, Toyoda A, Naruse K, Yamahira K, Kitano J. Genome editing reveals fitness effects of a gene for sexual dichromatism in Sulawesian fishes. *Nat Commun.* 2021 Mar 1;12(1):1350.

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.

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



YAMASAKI, Yo  
Assistant Professor  
山崎 曜 助教

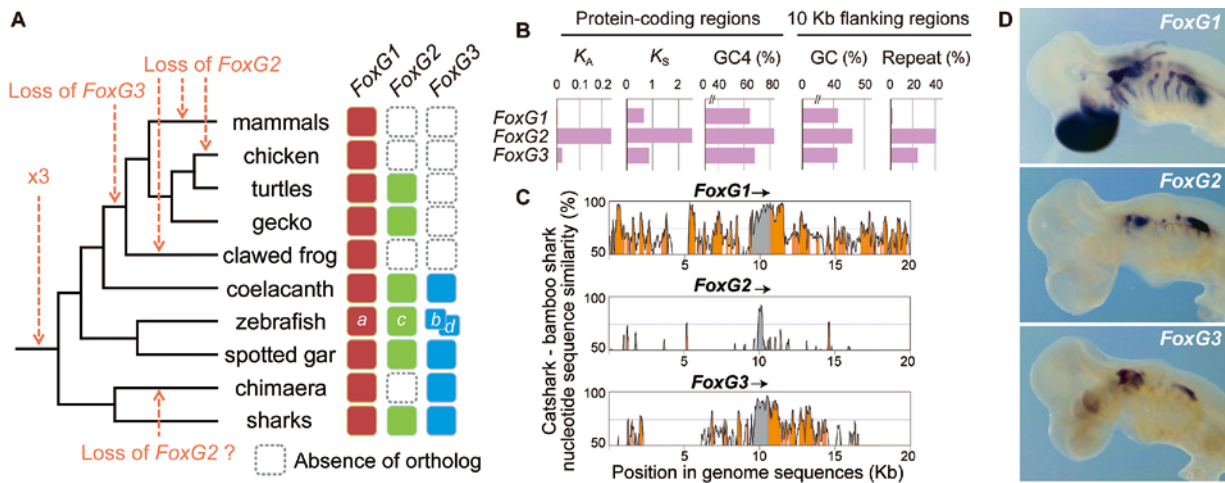
<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/kitano/>





# 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まだ多い。

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



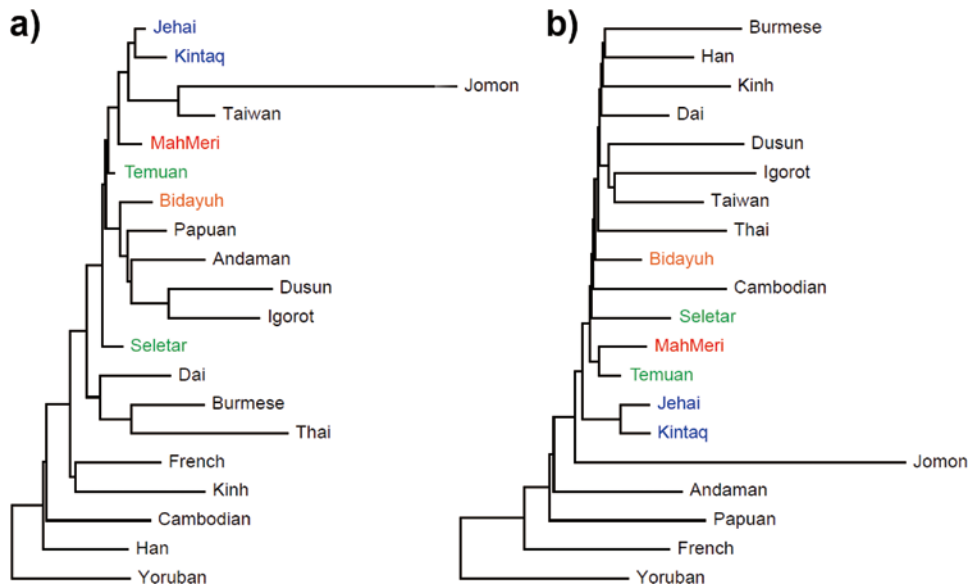
KAWAGUCHI, Akane  
Assistant Professor  
川口 茜 助教  
(7月1日着任予定)

<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



HLA領域に存在するSNPを用いて作成した系統樹 (a) と HLA領域以外の常染色体SNP座位のデータから作成した系統樹 (b)。Jinam et al. (2021) より。  
Phylogenetic trees generated using SNPs from the HLA region (a) and autosomal loci excluding HLA genes (b). From Jinam et al. (2021c).

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。現代人ゲノムと古代人ゲノム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およびゲノムデータの解析を進めています。

We study genome evolution of organisms mainly through computer analyses. We are conducting analyses of genome-wide data and genome sequence data of modern and ancient human populations, especially of Japanese Archipelago people.

### Selected Publications

Jinam T. A., Kawai Y., Kamatani Y., Sonoda S., Makisumi K., Sameshima H., Tokunaga T. and Saitou N. (2021a) Genome-wide SNP data of Izumo and Makurazaki populations support inner-dual structure model for origin of Yamato people. *Journal of Human Genetics*, vol. 66, pp. 681-687.

Jinam T. A., Kawai Y., and Saitou N. (2021b) Modern human DNA analyses with special reference to the inner dual-structure model of Yaonesian. *Anthropological Science* advance publication, vol. 129, no. 1, pp. 3-11.

Jinam T. A., Hosomichi K., Nakaoka H., Phipps Maude E., Saitou N. and Inoue I. (2021c) Allelic and haplotypic HLA diversity in indigenous Malaysian populations explored using Next Generation Sequencing. *Human Immunology*, vol. 83, no.1, pp. 17-26.

### Population Genetics Laboratory

### 集団遺伝研究室



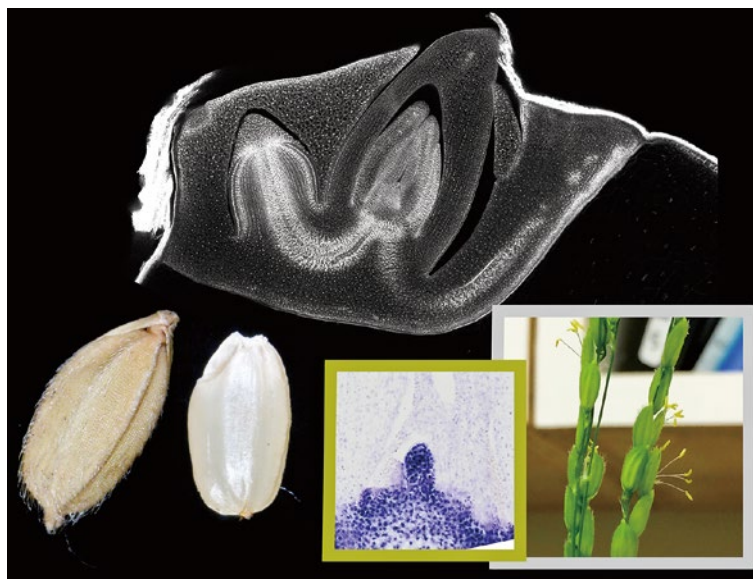
JINAM, Timothy A.  
Assistant Professor  
ジナム, ティモシー A. 助教





# Molecular genetics of plant embryogenesis

## イネ分子遺伝学による植物初期発生機構の解明



写真上段：共焦点レーザー顕微鏡観察によるイネ胚（完熟胚）の中央断面。  
写真下段：左から、イネ籾、コメ（左上に胚がある）、茎頂分裂組織のマーカートとなる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

Kajiya-Kanegae H, Ohyanagi H, Ebata T, Tanizawa Y, Onogi A, Sawada Y, Hirai MY, Wang ZX, Han B, Toyoda A, Fujiyama A, Iwata H, Tsuda K, Suzuki T, Nosaka-Takahashi M, Nonomura KI, Nakamura Y, Kawamoto S, Kurata N, Sato Y. *OryzaGenome2.1: Database of Diverse Genotypes in Wild Oryza Species*. Rice (N Y). 2021 Mar 4;14(1):24.

Sato Y, Tsuda K, Yamagata Y, Matsusaka H, Kajiya-Kanegae H, Yoshida Y, Agata A, Ta KN, Shimizu-Sato S, Suzuki T, Nosaka-Takahashi M, Kubo T, Kawamoto S, Nonomura KI, Yasui H, Kumamaru T. Collection, preservation and distribution of *Oryza* genetic resources by the National Bioresource Project RICE (NBRP-RICE). *Breed Sci*. 2021 Jun;71(3):291-298.

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 (N Y). 2020 Jun 3;13(1):33.

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):dev176305.

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



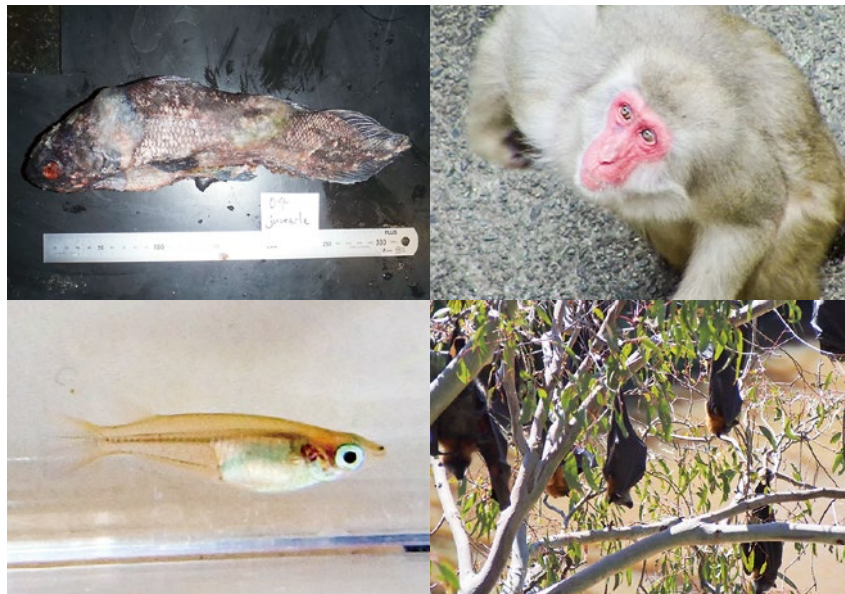
NOSAKA-T, Misuzu  
Assistant Professor  
野坂実鈴 助教

<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。左上：解剖前のシーラカンス稚魚 右上：ニホンザル 下左：セレパンシスメダカ 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、マイクロバイオーム、環境サンプルなど様々な生物を対象に染色体レベルのゲノム配列を決定することにより比較ゲノム解析を通じて生命現象の原理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

Rai A, Hirakawa H, Nakabayashi R, Kikuchi S, Hayashi K, Rai M, Tsugawa H, Nakaya T, Mori T, Nagasaki H, Fukushi R, Kusuya Y, Takahashi H, Uchiyama H, Toyoda A, Hikosaka S, Goto E, Saito K, Yamazaki M. Chromosome-level genome assembly of *Ophiorrhiza pumila* reveals the evolution of camptothecin biosynthesis. *Nat Commun.* 2021 Jan 15;12(1):405.

Koiwai K, Koyama T, Tsuda S, Toyoda A, Kikuchi K, Suzuki H, Kawano R. Single-cell RNA-seq analysis reveals penaeid shrimp hemocyte subpopulations and cell differentiation process. *Elife.* 2021 Jun 16;10:e66954.

Nikaïdo 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.

Nishiyama T, Sakayama H, de Vries J, Buschmann H, Saint-Marcoux D, Ullrich KK, Haas FB, Vanderstraeten L, Becker D, Lang D, Vosolsobé S, Rombauts S, Wilhelmsson PKI, Janitzka P, Kern R, Heyl A, Rümpler F, Villalobos LIAC, Clay JM, Skokan R, Toyoda A, Suzuki Y, Kagoshima H, Schijlen E, Tajeshwar N, Catarino B, Hetherington AJ, Saltykova A, Bonnot C, Breuning H, Symeonidi A, Radhakrishnan GV, Van Nieuwerburgh F, Deforce D, Chang C, Karol KG, Hedrich R, Ulvskov P, Glöckner G, Delwiche CF, Petrásek J, Van de Peer Y, Friml J, Beilby M, Dolan L, Kohara Y, Sugano S, Fujiyama A, Delaux PM, Quint M, Theißen G, Hagemann M, Harholt J, Dunand C, Zachgo S, Langdale J, Maumus F, Van Der Straeten D, Gould SB, Rensing SA. The Chara Genome: Secondary Complexity and Implications for Plant Terrestrialization. *Cell.* 2018 Jul 12;174(2):448-464.e24.

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

#	WM Dorsal	WM Ventral	Dataset ID	Birthdate Tag driver line	Reporter line	Age of Mouse	TM Stage	Mouse individual ID	Antibody	Detection Method	Download PNG Images
68			G2AN_TM11.8_L	Neurog2 <sup>CreER</sup> (G2A) (CDB3512T-1)	Tau <sup>WPP-Flag2</sup> , Synonyms: Mappin2 <sup>114</sup> (MGI:3590882) (JAX Stock: 02182)	P7	E11.5	3	chick anti-beta-galactosidase antibody (ab9261, Abcam) (RRID: AB_367210)	Leica SCN400	<a href="#">Download (9.4 GB)</a>
70			G2AN_TM12.5_L	Neurog2 <sup>CreER</sup> (G2A) (CDB3512T-1)	Tau <sup>WPP-Flag2</sup> , Synonyms: Mappin2 <sup>114</sup> (MGI:3590882) (JAX Stock: 02182)	P7	E12.5	2	rabbit anti-beta-galactosidase antibody (A1192, Molecular Probes) no longer available	Leica SCN400	<a href="#">Download (16.8 GB)</a>
75			G2AN_TM15.5_G	Neurog2 <sup>CreER</sup> (G2A) (CDB3512T-1)	Tau <sup>WPP-Flag2</sup> , Synonyms: Mappin2 <sup>114</sup> (MGI:3590882) (JAX Stock: 02182)	P7	E15.5	5	rabbit anti-GFP antibody (#936, MBL) (RRID: AB_891818)	Leica SCN400	<a href="#">Download (12.0 GB)</a>
76			G2AN_TM17.8_G	Neurog2 <sup>CreER</sup> (G2A) (CDB3512T-1)	Tau <sup>WPP-Flag2</sup> , Synonyms: Mappin2 <sup>114</sup> (MGI:3590882) (JAX Stock: 02182)	P7	E17.5	3	rabbit anti-GFP antibody (#936, MBL) (RRID: AB_891818)	Leica SCN400	<a href="#">Download (12.9 GB)</a>

神経細胞の発生タイミングの違いを利用してCreER-*loxP* 遺伝子組換えを誘導する「誕生日タグづけ法」を開発しました。この手法を用いる上で必要となるマウス系統のカタログ的な全脳切片画像のデータベース「NeuroGT (Brain Atlas of Neurogenic Tagging Mouse Lines)」を作成し公開しています。オープンサイエンスリソースとして、今後多くの研究の発展に貢献できると期待できます。

We developed the neurogenic tagging method that assigns CreER-*loxP* recombination to neuron subsets that are born at a different developmental timing. To encourage the use of this method, "NeuroGT database", a brain atlas of neurogenic tagging mouse lines, is open to public, offering people the opportunity to find specific neurogenic tagging CreER driver mice and the stages of tagging appropriate for their own research purposes. This open science resource can benefit various future research.

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

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

### Selected Publications

Hirata T, Tohsato Y, Itoga H, Shioi G, Kiyonari H, Oka S, Fujimori T, Onami S. NeuroGT: A brain atlas of neurogenic tagging CreER drivers for birthdate-based classification and manipulation of mouse neurons. *Cell Reports Methods*. 2021 Jul 26; 1(3):100012.

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):ENEURO.0234-19.2019.

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



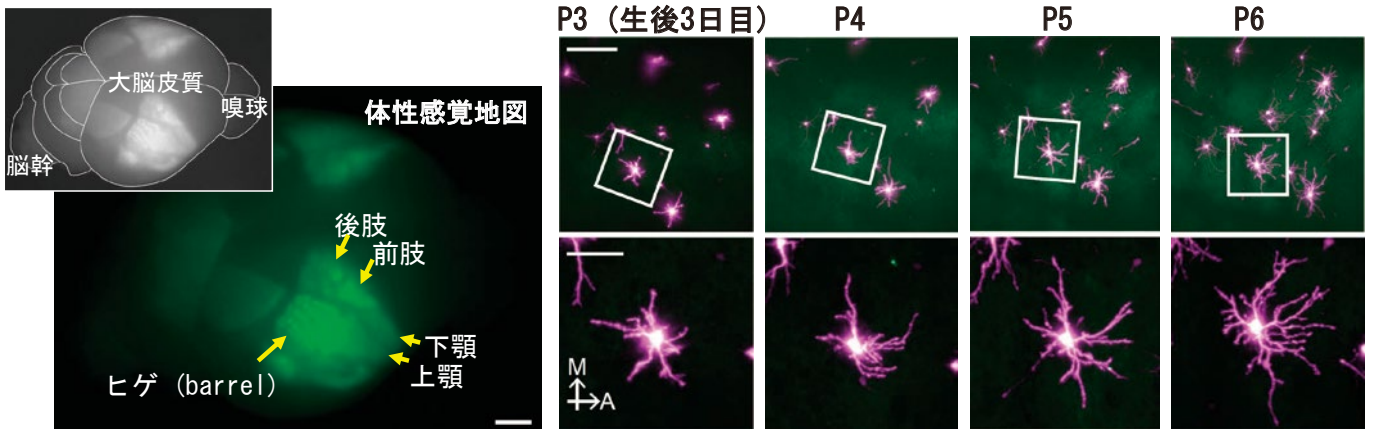
ZHU, Yan  
Assistant Professor  
トウー, ヤン 助教

<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(神経活動依存的な回路発達)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, molecular biology, *in utero* electroporation, histology and 2-photon *in vivo* imaging, 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



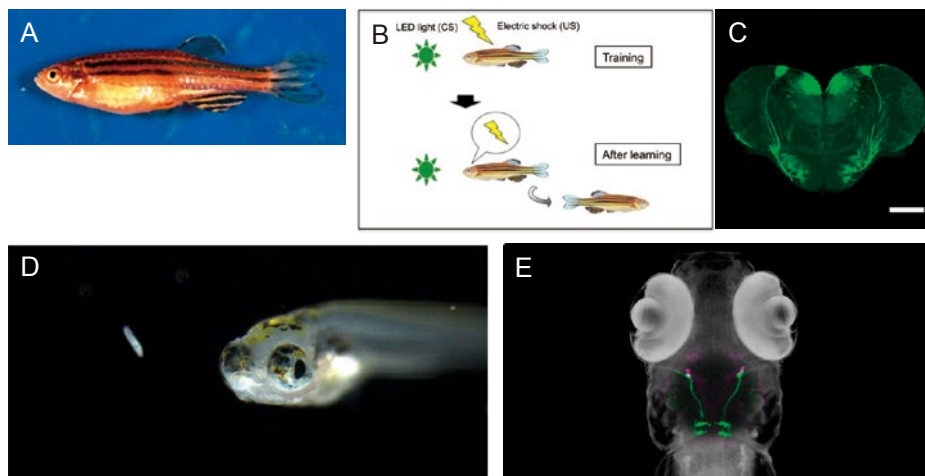
NAKAGAWA, Naoki  
 Assistant Professor  
 中川直樹 助教





# 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.

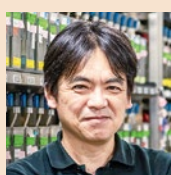
Lal P, Tanabe H, Suster ML, Ailani D, Kotani Y, Muto A, Itoh M, Iwasaki M, Wada H, Yaksi E, Kawakami K. Identification of a neuronal population in the telencephalon essential for fear conditioning in zebrafish. *BMC Biol.* 2018 Apr 25;16(1):45.

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.

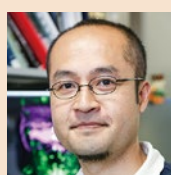
Laboratory of Molecular and Developmental Biology 発生遺伝学研究室

<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



ASAKAWA, Kazuhide  
Specially Appointed Associate Professor  
浅川和秀 特命准教授



# 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

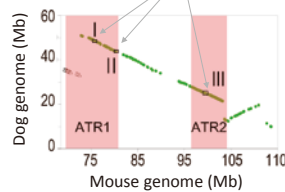


イヌゲノムとの比較解析



高い能動的従順性を示すイヌとマウス

イヌとマウスで従順性に関わる候補領域



野生由来の遺伝的に多様なマウス集団を用いて選択交配を行い、遺伝的にヒトになつたマウス集団を樹立した。遺伝解析の結果、ヒトになつく行動に関わる遺伝子はマウス11番染色体上に存在しており、この相同領域はイヌの家畜化にも重要な役割を果たしていることが分かった。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、世界各地で捕獲されたマウスをもとに樹立された野生由来系統を用い、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

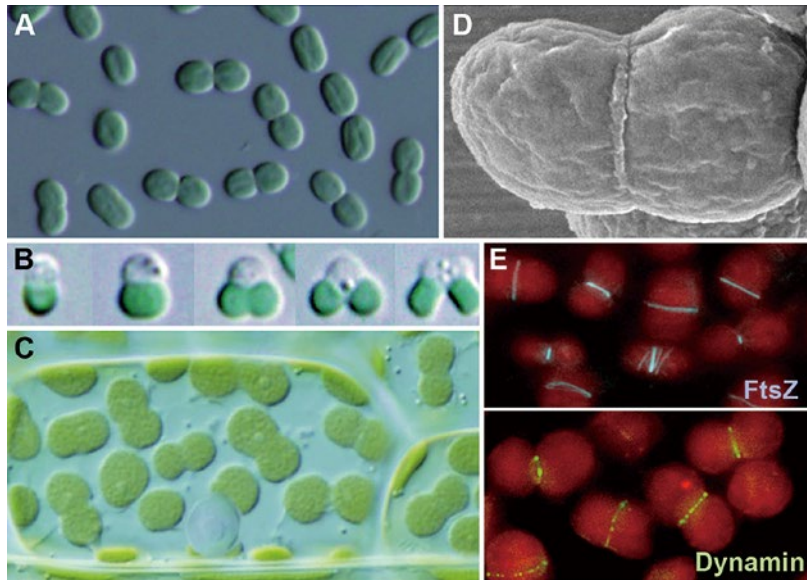
<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/koide/>





# 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



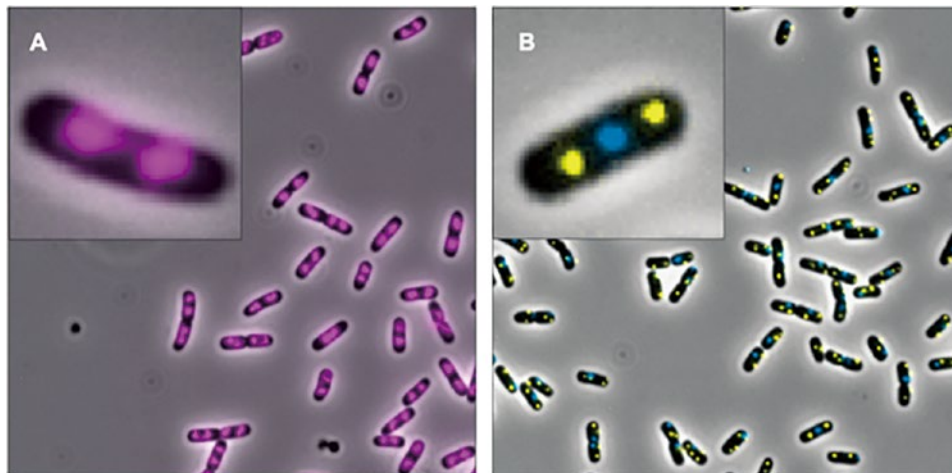
HIROOKA, Shunsuke  
Project Assistant Professor  
廣岡俊亮 特任助教

<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

Seike T, Sakata N, Shimoda C, Niki H, Furusawa C. The sixth transmembrane region of a pheromone G-protein coupled receptor, Map3, is implicated in discrimination of closely related pheromones in *Schizosaccharomyces pombe*. *Genetics*. 2021 Dec 10;219(4):iyab150.

Nakai R, Wakana I, Niki H. Internal microbial zonation during the massive growth of marimo, a lake ball of *Aegagropilina linnaei* in Lake Akan. *iScience*. 2021 Jun 12;24(7):102720.

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

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

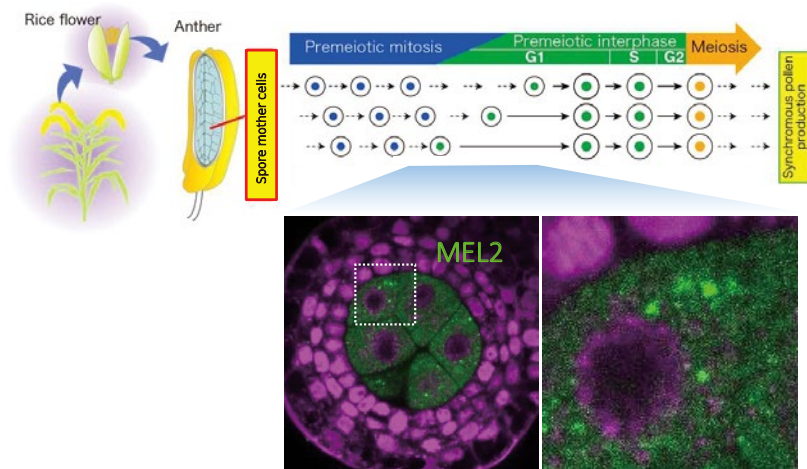
<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/niki/>





# 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

Kawai K, Takehara S, Kashio T, Morii M, Sugihara A, Yoshimura H, Ito A, Hattori M, Toda Y, Kojima M, Takebayashi Y, Furuumi H, Nonomura KI, Mikami B, Akagi T, Sakakibara H, Kitano H, Matsuoka M, Ueguchi-Tanaka M. Evolutionary alterations in gene expression and enzymatic activities of gibberellin 3-oxidase 1 in *Oryza*. *Commun Biol*. 2022 Jan 19;5(1):67.

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. *Plant Cell*. 2021 Mar 22;33(1):85-103.

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



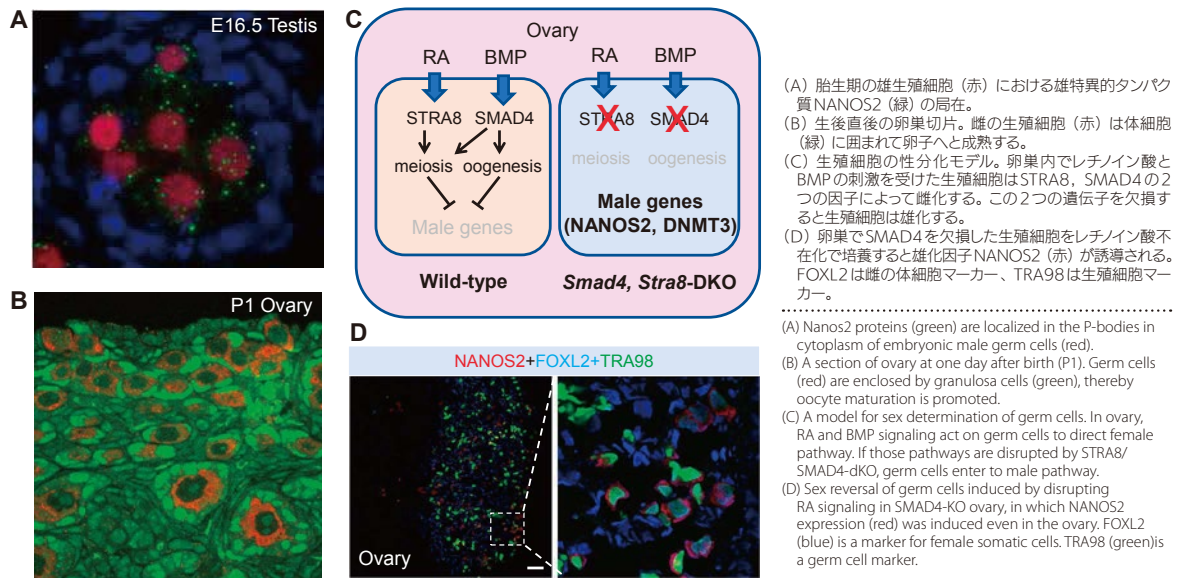
TSUDA, Katsutoshi  
Assistant Professor  
津田勝利 助教

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



# 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

Ajima R, Sakakibara Y, Sakurai-Yamatani N, Muraoka M, Saga Y. Formal proof of the requirement of MESP1 and MESP2 in mesoderm specification and their transcriptional control via specific enhancers in mice. *Development*. 2021 Oct 15;148(20):dev194613.

Fukuda K, Muraoka M, Kato Y, Saga Y. Decoding the transcriptome of pre-granulosa cells during the formation of primordial follicles in the mouse. *Biol Reprod*. 2021 Jul 2;105(1):179-191.

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.

Zhao W, Oginuma M, Ajima R, Kiso M, Okubo A, Saga Y. Ripply2 recruits proteasome complex for Tbx6 degradation to define segment border during murine somitogenesis. *Elife*. 2018 May 15;7:e33068.

Mammalian Development Laboratory

### 発生工学研究室



KATO, Yuzuru  
Assistant Professor  
加藤 譲 助教



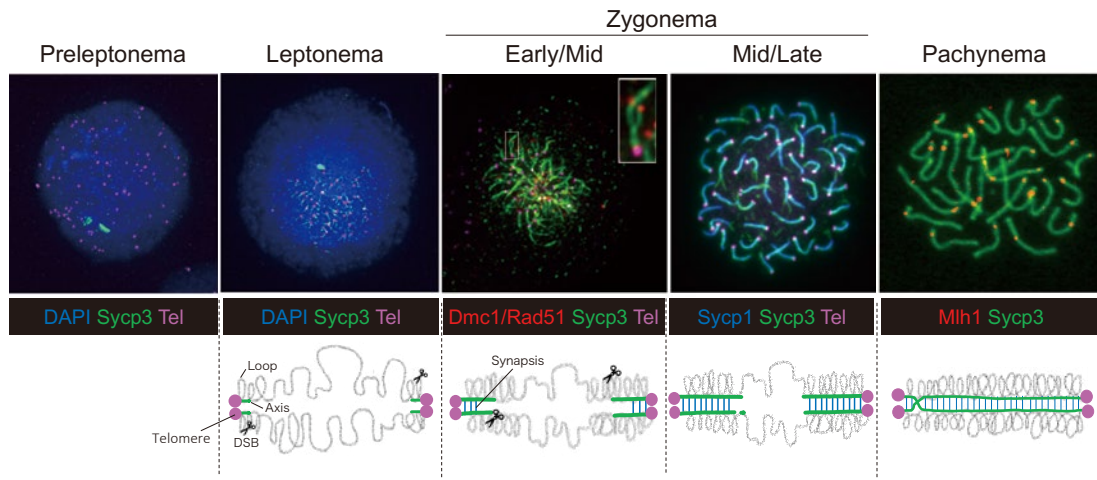
AJIMA, Rieko  
Assistant Professor  
安島理恵子 助教





# Analyses of developmental 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



ヒトやゼブラフィッシュの精母細胞では組換えがテロメア近傍で起こりやすい。ゼブラフィッシュを用いることで、減数分裂期の染色体軸構造と相同染色体間の物理的な接着（シナプシス）がテロメア近傍から始まり、組換えに必要なことが明らかとなった。

In human and zebrafish spermatocytes, meiotic recombination predominantly occurs near telomeres. Our studies in zebrafish showed that formation of meiotic chromosome axes and physical connection between homologous chromosomes (synapsis) begin near telomeres, and are required for proper recombination.

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

Imai Y, Saito K, Takemoto K, Velilla F, Kawasaki T, Ishiguro KI, Sakai N. Sycp1 Is Not Required for Subtelomeric DNA Double-Strand Breaks but Is Required for Homologous Alignment in Zebrafish Spermatocytes. *Front Cell Dev Biol.* 2021 Mar 26;9:664377.

Imai Y, Olaya I, Sakai N, Burgess SM. Meiotic Chromosome Dynamics in Zebrafish. *Front Cell Dev Biol.* 2021 Oct 8;9:757445.

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.

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

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

### Sakai Group 酒井研究室



SAKAI, Noriyoshi  
Associate Professor  
酒井則良 准教授

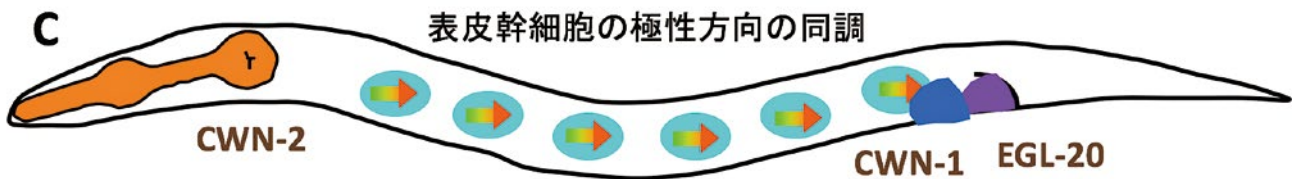
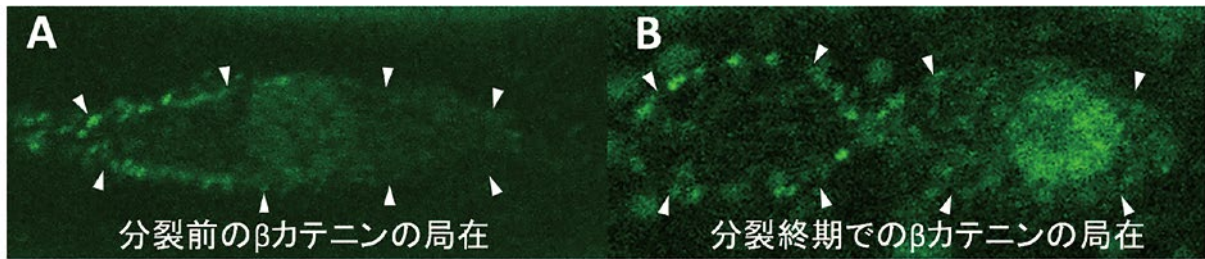


KAWASAKI, Toshihiro  
Assistant Professor  
河崎敏広 助教



# Generation of cellular diversity by asymmetric cell division

## 非対称分裂による細胞多様性創出機構



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

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

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

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

### Selected Publications

Negishi T, Kitagawa S, Horii N, Tanaka Y, Haruta N, Sugimoto A, Sawa H, Hayashi K, Harata M, Kanemaki MT. The auxin-inducible degron 2 (AID2) system enables controlled protein knockdown during embryogenesis and development in *Caenorhabditis elegans*. *Genetics*. 2021 Dec 2; iyab218.

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  $\beta$ -catenin in *C. elegans*. *Cell*. 2011 Sep 16;146(6):942-54.

Multicellular Organization Laboratory 多細胞構築研究室

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

### Sawa Group 澤研究室



SAWA, Hitoshi  
Professor  
澤 齊 教授



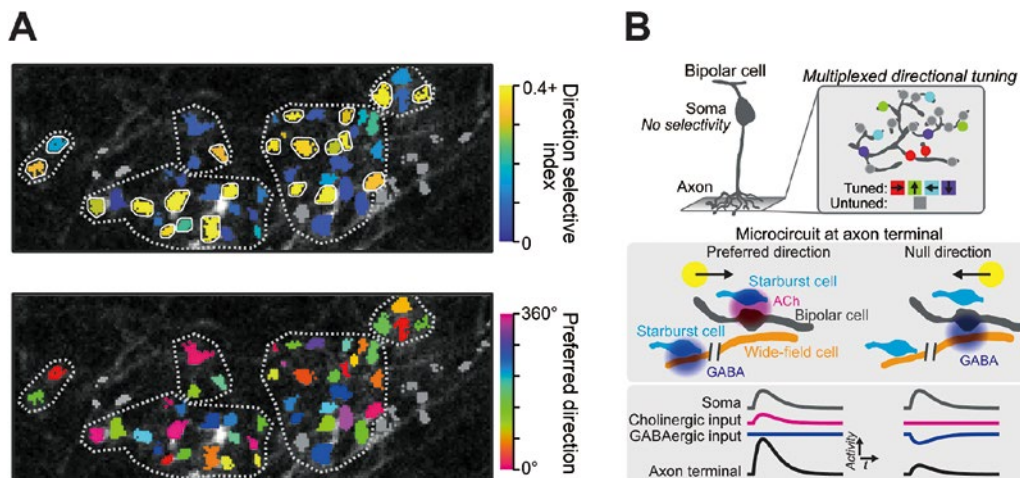
NEGISHI, Takefumi  
Assistant Professor  
根岸剛文 助教





# 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) マウス網膜双極細胞の軸索末端から二光子イメージングを行い、軸索末端シナプスからのグルタミン酸放出に方向選択性があることを発見した。上段：選択性の強度。下段：選好方向。  
 (B) 軸索末端へ入力するアセチルコリン及びGABAシグナルにより方向選択性が形成される。軸索末端による神経演算という新しい概念が提唱された。

(A) Two-photon imaging from axon terminals of mouse retinal bipolar cells revealed directional selectivity in glutamate release from axon terminal synapses. Upper panel: intensity of selectivity. Bottom: Preferred direction. (B) Directional selectivity is formed by acetylcholine and GABA signals input to axon terminals. A new concept of neural computation by axon terminals has been proposed.

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

Matsumoto A, Agbariah W, Nolte SS, Andrawos R, Levi H, Sabbah S, Yonehara K. Direction selectivity in retinal bipolar cell axon terminals. *Neuron*. 2021 Sep 15;109(18):2928-2942.e8.

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.

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/>

### Yonehara Group 米原研究室

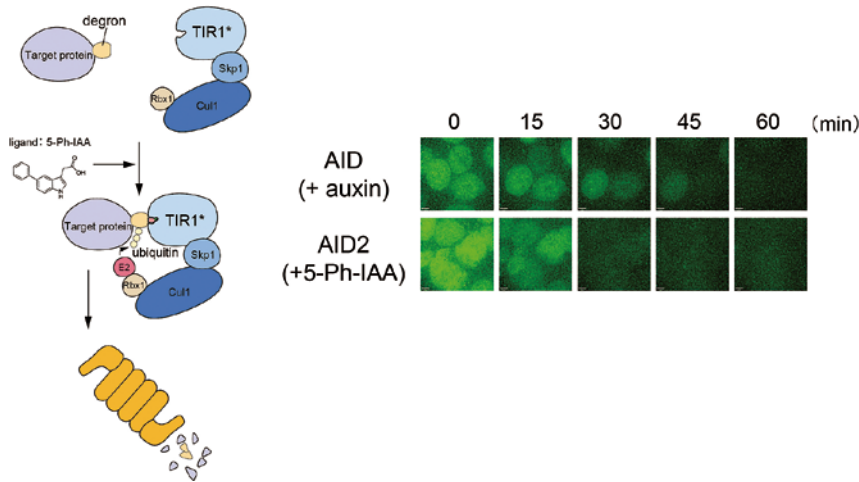


YONEHARA, Keisuke  
 Professor  
 米原圭祐 教授



# 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alog 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な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

Kanemaki MT. Ligand-induced degrons for studying nuclear functions. *Curr Opin Cell Biol.* 2022 Jan 19;74:29-36.

Saito Y, Kanemaki MT. Targeted Protein Depletion Using the Auxin-Inducible Degron 2 (AID2) System. *Curr Protoc.* 2021 Aug;1(8):e219.

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.

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

Kanemaki Group 鐘巻研究室



KANEMAKI, Masato  
Professor  
鐘巻将人 教授

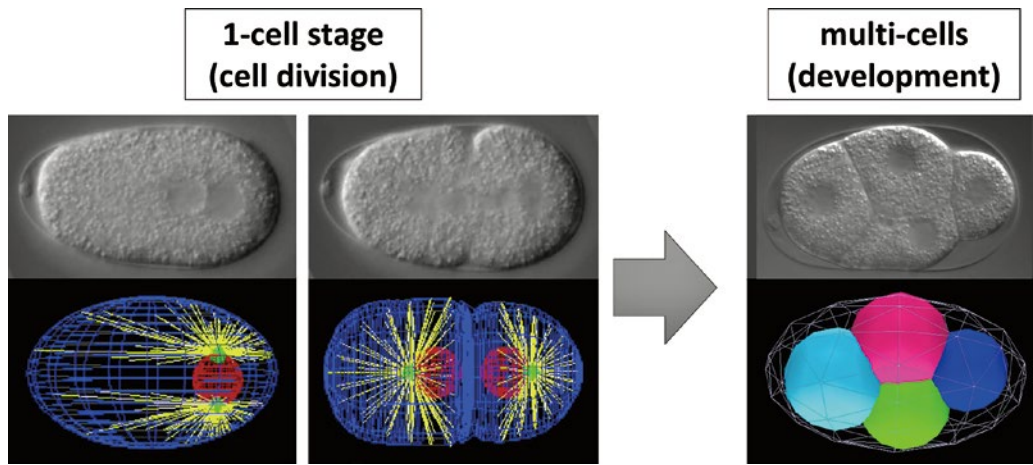
<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/kanemaki/>





# Understanding cell architecture through quantitative microscopy and structural calculations

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



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

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

細胞は自然が造りあげたみごとな建築物です。細胞はその内部で、“適切なサイズ”で形成された細胞内小器官が“適材適所に”配置していますが、この調和は中枢からの指令に基づくものではなく、多くの分子が自己組織的に作り上げています。細胞建築研究室では、「『建築家のいない建築』がどのように構築されているか?」をテーマに、細胞の顕微鏡観察と定量化、力学計算などの手法を駆使し、細胞核などの細胞内小器官が適切なサイズに制御され、適切な場所に配置するしくみを研究しています。

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

## Selected Publications

Kimura A. Quantitative Biology–A Practical Introduction. Springer 2022

木村暁「細胞建築学入門」工学社 2019.

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

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



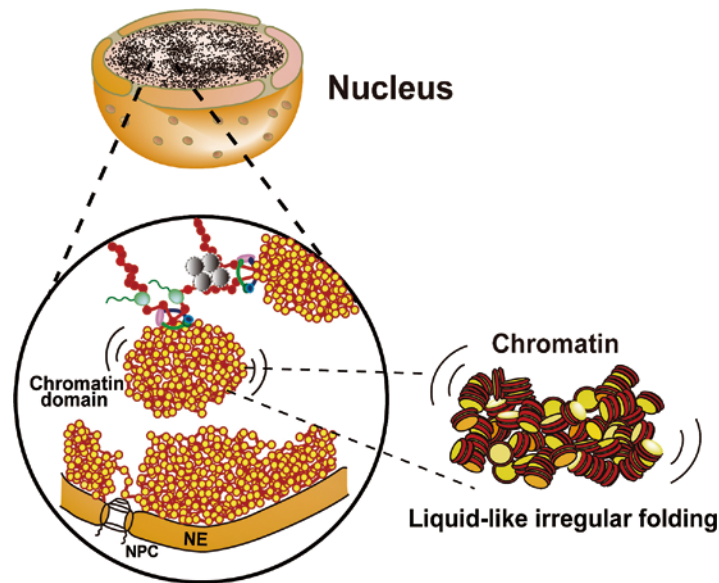
TORISAWA, Takayuki  
Assistant Professor  
鳥澤 嵩征 助教

<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, Sasaki A, Kawamoto Y, Bando T, Sugiyama H, Maeshima K. Telomere-specific chromatin capture using a pyrrole-imidazole polyamide probe for the identification of proteins and non-coding RNAs. *Epigenetics Chromatin*. 2021 Oct 9;14(1):46.

Maeshima K, Iida S, Tamura S. Physical Nature of Chromatin in the Nucleus. *Cold Spring Harb Perspect Biol*. 2021 May 3;13(5):a040675.

Itoh Y, Iida S, Tamura S, Nagashima R, Shiraki K, Goto T, Hibino K, Ide S, Maeshima K. 1,6-hexanediol rapidly immobilizes and condenses chromatin in living human cells. *Life Sci Alliance*. 2021 Feb 3;4(4):e202001005.

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

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



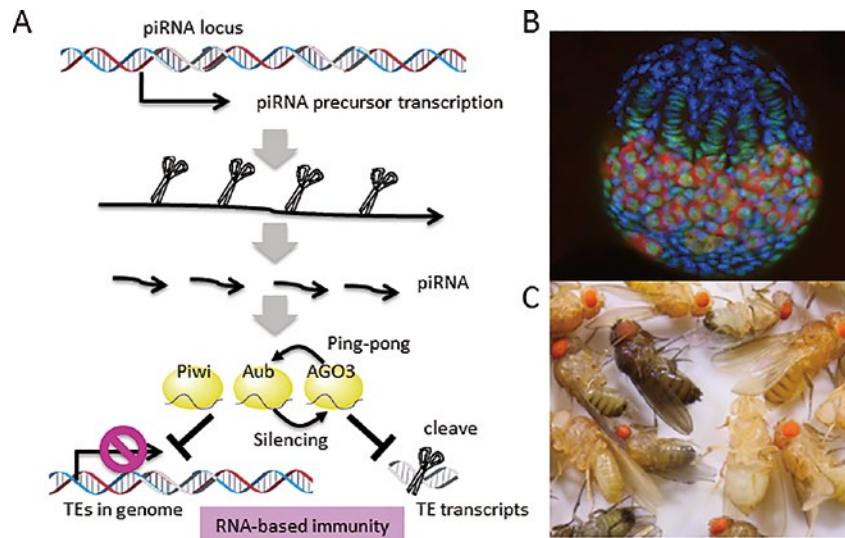
HIBINO, Kayo  
Assistant Professor  
日比野佳代 助教





# 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

Ichiyanagi K, Saito K. The fifth Japanese meeting on biological function and evolution through interactions between hosts and transposable elements. *Mob DNA*. 2022 Jan 13;13(1):3.

Yamaguchi S, Oe A, Nishida KM, Yamashita K, Kajiya A, Hirano S, Matsumoto N, Dohmae N, Ishitani R, Saito K, Siomi H, Nishimasu H, Siomi MC, Nureki O. Crystal structure of *Drosophila* Piwi. *Nat Commun*. 2020 Feb 12;11(1):858.

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, Eizadshenas 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.

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/>

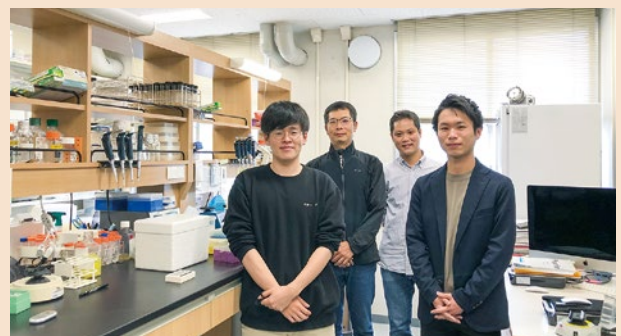
### Saito Group 齋藤研究室



SAITO, Kuniaki  
Professor  
齋藤都暁 教授

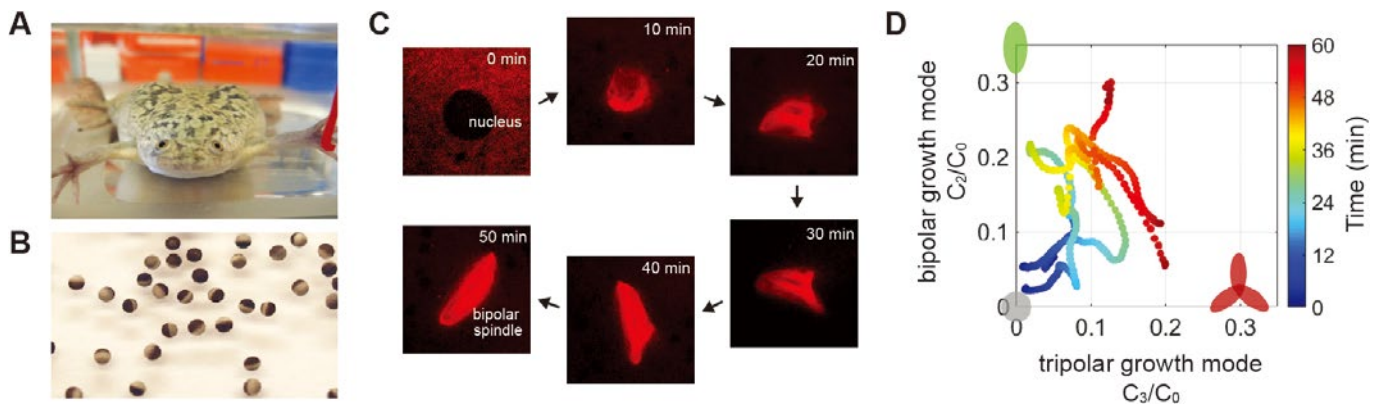


MIYOSHI, Keita  
Assistant Professor  
三好啓太 助教



# Molecular and cellular biophysics dissecting cell division and development

生物物理の最先端技術で細胞分裂と胚発生の分子機構を解き明かす



アフリカツメガエル (A) とマウスをモデルに、胚発生初期の細胞内ダイナミクスを研究している。最近の研究では、ツメガエル卵 (B) から抽出した細胞質を使って紡錘体の形成過程を詳細に可視化解析し (C)、染色体分配に必須の構造が自己組織的に構築される径路を明らかにした (D)。

Our laboratory studies intracellular dynamics of eggs and embryos using African clawed frogs and mice as model systems. Recently, we have revealed using cytoplasmic extracts prepared from frog eggs (A, B) the morphological growth paths of the spindle, the chromosome segregation machine needed for error-free cell division (C, D).

私達の体を構成する細胞の内には核や紡錘体を初めとするミクロンサイズの構造体が多様に存在し、そのかたちや大きさをダイナミックに変化させながら染色体の動態を制御しています。当研究室では、生物物理に立脚した独自の顕微操作技術、一分子イメージング、試験管内再構成等の手法を駆使してこれらの構造体が表示する時空間的变化を高解像で捉え、細胞分裂や胚発生の成功を支える分子機構を定量的視点から解明すべく研究を進めています。

In most cells of our body, a variety of micron-sized structures, such as the nucleus and the mitotic spindle, assemble and function to control chromosome dynamics. Our laboratory uses advanced biophysical technologies, including controlled intracellular micromanipulation, single-molecule imaging, and *in vitro* reconstitution, to quantitatively capture and manipulate such intracellular dynamics and unveil the intricate molecular mechanisms ensuring proper cell division and embryonic development.

## Selected Publications

Mori M, Yao T, Mishina T, Endoh H, Tanaka M, Yonezawa N, Shimamoto Y, Yonemura S, Yamagata K, Kitajima TS, Ikawa M. RanGTP and the actin cytoskeleton keep paternal and maternal chromosomes apart during fertilization. *J Cell Biol.* 2021 Oct 4;220(10):e202012001.

Yan L, Fukuyama T, Yamaoka M, Maeda YT, Shimamoto Y. Examining the assembly pathways and active microtubule mechanics underlying spindle self-organization. *arXiv.* 2020 Nov 30; 2011.14592.

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.

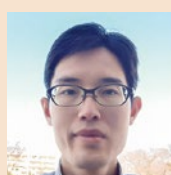
Physics and Cell Biology Laboratory 物理細胞生物学研究室

<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



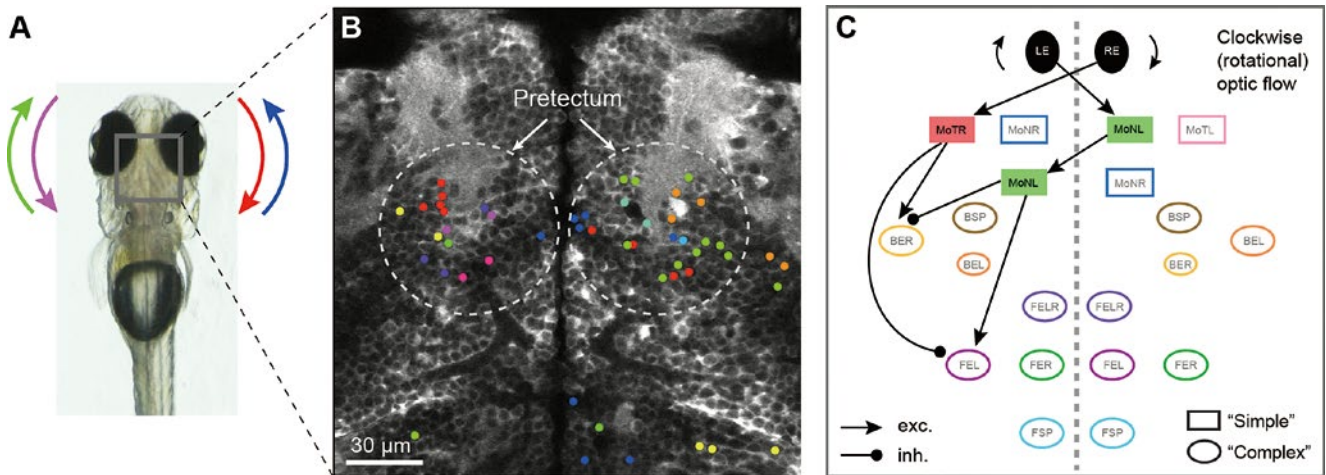
SAITO, Kei  
Assistant Professor  
斎藤 慧 助教





# 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) 視野の動きの情報を抽出し、適切な行動を生み出すための神経回路のモデル。  
 (A) A larval zebrafish at 5 days post fertilization. Arrows indicate visual motion stimuli presented to the zebrafish. (B) Calcium imaging and quantitative analysis reveal the activity pattern of multiple neuron types in a brain region (e.g. pretectum) involved in the visual processing. (C) Predicted wiring diagram of the whole-field motion processing circuit in the pretectum.

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

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

### Selected Publications

Matsuda K, Kubo F. Circuit Organization Underlying Optic Flow Processing in Zebrafish. *Front Neural Circuits*. 2021 Jul 21;15:709048.

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.

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.

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.

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

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

Kubo Group 久保研究室

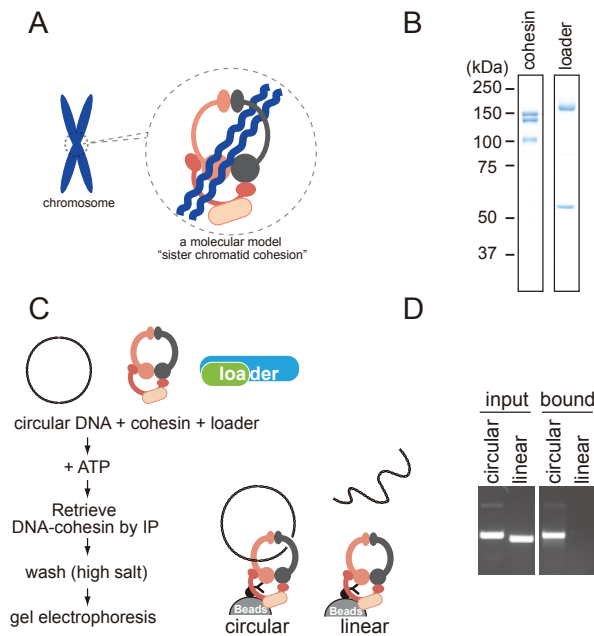


KUBO, Fumi  
Associate Professor  
久保 郁 准教授



## 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





## Human genome sciences, molecular biology

## ヒトゲノム科学、分子生物学

国際ヒトゲノム計画日本代表。ヒトレトロトランスポゾンLINEの発見（1986）、ヒト時計遺伝子 *Period* の発見（1997）、ヒト21番染色体全解読（2000）など。

**主な受賞:** 文化功労者、紫綬褒章（2003）、中日文化賞（2003）、日本人類遺伝学会賞（2001）など多数。

The Japanese representative of the Human Genome Project. Discovery of human retrotransposon LINE and human clock gene *Period*, and the complete sequencing of human chromosome 21.

**Major Awards:** The Order of Cultural Merit, The Medal with Purple Ribbon (2003), Chunichi Culture Award (2003), Award of Japanese Society of Human Genetics (2001), etc.



SAKAKI, Yoshiyuki  
Advisory Board  
(Professor Emeritus, The University of Tokyo)

榎 佳之  
アドバイザリーボード  
(東京大学名誉教授)

## Structure and functions of the proteasome

## プロテアソームの構造と機能

プロテアソームはコピキチンをパートナーとする真核生物の巨大で複雑なタンパク質分解酵素複合体である。本酵素の分子構造や形成機構から細胞内における作動機構そして病態生理学的意義について包括的に解明する。「プロテアソーム」の発見者。

**主な受賞:** 文化功労者、朝日賞（2004）、日本学士院賞（2010）など多数。

The proteasome is a supramolecular proteolytic enzyme complex with ubiquitin as its partner in eukaryotes. We will comprehensively elucidate the molecular structure and assembling mechanism of this enzyme, its intracellular action mechanism, and its pathophysiological significance. Discoverer of "Proteasome".

**Major Awards:** The Order of Cultural Merit, The Asahi Prize (2004), Japan Academy Prize (2010), etc.



<https://www.igakuken.or.jp/pro-meta/>

TANAKA, Keiji  
Advisory Board  
(Board Chairperson, Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science)

田中啓二  
アドバイザリーボード  
(東京都医学総合研究所理事長)

Genetic control of embryonic development in *Drosophila*

## ショウジョウバエ胚発生の遺伝的制御

ショウジョウバエの胚を用いて、細胞運命決定を制御する遺伝子ネットワークと細胞の挙動を制御する機械的・細胞生物学的な特徴にどのような関連があるのかを研究している。

**主な受賞:** ノーベル生理学・医学賞（1995）、英国遺伝学会メンデル・メダル、米国科学アカデミー会員など多数。

Wieschaus's research program focuses on the connection between the genetic circuits that define cell fate in the *Drosophila* embryo and the mechanical and cell biological properties that govern cell behaviors during early development.

**Major Awards:** Nobel Prize in Physiology or Medicine (1995), Mendel Medal of the Genetics Society, Member of the National Academy of Sciences, etc.



<https://scholar.princeton.edu/wieschauslab>

WIESCHAUS, Eric  
Advisory Board  
(Professor Emeritus, Princeton University)

ヴィーシャウス, エリック  
アドバイザリーボード  
(プリンストン大学名誉教授)

## Stem cells and early embryo development in mammals

## 哺乳類の幹細胞と初期胚発生

初期胚に由来する様々な幹細胞は、細胞の運命決定のメカニズムを研究するための優れたツールになる。これによって明らかとなったメカニズムがヒトの発生機構の理解につながると考える。

**主な受賞:** 英国王立協会フェロー、Howard Hughes International Scholar、the 2015 Gairdner Wightman Award など多数。

Derivation of different stem cell types from the early embryo has provided tools to study the mechanisms underlying cell fate decisions. Implications of these findings for understanding human development are the current focus of research.

**Major Awards:** Fellow of the Royal Society, Howard Hughes International Scholar, the 2015 Gairdner Wightman Award, etc.



ROSSANT, Janet  
Advisory Board  
(President, The Gairdner Foundation)  
(Professor Emeritus, University of Toronto)

ロサント, ジャネット  
アドバイザリーボード  
(ガードナー財団理事長)  
(トロント大学名誉教授)

## The control of mitosis by protein phosphorylation

## タンパク質のリン酸化を介する細胞分裂制御

わたしの最後の発見は、タンパク質脱リン酸化酵素 (PP2A) の活性が、リン酸化の基質となりうる脱リン酸化酵素阻害因子によるフィードバック制御によって分裂期に減少するということである。「サイクリン」の発見者。

**主な受賞:** EMBOメンバー、ノーベル生理学・医学賞受賞（2001）など多数。

I retired from active research in 2010. My last discovery was that protein phosphatase 2A activity was reduced in mitosis by a feedback circuit involving a highly specific phosphorylatable phosphatase inhibitor. Discoverer of "Cyclin".

**Major Awards:** EMBO Member, Nobel Prize in Physiology or Medicine (2001), etc.



HUNT, Tim  
Advisory Board  
(Visiting Researcher, Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University)  
(Emeritus Scientist, The Francis Crick Institute)

ハント, ティム  
アドバイザリーボード  
(沖縄科学技術大学院大学客員研究員)  
(フランス・クリック研究所名誉研究者)

## 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/directory/profile?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.iew.unibe.ch/>

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

パイケル, ケイティー  
客員教授  
(ベルン大学教授)

## Critical periods of brain development

### 脳発達における臨界期

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)

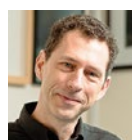
## Chromatin dynamics and evolution

### 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



(2021年度実績)

知的財産 Intellectual Property		件数 QUANTITY
特許出願	Patent application	21件
特許登録	Patent registration	9件
企業との共同・受託研究契約等 Joint research agreement with the private sector		34件
ライセンス、有償MTA契約	License agreement	38件
MTA	Material Transfer Agreement	809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

Scholz AH, Freitag J, Lyal CHC, Sara R, Cepeda ML, Cancio I, Sett S, Hufton AL, Abebaw Y, Bansal K, Benbouza H, Boga HI, Brisse S, Bruford MW, Clissold H, Cochrane G, Coddington JA, Deletoille AC, García-Cardona F, Hamer M, Hurtado-Ortiz R, Miano DW, Nicholson D, Oliveira G, Bravo CO, Rohden F, Seberg O, Segelbacher G, Shouche Y, Sierra A, Karsch-Mizrachi I, da Silva J, Hautea DM, da Silva M, Suzuki M, Tesfaye K, Tiambo CK, Tolley KA, Varshney R, Zambrano MM, Overmann J. Multilateral benefit-sharing from digital sequence information will support both science and biodiversity conservation. Nat Commun. 2022 Feb

23;13(1):1086.

鈴木睦昭. 採択から10年目を迎えた名古屋議定書とデジタル配列情報の課題. 日本知財学会誌. Vol.18 No.1-2021:32-41

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關しての議題. 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

NIG INNOVATION

### 産学連携・知的財産室



SUZUKI, Mutsuki  
Director  
鈴木睦昭 室長

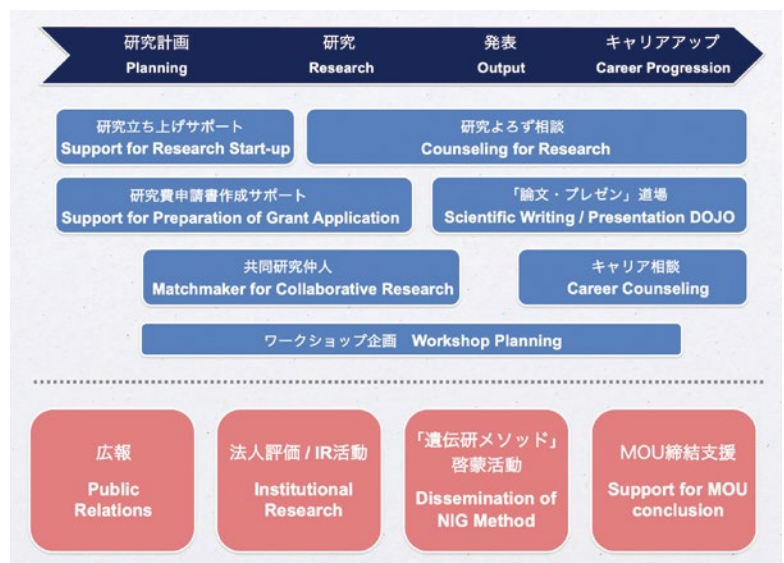
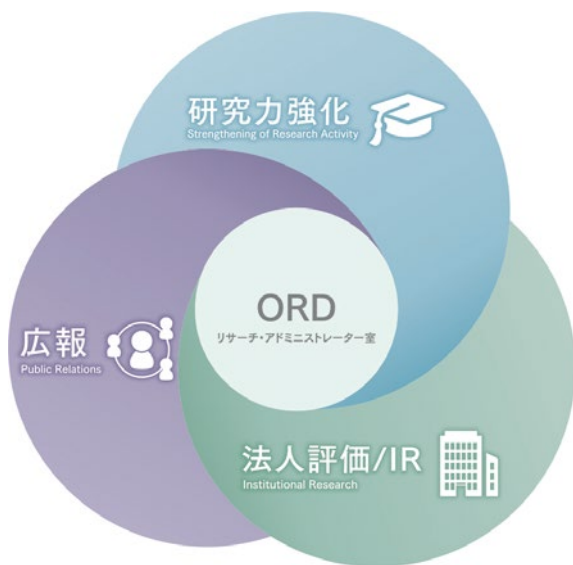
<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/suzukim/>





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

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



「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, Mitsuhiko  
Director  
来栖光彦 室長



SEINO, Hiroaki  
Assistant Professor  
清野浩明 助教

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



# Office for Gender Equality

## 男女共同参画推進室



多目的保育室  
Multi-purpose nursery room



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



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

男女共同参画推進室は、遺伝研のニーズや地域性に合わせ、以下のような支援活動を展開しています。

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

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

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



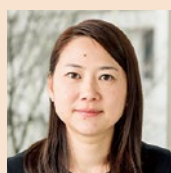
HIRATA, Tatsumi  
Director

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)



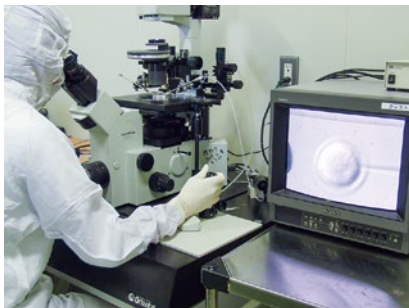
MIYAHARA, Kazuki  
Staff

宮原一樹 室員(兼)

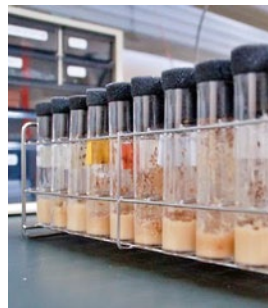


# Technical Section

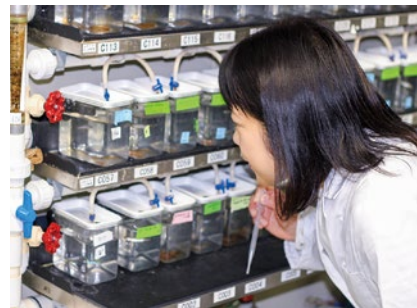
## 技術課



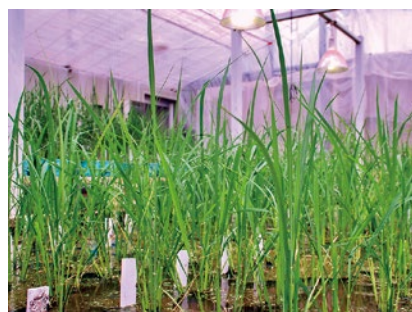
遺伝子改変マウス作製支援  
Transgenic mouse production service



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。

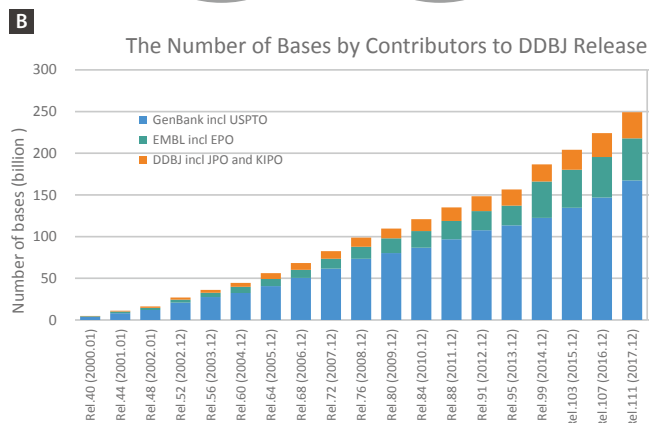
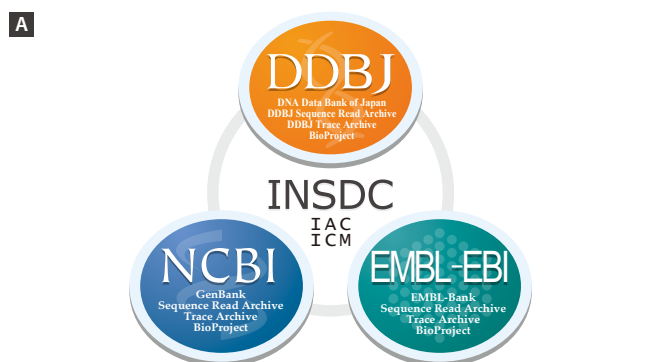
センターでは国内研究者向けにスーパーコンピュータ (スパコン) の無償貸出も行っています。毎年1000名以上の登録者がスパコンを利用した生命科学を実施しています。

### 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 1000 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 システム管理部部長



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)

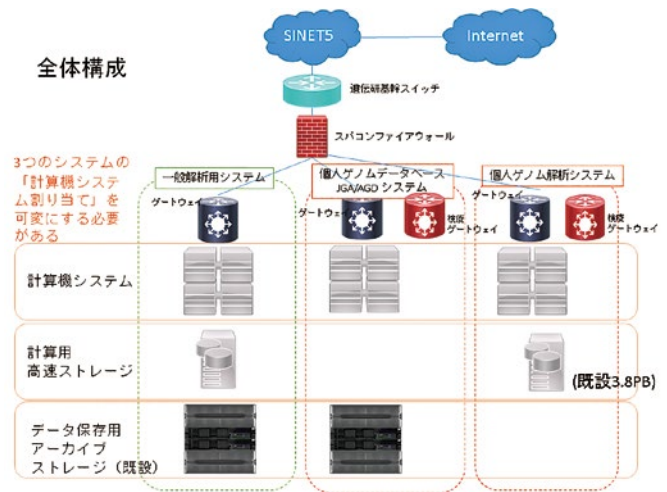
SHIMIZU, Atsushi  
清水厚志 (岩手医科大学)  
SHIRAIISHI, Yuichi  
白石友一 (国立がん研究センター)  
KINOSHITA, Kengo  
木下賢吾 (東北大学)  
OKUBO, Kousaku  
大久保公策 (兼)

SAKURAI, Nozomu  
櫻井 望 (兼)  
TANIZAWA, Yasuhiro  
谷澤靖洋 (兼)  
TANJO, Tomoya  
丹生智也  
ABE, Takashi  
阿部貴志 (新潟大学)

KAMINUMA, Eli  
神沼英里 (名古屋市立大学)  
KRYUKOV, Kirill  
クリュコフ, キリル (兼)  
NAKAGAWA, So  
中川 草 (東海大学)

# 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 1000 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 1000 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析の要請に対し、最新のゲノム解析技術を基盤とした先端的ゲノム科学研究の共同利用・共同研究拠点として活動を進め、ゲノム科学の普及に努めています。また、情報・システム研究機構データサイエンス共同利用基盤施設のゲノムデータ解析支援センターと密接に連携し、ゲノム解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
- 新興再興感染症の対応
- 情報共有と情報セキュリティ体制の確立
- 生命研究各分野への先端ゲノミクスの応用と支援

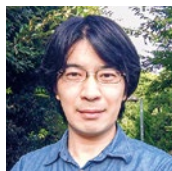
## ■ 先端ゲノミクス推進センターは、常に最先端の技術と情報をコミュニティに提供できるよう施設の整備を進めています。

Advanced Genomics Center  
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)



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



MORI, Hiroshi  
Division Head (Data Analysis)  
森 宙史  
データ解析部門長

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

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

- 動物：ヒト、ラット、マウス、チンパンジー、ニホンザル、クジラ、イヌ、コウモリ、スナグサ、ワラビー、アフリカツメガエル、シーラカンス、メダカ、線虫、ショウジョウバエ、アゲハ、カイコ、クワコ、クマムシなど
- 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
- 微生物等：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、新型コロナウイルス
- 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

□ Sequencing Division  
シーケンシング部門□ Data Analysis Division  
データ解析部門

KOHARA, Yuji Project Professor  
小原雄治 特任教授 (兼)

FUJIYAMA, Asao Specially Appointed Professor  
藤山秋佐夫 特命教授

INOUE, Ituro Professor  
井上逸朗 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)

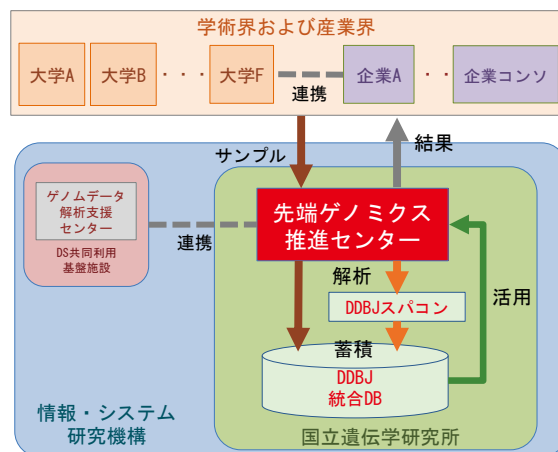
HIGASHI, Koichi Assistant Professor  
東 光一 助教 (兼)

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

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

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

## ■ 共同研究・共同利用・受託研究の流れ



# Genetic Resource Center

## 生物遺伝資源センター

生物遺伝資源センターは、バイオリソース部門、植物育成・開発支援部門、ゲノム変異マウス開発支援部門、バイオリソース情報部門から成り以下の事業を進めています。バイオリソース部門では大腸菌/枯草菌、イネ、マウス、ショウジョウバエ、ゼブラフィッシュ、線虫、ヒドラなどの生命科学を先導する様々な有用実験生物系統を開発すると共に国内外の大学や研究機関への分譲サービス、植物育成・開発支援部門ではイネの実験圃場の管理運営、ゲノム変異マウス開発支援部門では遺伝子改変マウスの開発の共同研究や受託を行っています。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)



KOIDE, Tsuyoshi  
Division Head (Development of Genetic-Engineered Mouse Resource)  
小出 剛  
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)

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

□ 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。

<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. オーキシン・デグロン系の活用支援
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.

<Main services>

1. Establish transgenic mice
2. Establish knock-out/knock-in mice using the CRISPR/Cas9 technique
3. Support for utilization of the AID system
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

KOIDE, Tsuyoshi  
Division Head

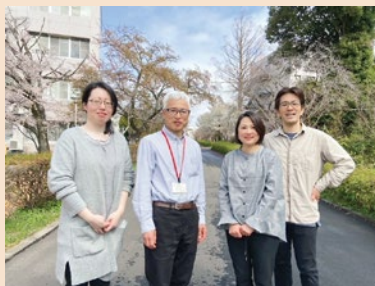
小出 剛 部門長(兼)

YAMATANI, Noriko  
Technical Staff

山谷 宣子 技術職員

KISO, Makoto  
Technical Staff

木曾 誠 技術職員(兼)



受精卵への遺伝子導入  
Microinjection into fertilized eggs

## Unit for Experimental Animal Care

### 動物飼育実験施設

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

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

Unit for Experimental Animal Care

<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.

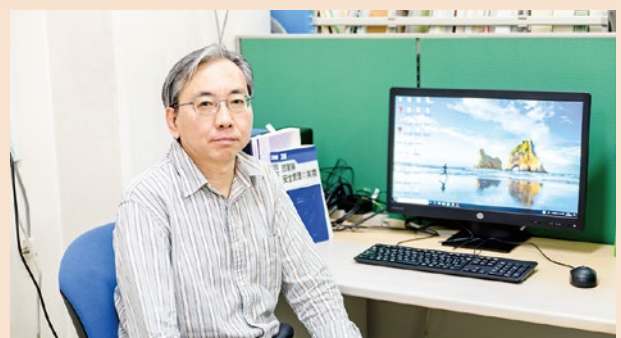
Radioisotope Unit

## 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

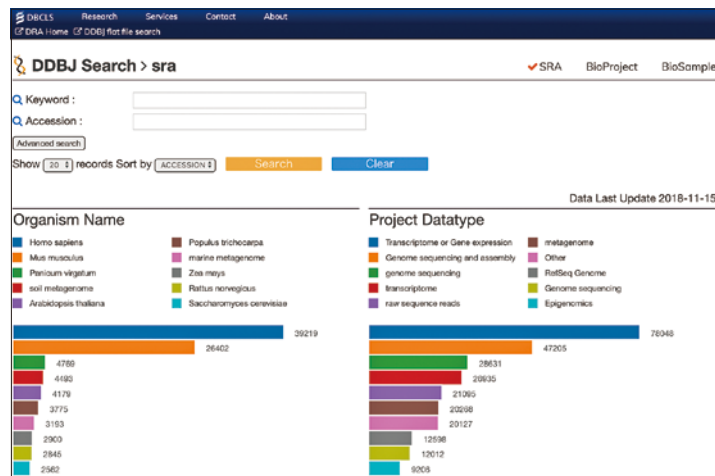
<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/andachi/>





## 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

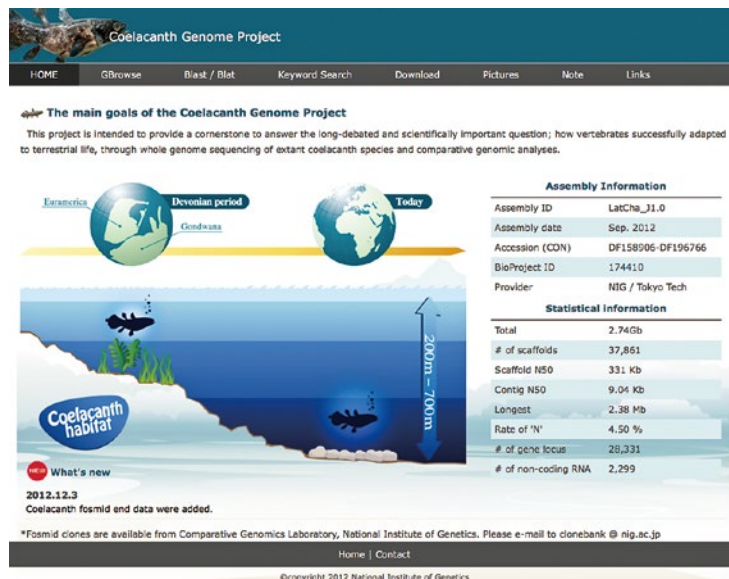
BONO, Hidemasa Visiting Professor 坊農秀雅 客員教授	ONO, Hiromasa Project Assistant Professor 小野浩雅 特任助教
NAITO, Yuki Project Assistant Professor 内藤雄樹 特任助教	NAKAZATO, Takeru Project Assistant Professor 仲里猛留 特任助教
OHTA, Tazro Project Assistant Professor 大田達郎 特任助教	

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

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

## Center for Genome Informatics (CGI)

## ゲノムデータ解析支援センター



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

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

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

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

Takada T, Fukuda K, Usuda D, Kushida T, Kondo S, Kawamoto S, Yoshiki A, Obata Y, Fujiyama A, Toyoda A, Noguchi H, Shiroishi T, Masuya H. MoG+: a database of genomic variations across three mouse subspecies for biomedical research. *Mamm Genome*. 2021 Nov 15.

Yamamoto K, Hamaji T, Kawai-Toyooka H, Matsuzaki R, Takahashi F, Nishimura Y, Kawachi M, Noguchi H, Minakuchi Y, Umen JG, Toyoda A, Nozaki H. Three genomes in the algal genus *Volvox* reveal the fate of a haploid sex-determining region after a transition to homothallism. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2021 May 25;118(21):e2100712118.

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, Fukuda 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.

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

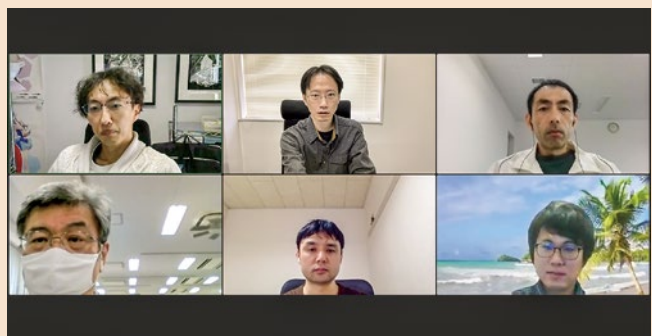
寺内 真 博士研究員

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)

ゲノム科学の拡大発展を受け、ゲノム解析技術が生命科学分野だけでなく多くの分野で必須になっていますが、これをさらに発展させるには実験・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学術変革領域研究『学術研究支援基盤形成』に2022年から6年間の予定で採択されたものです。第1期「先進ゲノム支援 (2016～2021年度)」を一層発展強化させ、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の支援等を通じて我が国のゲノム科学ひいては生命科学のピーク作りとすそ野拡大を進めます。

「先進ゲノム支援」には、以下のように大規模配列解析において6項目及び情報解析における4項目の支援と高度化の支援技術項目を設定し、それらを縦系横系として組み合わせた多様かつ高度な実験・情報解析支援を行います (図A)。

### ■ 大規模配列解析拠点ネットワーク支援活動

- A) 新規ゲノム決定、B) 変異解析、C) 修飾解析、D) RNA解析、E) メタゲノム、環境ゲノム、ホロゲノム解析、F) 超高感度解析

### ■ 情報解析支援ネットワーク活動

- A) 基盤的解析パイプライン、B) 総合的ゲノムアノテーション、C) 多層統合ゲノム情報解析技術、D) 超高度情報処理技術

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名および研究支援協力者10名が全国13の大学・研究機関から参加しています。

With the development of genomics, genome analysis technologies have become indispensable not only in the field of life sciences but also in many other fields. For further development, it is essential to develop and share large-scale, state-of-the-art analysis systems for both experimental and information analysis. Platform for Advanced Genome Science (PAGS) was adopted for this purpose for six years from 2022 as a platform in Grant-in-Aid for Transformative Research Areas (KAKENHI) — 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 4 items in bioinformatics analysis as warp and weft as shown in Figure A.

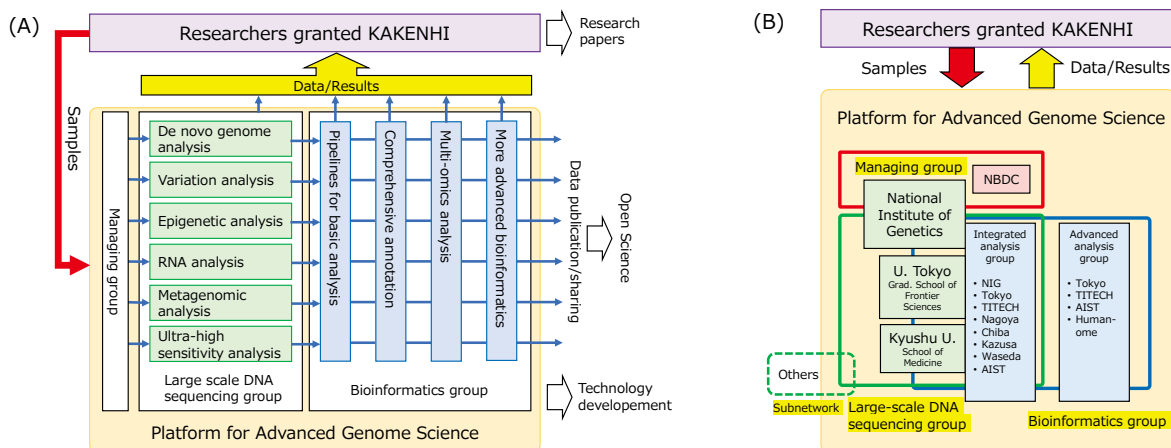
### ■ Large-scale DNA sequence analysis

- A) de novo genome analysis, B) Variation analysis, C) Epigenetic analysis, D) RNA analysis, E) Metagenomic analysis, F) Ultra-high sensitivity analysis

### ■ Bioinformatics analysis

- A) Pipelines for basic analysis, B) Comprehensive annotation, C) Multi-omics analysis, D) More advanced bioinformatics

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 22 members in total are participating in PAGS from 13 universities and research institutes.



## Members at NIG 遺伝研で活動する参加班員

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



KUROKAWA, Ken  
Principal Investigator, Professor  
黒川 顕  
研究支援代表者・教授

### 他の班員所属機関

東京大学、東京工業大学、千葉大学、名古屋大学、九州大学、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、かずさDNA研究所、ヒューマノーム研究所

- Large-scale DNA sequencing group  
大規模ゲノム解析  
TOYODA, Atsushi Project Professor  
○豊田 敦 特任教授  
INOUE, Ituro Professor  
一井ノ上逸朗 教授

- Advanced bioinformatics group  
高度情報解析  
NAKAMURA, Yasukazu Professor  
○中村保一 教授  
TANIZAWA, Yasuhiro Assistant Professor  
一谷澤靖洋 助教  
MORI, Hiroshi Associate Professor  
○森 宙史 准教授  
OGASAWARA, Osamu Project Associate Professor  
一小笠原 理 特任准教授

- HIGASHI, Koichi Assistant Professor  
一東 光一 助教  
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※  
□ Supervisor  
スーパーバイザー  
KOHARA, Yuji Project Professor  
一小原雄治 特任教授

※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)

# Whole Genome Analysis of Novel Coronavirus Conducted by the National Institute of Genetics

## 遺伝研が取り組む新型コロナウイルスの全ゲノム解析について

世界保健機構 (WHO) が新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) のパンデミックを 2020 年 3 月に宣言しました。COVID-19 の原因ウイルスである新型コロナウイルス (SARS-CoV-2) は RNA ウィルスで、感染拡大にともないウィルスゲノムには様々な変異が入ります。これら変異パターンはウィルスゲノムの解読によって明らかにすることができ、ウィルスの系統情報や感染ルート of 解明など感染症対策に大きく貢献できます。

COVID-19 流行初期の 2020 年 4 月以降、遺伝研は静岡県に感染拡大防止への協力を申し出て、同年 7 月に両者は調査協力に関する覚書を締結しました。その後、静岡県からの要請に基づき、2021 年 4 月より我々は静岡県から提供される検体サンプル (核酸物質) のゲノム解読を実施し、県内で人々に感染している SARS-CoV-2 の変異を高精度で明らかにしております。

本調査研究で解読した SARS-CoV-2 ゲノム配列は、国際塩基配列データベース (INSD)、及び GISAID を通じて公開しており、静岡県はもとより、日本、さらには世界の COVID-19 対策に貢献してきています。

The World Health Organization (WHO) declared COVID-19 pandemic in March 2020. The novel coronavirus that causes COVID-19 is the RNA virus SARS-CoV-2. As COVID-19 spreads, the SARS-CoV-2 genome undergoes various genetic mutations. These mutation patterns can be revealed by viral genome analyses, from which we can identify viral lineages and transmission routes. As a result of this process, we can make significant contribution to policies on infection control measures.

At the early stage of the COVID-19 pandemic around April 2020, the National Institute of Genetics (NIG) initiated a joint effort with Shizuoka Prefecture in preventing the spread of COVID-19 infection, and the two parties signed an agreement on research and investigation in July 2020. Subsequently, at the request of Shizuoka Prefecture, since April 2021, the National Institute of Genetics has conducted genome decoding of specimen samples provided by Shizuoka Prefecture, thereby clarifying with high precision the SARS-CoV-2 mutation that is spreading within the prefecture. As a result, we have contributed to the prefecture's COVID-19 countermeasures.

The SARS-CoV-2 genome sequences generated by this collaborative effort have been deposited into international public databases, such as INSD (the International Nucleotide Sequence Database) and GISAID (Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data), and have contributed to anti-COVID-19 measures not only in Shizuoka Prefecture, but also in Japan and in the world.



新型コロナウイルスの全ゲノム解析実施に関する覚書を静岡県と締結 (2021 年 4 月 30 日)

Signing of the Memorandum of Cooperation with Shizuoka Prefecture for the Implementation of Whole Genome Analysis of Novel Coronavirus (April 30, 2021)

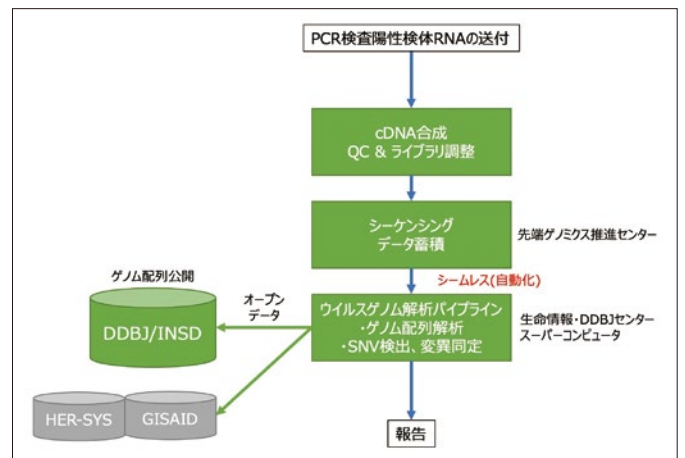


図 1: 遺伝研での SARS-CoV-2 のゲノム解析の流れ

Figure 1: Flow Chart of Genome Analysis of SARS-CoV-2 at National Institute of Genetics

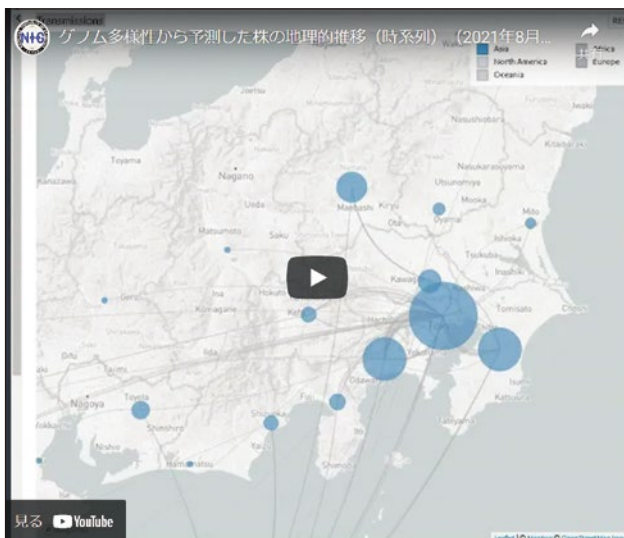


図 2: ゲノム多様性から予測した株の地理的推移 (時系列) (2021 年 8 月 20 日)  
静岡県内で検出されたデルタ株の全ゲノム情報と日本全国で検出されたデルタ株の全ゲノム情報を統合し、ウィルス株の親子関係を推定するハプロタイプ解析を実施しています。検出地域や検出日と併せて解析することで、県内で検出されたウィルス株がどの地域からいつ頃流入したかを推測することができます。以下の動画は、auspice.us および nextstrain.org を利用して作成しています。データ解析: 阿部貴志 (新潟大学教授) ほか  
<https://youtu.be/IRHgatddPmM>

Figure 2: Geographic transition (time series) of variants predicted by genomic diversity (August 20, 2021)

Whole genome sequencing data of the Delta variant detected in Shizuoka Prefecture were integrated with that of the Delta variant detected throughout Japan, and haplotype analysis was performed to work out the lineage relationship of the variants. By combining the lineage information with the information of the date and place of the detection of each sample, we could infer when and from where a particular variant spread into Shizuoka prefecture. The following video was produced by the use of the sites, "auspice.us" and "nextstrain.org".  
Analysis by the group of Professor ABE Takashi, Niigata University  
<https://youtu.be/IRHgatddPmM>



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、2021年度も計101件の共同研究と計13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 2021, 101 Joint Researches and 13 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.

## Rapid disruption of the mitotic Ran-GTP gradient by combining auxin-inducible degron technology with CRISPR/Cas-mediated genome editing

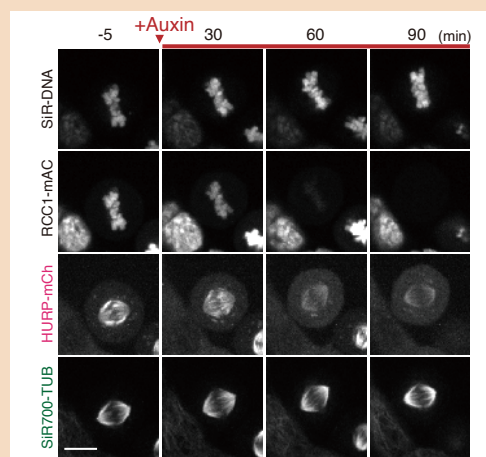
### AID法とCRISPR/Cas技術の融合によるヒトRan-GTP濃度勾配の分裂期特異的破壊操作と分裂期機能の解明

沖縄科学技術大学院大学  
清光智美 准教授

Okinawa Institute of Science and  
Technology Graduate University  
KIYOMITSU, Tomomi  
Assistant Professor

RCC1によるGTP結合型Ran (Ran-GTP)の産生は、間期の核内外輸送のみならず、分裂期の紡錘体形成にも必須と考えられているが、ヒト細胞における分裂期機能は十分に検証されていない。私たちは、Auxin inducible degron (AID)法を用いて、RCC1を分裂期中期停止状態で分解することに成功し、Ran-GTPは、HURPなどの染色体近傍で働く因子の活性化には必要であるものの、NuMAなど染色体から離れた紡錘体極で機能する因子の活性化には必要でないことを示した (Tsuchiya et al., *Current Biology* 2021)。

We succeeded in disrupting the Ran-GTP gradient by depleting RCC1 in metaphase-arrested human cells using auxin-inducible degron technology. We found that Ran-GTP does not equivalently activates all Ran-regulated spindle assembly factors in human cells (Tsuchiya et al., *Current Biology* 2021).



AID法による分裂期特異的なRCC1の分解  
Metaphase depletion of RCC1 by AID technology

### ▶ Joint Research Meeting

### 研究会



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

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

# List of Funded Proposals (NIG-JOINT)

## 共同研究 (A)

### 研究課題

- 1A2021 Metabolic modeling of mangosteen (*Garcinia mangostana*) fruit ripening
- 2A2021 Mangosteen (*Garcinia mangostana*) organelle genome project
- 3A2021 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
- 4A2021 Dissecting the molecular mechanism of tumor hypoxia in Oral Squamous Cell Carcinoma
- 5A2021 Study of human leukocyte antigen (HLA) in Vietnamese ethnic groups
- 6A2021 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
- 7A2021 日本人本土集団と南方(琉球島嶼)集団との疾患等の遺伝的差異の検討
- 8A2021 がんゲノム医療に向けた小児がんの全ゲノム解析
- 9A2021 魚類における右脳左脳の機能分化を形成する遺伝基盤
- 10A2021 淡水イトヨにおける海水適応能喪失メカニズムの解明
- 11A2021 カザリショウジョウバエの訪花選好性の多様性をもたらす遺伝/神経基盤
- 12A2021 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
- 13A2021 国立遺伝学研究所蔵資料に基づく研究所設立過程ならびに草創期の研究
- 14A2021 Genetic analysis of genes required for embryogenesis in rice and maize
- 15A2021 *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
- 16A2021 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
- 17A2021 野生イネにおける放射状草姿の形成機構解明
- 18A2021 イネ種子の休眠・発芽制御に関わる遺伝子の機能解析
- 19A2021 種間雑種胚乳における網羅的エピゲノム解析
- 20A2021 キンギョ体色の表現型に関する遺伝子変異の同定
- 21A2021 大脳皮質層形成における神経分化様式の寄与
- 22A2021 交連軸索の腹側誘導制御機構の解明
- 23A2021 Mechanism of Mood Stabilizing Drug's Action to Explore New Avenues for Drug Target
- 24A2021 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
- 25A2021 幼若期のストレス反応を抑制する神経回路の解析
- 26A2021 Behavior and Genetic Variation of zebrafish in Myanmar
- 27A2021 Identification and characterization of genes involved in heart development using gene trap zebrafish lines
- 28A2021 てんかん脳の神経活動イメージング
- 29A2021 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
- 30A2021 脳形成異常を伴う筋緊張低下に関する病態解明
- 31A2021 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する脳領域の同定
- 32A2021 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
- 33A2021 Role of calcium signaling in lead-induced locomotor defect in developing zebrafish
- 34A2021 Induction and characterization of Hcn4-EGFP transgenic zebrafish for cardiac conductive system regeneration
- 35A2021 Functional Analysis of microRNAs using zebrafish transgenic lines for in vivo studies of cardiovascular development and disease
- 36A2021 Shelf screen for zebrafish transgenic lines expressing in lateral line stem and progenitor cells
- 37A2021 Molecular biology and Developmental biology
- 38A2021 Calcium imaging of brain activity in nicotine-seeking larval zebrafish
- 39A2021 Identification of Gal4 expression lines in brain regions involved in social behavior in zebrafish.
- 40A2021 ゼブラフィッシュにおける「かゆみ」神経活動の可視化
- 41A2021 Influence of Fibronectin as an Extracellular Matrix Component Into Early Pronephric Kidney Development in Zebrafish
- 42A2021 野生由来マウス系統を用いた攻撃行動の個体差に関する神経回路の解析
- 43A2021 野生マウス由来ヘテロジニアス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
- 44A2021 マウス ウィスカースシステムの発達遅延に関する分子遺伝学解析
- 45A2021 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析
- 46A2021 ゲノム不均等分配による環境適応仮説の検証
- 47A2021 家畜化マウスにおける社会性変容に関わる分子メカニズムの解明
- 48A2021 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
- 49A2021 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
- 50A2021 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
- 51A2021 雄マウスの遺伝的多様性と性行動の関連解析

### 研究代表者

- Universiti Kebangsaan Malaysia (UKM), Institute of Systems Biology (INBIOSIS) Aizat Wan Mohd
- Universiti Kebangsaan Malaysia (UKM), Institute of Systems Biology Goh Hoe Han
- 東京大学 農学生命科学研究科 吉武和敏
- University of Madras, Genetics Munirajan Arasambattu Kannan
- Institute of Genome Research, Human Genomics Lab Nguyen Thuy
- 金沢大学 医薬保健研究域医学系 細道一善
- 国立成育医療研究センター ゲノム医療研究部 要 匡
- 山口大学 大学院医学系研究科 早野崇英
- 富山大学 医学部 竹内勇一
- 静岡大学 理学部 日下部 誠
- 名古屋大学 生命理学 石川由希
- 琉球大学 熱帯生物圏研究センター 山平寿智
- 総合研究大学院大学 先端科学研究科 飯田香穂里
- University of Florida, Horticultural Sciences Suzuki Masaharu
- 東京大学 大学院農学生命科学研究科 岡田憲典
- 東京大学 農学生命科学研究科 伊藤純一
- 北海道大学 農学研究院 小出陽平
- 静岡大学 理学部 木崎暁子
- 岩手大学 農学部 殿崎 薫
- 長浜バイオ大学 バイオサイエンス研究科 大森義裕
- 大阪大学 大学院生命機能研究科 畠中由美子
- 順天堂大学 医学研究科 山内健太
- University of Madras, Medical Biochemistry, biochemical Genetics Unit Venugopal Bhuvaramurthy
- 熊本大学 国際先端医学研究機構 水野秀信
- 福井大学 医学部 香取将太
- University of Yangon, Department of Zoology Moe Thida Htway
- 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
- 青山学院大学 理工学部 平田普三
- 帝京科学大学 総合教育センター 小出哲也
- 大阪府立病院機構大阪母子医療センター(研究所) 分子遺伝病研究部門 細木華奈
- Monash University Malaysia, School of Medicine and Health Sciences Ogawa Satoshi
- 北里大学 一般教育部 和田浩則
- Southern Medical University, School of Public Health Meng Xiaojing
- University of Madras, Anatomy Muhammed Ibrahim Sekar
- University of Madras, Department of Genetics Balakrishnan Anandan
- Colgate University, Biology Meyers Jason
- Queen Marys College, Advanced Zoology and Biotechnology Brindha Devi Basker
- DePauw University, Department of Biology Schneider Henning
- Yale-NUS College, Science Mathuru Ajay S.
- 岡山大学 理学部附属牛窓臨海実験所 片山侑駿
- Universidad De Los Andes, Biological Sciences Garavito-Aguilar Zayra Viviana
- 筑波大学 人間系心理学域 高橋阿貴
- 帯広畜産大学 グローバルアグロメディシン研究センター 後藤達彦
- 帝京大学 医学部 解剖学講座 宮下俊雄
- 東京都医学総合研究所 依存性物質プロジェクト 笠井慎也
- 愛知県医療療育総合センター発達障害研究所 障害モデル研究部 吉崎嘉一
- 麻布大学 獣医学部 菊水健史
- 関西学院大学 文学部 佐藤暢哉
- 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 霜田 靖
- 神奈川大学 理学部 越智拓海



## 研究課題

52A2021	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—
53A2021	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
54A2021	マウスの性成熟と社会性行動の関連解析
55A2021	複数コピーゲノムの複製、遺伝様式の解明
56A2021	分裂酵母 <i>Schizosaccharomyces japonicus</i> の M 型フェロモン遺伝子の同定及び構造解析
57A2021	新規ゲム編集技術 CRISPR/Transposon gene integration (CRITGI) を使った様々な生物種でのタンパク発現システムの確立
58A2021	細菌染色体の複製因子、核様因子、分配因子の細胞内タイムラプス動態解析
59A2021	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
60A2021	Control of DNA dynamics: Interplay between DNA compaction and gene expression
61A2021	発電細菌 <i>Shewanella oneidensis</i> MR-1 におけるタンパク質膜透過活性維持の調節メカニズム
62A2021	細胞性粘菌プロテインキナーゼの網羅的整備による染色体動態の解析
63A2021	枯草菌のプロファージが介在する孢子形成期特異的遺伝子再編成
64A2021	マイクロCTを使った虫こぶ維管束の空間パターン解析
65A2021	マイクロCT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
66A2021	マイクロCT スキャンを用いた脊椎動物の体幹部形成機構の解析
67A2021	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
68A2021	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
69A2021	アズマモグラの生理・生態に関する研究
70A2021	群生性ヒドロ虫：ギンカクラグにおける群生発生過程の解明
71A2021	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
72A2021	微小管切断機構の導管分化における機能解析
73A2021	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
74A2021	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
75A2021	セルノーターによるシロイヌナズナ薬タペート核単離法の確立
76A2021	琵琶湖固有魚ホンモロコ ( <i>Gnathopogon caerulescens</i> ) の配偶子形成
77A2021	同種魚類個体間での組織移植条件の検討
78A2021	複製新生鎖クロマチン形成のAFM構造解析
79A2021	真核生物DNAミスマッチ修復の細胞周期制御
80A2021	中心体複製と細胞周期の制御に関わるメカニズムの解明
81A2021	ヒトゲムにおけるDNA複製フォーク進行のプロファイリング
82A2021	真核生物DNA二本鎖架橋修復複合体の構造機能解析
83A2021	無脊椎動物初期胚における細胞表面の力の測定と種間比較
84A2021	単鞭毛クラミドモナスの集団運動に対する生体内化学反応揺らぎの影響
85A2021	小管アスター位置決め試験管内アッセイ系の構築に向けた線虫ダイニンの精製技術の確立
86A2021	高次クロマチン構造と動態のin vitro解析
87A2021	HP1によるクロマチンダイナミクスの制御
88A2021	ショウジョウバエ変異体ライブラリを用いた非必須遺伝子の解析
89A2021	抗がん剤感受性における核の力学特性の重要性の評価
90A2021	魚類の視覚機能と視覚路の進化の解析
91A2021	抗サイレンシングタンパク質の1分子動態解析

## 研究代表者

富山大学 学術研究部 薬学・和漢系	歌 大介
京都薬科大学 薬理学分野	藤井正徳
岡山大学 大学院自然科学研究科	坂本浩隆
静岡大学 理学部 生物科学科	大林龍胆
大阪大学 大学院情報科学研究科	清家泰介
長崎大学 医学部共同利用研究センター	増本博司
九州大学 薬学研究院	片山 勉
立教大学 理学部	塩見大輔
Centre national de la recherche scientifique, MMSB-UMR5086	Lesterlin Christian
京都大学 ウイルス・再生医学研究所	森 博幸
理化学研究所 生命機能科学研究センター	上村陽一郎
法政大学 生命科学部	佐藤 勉
京都府立大学 生命環境科学	武田征士
北海道大学 理学研究院	柁原 宏
埼玉大学 理工学研究科	川村哲規
大阪大学 微生物病研究所	石谷 太
名古屋大学 高等研究院	別所 - 上原 学
さいたま市健康科学研究センター 環境科学課	酒井景子
産業技術総合研究所 生物プロセス部門	小口晃平
秋田県立大学 生物資源科学	上田健治
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
岡山大学 自然科学研究科	本瀬安康
東京大学 大学院新領域創成科学研究科	大谷美沙都
慶應義塾大学 政策・メディア研究科	樽谷芳明
立命館大学 薬学部	高田達之
京都大学 農学研究科	木下政人
埼玉医科大学 医学部 中央研究施設 RI部門	日詰光治
九州大学 理学研究院	高橋達郎
東京大学 大学院薬学系研究科	知念拓美
東北大学 学際科学フロンティア研究所	大学保一
東京理科大学 基礎工学部生物工学科	西野達哉
神奈川工科大学 応用バイオ科学部	山本一徳
北陸先端科学技術大学院大学 先端科学技術研究科	永井 健
九州大学 大学院芸術工学研究院	井上大介
東京大学 定量生命科学研究所	胡桃坂仁志
基礎生物学研究所 クロマチン制御研究部門	中山潤一
東京理科大学 先進工学部	近藤 周
甲南大学 フロンティアサイエンス学部	川内敬子
名古屋大学 高等研究院	萩尾華子
東京大学 大学院理学系研究科	角谷徹仁

## 共同研究 (B)

## 研究課題

1B2021	有胚乳種子における胚サイズを制御する胚、胚乳側要因の探索
2B2021	学習・記憶におけるエピジェネティクス因子の機能変換の解析
3B2021	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ム解析
4B2021	線虫の初期胚を用いた「生きている」生体膜の流動特性の解明

## 研究代表者

吉備国際大学 農学部	松原健一郎
筑波大学 医学医療系	小林麻己人
京都大学 野生動物研究センター	村山美穂
東北大学 理学研究科	佐久間由香

## 国際共同研究

## 研究課題

1I2021	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
2I2021	Molecular basis of adaptation to salinity heterogeneity in the sperm of teleost fishes
3I2021	Application of Semantic Web methods to Oryzabase database
4I2021	Transgenic zebrafish for brain vascular research
5I2021	Elucidating the role of DNA methylation in early pathogenesis of diabetic retinopathy in Zebrafish model
6I2021	What are the different functions of the long and short human RIF1 isoforms?

## 研究代表者

Academia Sinica	Yamada Masashi
Netherlands Institute of Ecology	Rowe Melissah
IRD	Pierre Larmande
University of Calgary	Childs Sarah
CSIR-Indian Institute of Chemical Biology	Ganesan Senthil Kumar
University of Aberdeen	Donaldson Anne Dunlop

## 研究会

## 研究課題

1R2021	微生物バイオプロダクションの深化と展望
2R2021	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
3R2021	都市の微生物群集
4R2021	ゲノム医学とバイオインフォマティクスの接点と集学研究
5R2021	家畜化機構の解明
6R2021	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
7R2021	イネ属近縁野生種研究会 一生態・遺伝・進化—
8R2021	染色体安定維持研究会
9R2021	流れと澁みを語る会2021
10R2021	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
11R2021	ショウジョウバエ多様性研究会
12R2021	転移因子と宿主の相互作用による生命機能と進化
13R2021	細胞分裂ワークショップ

## 研究代表者

東京工業大学 生命理工学院	平沢 敬
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
慶應義塾大学 環境情報学部	鈴木治夫
国立遺伝学研究所 人類遺伝研究室	井ノ上逸朗
麻布大学 獣医学部	菊水健史
京都大学ウイルス・再生医科学研究所	秋山芳展
北海道大学 農学研究院	小出陽平
理化学研究所 生命機能科学研究センター	平谷伊智朗
名古屋大学 大学院医学系研究科	宮田卓樹
基礎生物学研究所 クロマチン制御研究部門	中山潤一
杏林大学 医学部	栗崎 健
名古屋大学 生命農学研究科	一柳健司
東京大学 大学院薬学系研究科	畠 星治

## Joint Research

## 2021年度 その他の共同研究

共同研究先	研究課題（研究題目）	研究代表者	契約期間
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 ~ '24.03.31
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 ~ '24.03.31
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
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	肺腺癌発症時の肺上皮細胞解析を目的とした新たなトランスジェニックマウス作成	発生工芸研究室 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/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技術センター	シロイヌ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ンフォームの機能の解明	先端ゲノミクス推進センター 教授 豊田 敦	'20.11.01 ~ '21.12.31
大阪大学	双子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症機構の解明	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
京都大学 iPS 細胞研究財団	iPS細胞におけるトランスポゾン転移技術	発生遺伝学研究室 教授 川上浩一	'21.04.01 ~ '22.03.31
理化学研究所	脊椎動物を特徴づけるエピゲノム制御機構およびそれに基づくゲノム特性の探究	分子生命史研究室 教授 工業樹洋	'21.06.01 ~ '23.03.31
千葉大学	細胞種特異的Tcf21過剰発現マウスの作成	発生工芸研究室 教授 相賀裕美子	'21.11.01 ~ '23.03.31
東京医科歯科大学	腎臓疾患および体液制御の異常に関わる危険遺伝子及び遺伝子変異の同定	比較ゲノム解析研究室 特任教授 豊田 敦	'21.09.01 ~ '22.03.31
城西国際大学	マウス卵巣に内在する卵子幹細胞の探索研究	発生工芸研究室 教授 相賀裕美子	'21.04.01 ~ '22.03.31
Shangdong Agricultural University	study on the mechanism of microRNA regulating hippo signaling pathway and its application in agricultural pest control	無脊椎動物遺伝研究室 教授 齋藤都暁	'19.08.01 ~ '22.07.31

その他民間等との共同研究29件

## Commissioned Research

## 2021年度 受託研究

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	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 ~ '23.03.31
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 ~ '23.03.31



委託者	研究課題（研究題目）	研究代表者	契約期間
日本医療研究開発機構	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～'22.03.31
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～'22.03.31
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～'22.03.31
理化学研究所 (日本医療研究開発機構)	生体試料を用いた大規模機能ゲノム解析による創薬等支援及び技術基盤の整備(高度化)	遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂	'17.04.01～'22.03.31
東海国立大学機構 (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～'22.03.31
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 特任教授 櫻井 望	'20.06.29～'22.03.31
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 特任教授 櫻井 望	'20.04.01～'22.03.31
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 頌 生命ネットワーク研究室 特任教授 櫻井 望	'18.11.09～'22.03.31
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 頌	'18.11.07～'22.03.31
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～'23.03.31
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 <sub>2</sub> 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～'23.03.31
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～'22.03.31
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～'23.03.31
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～'23.03.31
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～'23.03.31
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～'23.03.31
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 吉田恵里	'20.12.01～'23.03.31
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 特任教授 小笠原 理	'20.04.01～'22.03.31
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～'22.03.31
日本学術振興会	生物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の調査—	脳機能研究室 教授 平田たつみ	'19.04.01～'22.03.31
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～'23.03.31
科学技術振興機構	耐酸性微細藻類イデコココメを用いた新規経口ワクチンの開発	共生細胞進化研究室 助教 藤原嵩之	'21.05.01～'22.03.31
科学技術振興機構	細胞壁強度を弱めたイデコココメ網微細藻類の作出	共生細胞進化研究室 教授 宮城島進也	'21.10.01～'22.09.30
科学技術振興機構	データ駆動型ゲノム育種(デジタル育種)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技術開発	大量遺伝情報研究室 教授 中村保一	'21.08.23～'22.03.31
科学技術振興機構	コンタクトーム解析の基盤の確立	多階層感覚構造研究室 教授 米原圭祐	'21.10.01～'22.03.31
科学技術振興機構	次世代AID技術による動原体の機能解析	分子細胞工学研究室 教授 鐘巻将人	'21.10.01～'23.05.31
科学技術振興機構	超解像・1分子計測によるヒト染色体凝縮機構の解明	ゲノムダイナミクス研究室 助教 日比野佳代	'21.10.01～'23.03.31
科学技術振興機構	ゼブラフィッシュから解く組換え開始の動的制御	小型魚類遺伝研究室 特任研究員 今井裕紀子	'21.10.01～'23.03.31
日本医療研究開発機構	大規模ゲノム解析に必要な計算基盤構築とゲノム解析に関する研究	生命情報・DDBJセンター 教授 有田正規	'21.04.01～'22.03.31
日本医療研究開発機構	生体膜機能性リン脂質の操作と新規可視化技術による革新的脂質研究	生命ネットワーク研究室 教授 有田正規	'21.04.01～'22.03.31
日本学術振興会	植物減数分裂研究のための技術拡張—ライブイメージングとエピゲノム科学の融合	植物細胞遺伝研究室 准教授 野々村賢一	'21.04.01～'22.03.31

その他民間等との受託研究2件

## 2021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	
文部科学省	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	'21.04.01～'22.03.31
文部科学省	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	'21.04.01～'22.03.31
文部科学省	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	'21.04.01～'22.03.31
文部科学省	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およ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	'21.04.01～'22.03.31
文部科学省	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	'21.04.01～'22.03.31

# 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12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、毎年生物学や遺伝学に関連する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“RNA dynamics driven by phase separation in vivo (生体におけるRNA制御の分子動態)”を三島で実地開催する予定でしたが、新型コロナウイルス (SARS-CoV-2) の感染拡大防止の観点から開催を中止いたしました。

#### 【中止】 国立遺伝学研究所国際シンポジウム “RNA dynamics driven by phase separation in vivo”

- 会期：2022年2月23-26日
- 場所：三島市民文化会館 ゆうゆうホール (静岡県三島市)

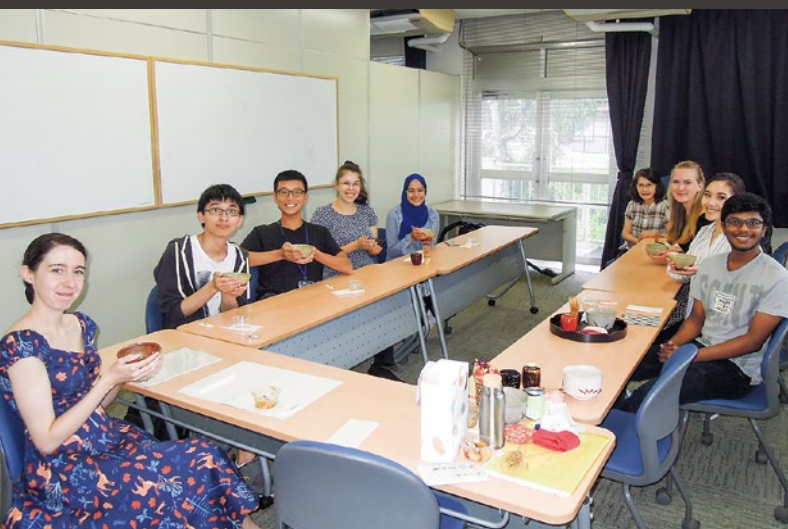
### ■ NIG International Symposium

National Institute of Genetics (NIG) organizes the international symposium regarding various fields of biology and genetics every year, to promote research and academic interactions among researchers worldwide. In FY2021, we aimed to hold an NIG international symposium “RNA dynamics driven by phase separation in vivo” in person at Mishima, Japan, but regrettably, it was cancelled due to the spread of the coronavirus (SARS-CoV-2) infection.

#### NIG international symposium “RNA dynamics driven by phase separation in vivo” (canceled)

- Date: 23-26 February, 2022
- Venue: Mishima City YouYou Hall





### ■ 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）が所属し、研究活動を行っています。その総数は、2022年2月現在で39名（内留学生が26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7名）、中国（5名）で、続いてベトナム、韓国、台湾、メキシコから2名ずつ。さらにマレーシア、英国、ロシア、タイ、イタリア、スペイン、フランス、フィリピン、ガーナ、バングラデシュ、シリア、インドネシアから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。



### ■ Support for International Researchers

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

**For more details, visit Committee web page:**

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

**Please contact the English Help Desk with any inquiries:**

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

### ■ 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 39 international members (including 26 students of the Department of Genetics, SOKENDAI) as of February 2022. They are from India/Kazakhstan (7 members from each), China (5 members), Vietnam/Korea/Taiwan/Mexico (2 members from each) and Malaysia/UK/Russia/Thailand/Italy/Spain/France/Philippines/Ghana/Bangladesh/Syria/Indonesia (1 member from each).

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



# Activities and Events for Research Promotion

## 研究を促進するための活動と行事

### ▶ Activities for Research Promotion

### 研究を促進するための活動



NIG Colloquium  
内部交流セミナー



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

#### ■ 内部交流セミナー

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

#### ■ バイオロジカルシンポジウム／ウェビナー

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 / Webinar

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. SAGA, Yumiko  
公開講演会 相賀裕美子教授講演

#### ■ 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。2021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。2021年はオンラインで開催されました。

##### ● 2021年講演タイトル

ゲム進化と形態進化をどうつなげるか? / 斎藤成也 教授  
生殖細胞の性分化：精子と卵子のわかれめ / 相賀裕美子 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 2021 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 2021 was held online.





### ■ 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。

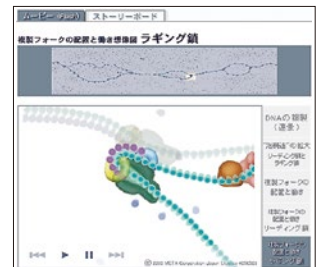
### ■ マルチメディア資料館 生物・ザ・ムービー …… ムービーで見る分子の世界

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。

この電子博物館は、西暦1999年、国立遺伝学研究所がその創立50周年を記念して、市民の皆様にも少しでも遺伝学研究の中身を知っていただけるようにと作成したものが、そのはじまりです。さいわい、インターネットの普及によって、スマホからもラップトップからも簡単にアクセスしていただける時代となりました。一方で、遺伝学の知識なしには理解のむずかしいニュースが、毎日のようにメディアをにぎわしています。そのような内容を、さまざまなかたちでみなさまに提供するのが、この「遺伝学電子博物館」の目標です。どうぞ楽しんでみてください。2009年、創立60周年にあたり、構成を一新するとともに、時代の流れに則した内容を新たに付け加えました。さらに創立70周年に、内容はそれほど変更しておりませんが、デザインを変更しました。



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

### (2021年度) 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)           |

## 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（総研大）生命科学研究所 遺伝学専攻として、大学院生の教育を行っています。遺伝学を中核に多様な分野の研究が集積する優れた環境の中で、幅広い視野をもつ研究者を育成し、次世代の生命科学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/>

総研大は、複合的・融合的な課題に分野を超えて柔軟に取り組む研究者人材を育成するため、2023年4月に新システムへ移行する予定です。

<https://next20.soken.ac.jp/>

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/>

SOKENDAI has begun to consider the transition to a new system in April 2023 in order to foster the next generation of researchers who can work flexibly across disciplines to address complex and interdisciplinary issues.

<https://next20.soken.ac.jp/en/home/>





# 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、総研大・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によるバイオロジカルシンポジウムやバイオロジカルウェビナーが開かれ、活発な論議が行われています。

### ■ 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。

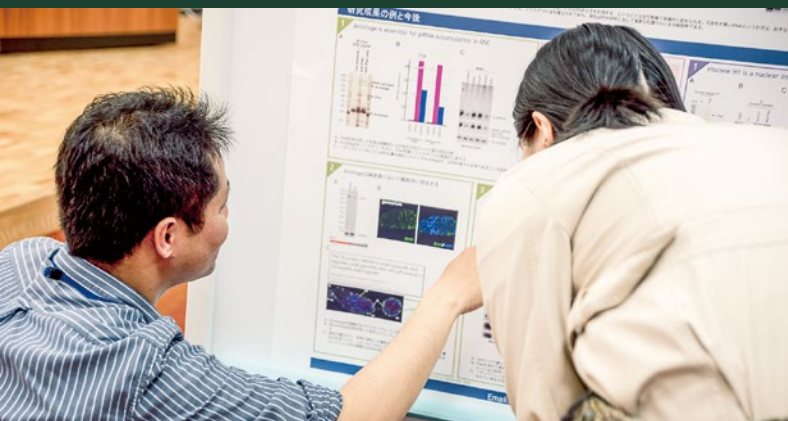
### ■ Diverse Courses and Frequent Seminars

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” and “Biological Webinar” featuring eminent scientists from all over the world. In addition, members of NIG present their progress during the past year at weekly “NIG Colloquia”. Almost all the seminars are given in English, and the graduate course lectures are also given in English. Knowledge of Japanese is not required for completing the graduate program and obtaining PhD degree.

### ■ Team Teaching

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





### ■ 研究者間の活発な交流

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

### ■ 生命科学リトリート

総研大の生命科学研究科は、遺伝研を基盤機関とする遺伝学専攻、岡崎の生理研、基生研を基盤機関とする生理学専攻、基礎生物学専攻から成り立っています。これら3専攻に葉山の生命共生体進化学専攻を加えた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が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](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

Scientists must not only make new discoveries, but also communicate new findings effectively to others. The ability to present and discuss science in English is thus an essential skill that must be learned within your graduate career. The Department of Genetics offers many courses and workshops on scientific writing and presentation, including a special scientist training program called "NIG Method". For details please take a look at the following URL:

[https://www.nig.ac.jp/jimu/soken/courses/OSC/OSC\\_1.html](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/soken/intern/index.html>

## ▶ Graduate Education at NIG

大学院進学を考えている人へ

遺伝学専攻の大学院教育は、「自立した研究者」の育成を目指しています。しかし、この目標は優れた研究環境や充実した指導体制だけで達成できるわけではありません。大学院生が各自、何を研究したいのか目的意識をきちんと持ち、自ら積極的に行動することが必要です。遺伝学専攻に興味を持たれた方は、まずは興味をもつ研究室の教員に直接連絡を取ってみてください。下記は遺伝学専攻生とその発表論文の一例です。

Educating future generations of scientists is central to the mission of NIG. Our graduate program provides many opportunities for students to gain scientific knowledge and professional skills. We look forward to your active participation in the program. Below is an example of a first-authored recent publication by a NIG graduate student.



#### Genetic Markers of Genome Rearrangements in *Helicobacter pylori*.

Noureen M, Kawashima T, Arita M. *Microorganisms*. 2021 Mar 17;9(3):621.

Mehwish Noureen



#### Host-Diet Effect on the Metabolism of *Bifidobacterium*.

Satti M, Modesto M, Endo A, Kawashima T, Mattarelli P, Arita M. *Genes (Basel)*. 2021 Apr 20;12(4):609.

Maria Altaf Satti

## ▶ 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





(2022年4月現在)

## 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
大杉美穂 OHSUGI, Miho	東京大学大学院総合文化研究科教授 Professor, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo	西田栄介 NISHIDA, Eisuke	理化学研究所生命機能科学研究センター長 Director, RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research
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	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
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	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
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		(所外委員)
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		

仁木宏典 NIKI, Hironori	副所長 Vice-Director	澤 斉 SAWA, Hitoshi	新分野創造センター長 Head, Center for Frontier Research	岩里琢治 IWASATO, Takuji	遺伝形質研究系教授 Professor, Department of Gene Function and Phenomics
黒川 顕 KUROKAWA, Ken	副所長 Vice-Director	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
平田たつみ HIRATA, Tatsumi	副所長 Vice-Director	北野 潤 KITANO, Jun	ゲノム・進化研究系教授 Professor, Department of Genomics and Evolutionary Biology		(所内委員)
前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro	所長補佐 Assistant to the Director-General				

## 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 Emeritus, Princeton University
田中啓二 TANAKA, Keiji	東京都医学総合研究所理事長 Board Chairperson, Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science	ROSSANT, Janet	President, The Gairdner Foundation
		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	黒川 顕 KUROKAWA, Ken	平田たつみ HIRATA, Tatsumi
-------------	------------------------	-----------------	------------------------	-----------------------	--------------------------

## 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
			黒川 顕 KUROKAWA, Ken	産学連携・知的財産担当 NIG INNOVATION	鈴木睦昭 SUZUKI, Mutsuaki
			平田たつみ HIRATA, Tatsumi	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	前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro	動物実験担当 Animal Experiments	小出 剛 KOIDE, Tsuyoshi
--------------------	----------------------------	-------------------	----------------------------	------------------------------	-------------------------

運営会議共同利用委員会 Inter-University Collaboration Committee

(委員長) Chair

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

(所外委員) Non-NIG members

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  
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  
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

高橋 智 筑波大学医学医療系教授  
TAKAHASHI, Satoru Professor, Faculty of Medicine, University of Tsukuba

(所内委員) NIG members

澤 斉 新分野創造センター長  
SAWA, Hitoshi Head, Center for Frontier Research  
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研究主幹  
KANEMAKI, Masato Head, Department of Chromosome Science

(2022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	澤 斉 SAWA, Hitoshi	博士研究員選考委員会 NIG PD Selection	鐘巻将人 KANEMAKI, Masato
予算委員会 Budget	黒川 顕 KUROKAWA, Ken	セミナー委員会 Seminar	木村 暁 KIMURA, Akatsuki	遺伝学博物館委員会 Museum of Genetics	北野 潤 KITANO, Jun
施設・環境マネジメント Facilities and Sustainability	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	鐘巻将人 KANEMAKI, Masato	広報委員会 Publicity	佐藤 豊 SATO, Yutaka		
電子計算機委員会 Computer	黒川 顕 KUROKAWA, Ken	知的財産委員会 Intellectual Property	中村保一 NAKAMURA, Yasukazu		

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	安全衛生委員会 Safety & Health	井ノ上逸朗 INOUE, Ituro
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	利益相反委員会 Conflict of Interests	所長 Director-General
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	新分野創造センター運営委員会 Center for Frontier Research	所長 Director-General
防火・防災管理委員会 Fire & Disaster Prevention	管理部長 General Manager	先端ゲノミクス推進センター運営委員会 Advanced Genomics Center	黒川 顕 KUROKAWA, Ken	変異マウス開発支援運営委員会 Engineered mouse supporting	小出 剛 KOIDE, Tsuyoshi
DNA データ研究利用委員会 DDBJ	有田正規 ARITA, Masanori	ハラスメント防止・対策委員会 Harassment Prevention	平田たつみ HIRATA, Tatsumi		
生物遺伝資源委員会 Genetic Resources	仁木宏典 NIKI, Hironori	人を対象とする生命科学・医学系研究倫理 審査委員会 Ethical Review Committee on Medical and Biological Research Involving Human Subjects	大久保公策 OKUBO, Kousaku		

(2021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 of Medical Sciences, Kyushu University	二階堂 愛 NIKAIDO, Itoshi	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 Department of Functional Genome Informatics, Division of Medical Genomics, Medical Research Institute, Tokyo Medical and Dental University
岩島真理 IWASHIMA, Mari	科学技術振興機構バイオサイエンスデータベースセンター企画運営室長 Director of Department of Planning and Management, Japan Science and Technology Agency, National Bioscience Database Center	平井優美 HIRAI Yokota, Masami	理化学研究所環境資源科学研究センター代謝システム研究チームリーダー Team Leader, RIKEN Center for Sustainable Resource Science
笠原雅弘 KASAHARA, Masahiro	東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻准教授 Associate Professor, Department of Computational Biology and Medical Science, Graduate School of Frontier Science, The University of Tokyo	水島 洋 MIZUSHIMA, Hiroshi	国立保健医療科学院研究情報支援センター長 Director of Center for Public Health Informatics, National Institute of Public Health
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		

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部長・副所長 Division Chief, Deputy Director, Shizuoka Cancer Center Research Institute	小林公子 KOBAYASHI, Kimiko	静岡県立大学食品栄養科学部食品生命科学科教授 Professor, School of Food and Nutritional Sciences, University of Shizuoka
--------------------------	---	---------------------------	--

動物実験委員会 所外委員 Animal Experiments Committee (Non-NIG members)

塩尻信義 SHIOJIRI, Nobuyoshi	静岡大学理事・副学長 Trustee, Vice-President, Shizuoka University
-----------------------------	--



## 生物遺伝資源委員会 所外委員 Genetic Resources Committee (Non-NIG members)

明石 良 AKASHI, Ryo	国立大学法人宮崎大学理事・副学長（人事・基金・SDGs担当） Executive Director, Vice President (Human Resources & Financial, SDGs), University of Miyazaki	中村幸夫 NAKAMURA, Yukio	理化学研究所バイオリソース研究センター細胞材料開発室長 Head, Cell Engineering Division, RIKEN BioResource Research Center
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	長村登紀子 NAGAMURA, Tokiko	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 Associate Professor, Department of Cell Processing and Transfusion, Cell Resource Center, The Institute of Medical Science, The University of Tokyo
射場 厚 IBA, Koh	九州大学大学院理学研究院主幹教授 Distinguished Professor, Department of Biology, Kyushu University	成瀬 清 NARUSE, Kiyoshi	自然科学研究機構基礎生物学研究所進化多様性生物学領域特任教授 Project Professor, Laboratory of Bioresources, Evolutionary Biology and Biodiversity, National Institute for Basic Biology
江面 浩 EZURA, Hiroshi	筑波大学生命環境系教授 Professor, Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba	西島謙一 NISHIJIMA, Kenichi	名古屋大学大学院生命農学研究科附属鳥類バイオサイエンス研究センター長 Director, Avian Bioscience Research Center, Nagoya University Graduate School of Bioagricultural Sciences
大熊盛也 OHKUMA, Moriya	理化学研究所バイオリソース研究センター微生物材料開発室長 Head, Microbe Division, RIKEN BioResource Research Center	仁田坂英二 NITASAKA, Eiji	九州大学大学院理学研究院准教授 Associate Professor, Department of Biology, Faculty of Sciences, Kyushu University
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	仁藤伸昌 NITO, Nobumasa	近畿大学生物理工学部地域交流センター長 Director, Regional Exchange Center, Faculty of Biology-Oriented Science and Technology, Kindai University
岡本 仁 OKAMOTO, Hitoshi	理化学研究所脳神経科学研究センター意思決定回路動態研究チームリーダー Team Leader, Laboratory for Neural Circuit Dynamics of Decision Making, RIKEN Center for Brain Science	伴野 豊 BANNON, Yutaka	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 Professor, Institute of Genetic Resources, Faculty of Agriculture, Kyushu University
荻野 肇 OGINO, Hajime	広島大学両生類研究センター教授 Professor, Amphibian Research Center, Hiroshima University	福田裕穂 FUKUDA, Hiroo	京都先端科学大学バイオ環境学部学部長教授 Dean, Kyoto University of Advanced Science Faculty of Bioenvironmental Sciences
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	藤島政博 FUJISHIMA, Masahiro	山口大学共同獣医学部NBRPゾウリムシ研究室教授（特命） Professor (specially designated), National Bio-Resource Project (NBRP)-Paramecium, Joint Faculty of Veterinary Medicine, Yamaguchi University
上村陽一郎 KAMIMURA, Yoichiro	理化学研究所生命機能科学研究センター細胞シグナル動態研究チーム上級研究員 Senior Scientist, Laboratory for Cell Signaling Dynamics, RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research	榎屋啓志 MASUYA, Hiroshi	理化学研究所バイオリソース研究センター統合情報開発室長 Head, Integrated Bioresource Information Division, RIKEN BioResource Research Center
川口健太郎 KAWAGUCHI, Kentaro	農業・食品産業技術総合研究機構遺伝資源センター長 Director, Research Center of Genetic Resources, National Agriculture and Food Research Organization(NGRC)	松居靖久 MATSUI, Yasuhisa	東北大学加齢医学研究所医用細胞資源センター教授 Professor, Cell Resource Center for Biomedical Research, Institute of Development, Aging and Cancer, Tohoku University
河地正伸 KAWACHI, Masanobu	国立環境研究所生物・生物多様性領域生物多様性資源保全研究推進室長 Head, Biodiversity Resource Conservation Office, Center for Environmental Biology and Ecosystem Studies, National Institute for Environmental Studies	松田 勝 MATUSUDA, Masaru	宇都宮大学バイオサイエンス教育研究センター教授 Professor and Division Center for Bioscience Research and Education, Utsunomiya University
北柴大泰 KITASHIBA, Hiroyasu	東北大学大学院農学研究所教授 Professor, Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University	三谷昌平 MITANI, Shohei	東京女子医科大学医学部生理学講座教授 Professor and Division head, Department of Physiology, Tokyo Women's Medical University School of Medicine
草場 信 KUSABA, Makoto	広島大学大学院統合生命科学研究科附属植物遺伝子保管実験施設長 Professor, Laboratory of Plant Chromosome and Gene Stock, Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University	三輪佳宏 MIWA, Yoshihiro	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 Head, Gene Engineering Division, RIKEN BioResource Research Center
小林正智 KOBAYASHI, Masatomo	理化学研究所バイオリソース研究センター実験植物開発室長 Head, Experimental Plant Division, RIKEN BioResource Research Center	森 郁恵 MORI, Ikuo	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 Professor, Nagoya University Neuroscience Institute of the Graduate School of Science
小原有弘 KOHARA, Arihiro	医薬基盤・健康・栄養研究所培養資源研究室研究リーダー Research Leader, Laboratory of Cell Cultures, National Institutes of Biomedical Innovation, Health and Nutrition	矢口貴志 YAGUCHI, Takashi	千葉大学真菌医学研究センター准教授 Associate Professor, Medical Mycology Research Center, Chiba University
笹倉靖徳 SASAKURA, Yasunori	筑波大学下田臨海実験センター長 Professor, Director, Shimoda Marine Research Center, University of Tsukuba	湯本貴和 YUMOTO, Takakazu	京都大学霊長類研究所長 Director, Primate Research Institute, Kyoto University
佐藤和広 SATO, Kazuhiro	岡山大学資源植物科学研究所教授 Professor, Okayama University Institute of Plant Science and Resources	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
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	渡辺敦史 WATANABE, Atsushi	九州大学大学院農学研究院准教授 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University
未盛博文 SUEMORI, Hirofumi	京都大学ウイルス・再生医科学研究所准教授 Associate Professor, Center for Human ES Research, Institute for Frontier Life and Medical Sciences, Kyoto University	神保宇嗣 JINBO, Ustugi	国立科学博物館標本資料センター副コレクションディレクター Deputy Collection & Deputy Head of the Center for Molecular Biodiversity Research, National Museum of Nature and Science Center for Collections
杉山峰崇 SUGIYAMA, Minetaka	広島工業大学生命学部食品生命化学科教授 Professor, Hiroshima Institute of Technology, Faculty of Life Sciences, Department of Food Sciences and Biotechnology	竹尾 透 TAKEO, Toru	熊本大学生命資源研究・支援センター教授 Professor, Division of Reproductive Engineering Center for Animal Resources and Development Kumamoto University
高野敏行 TAKANO, Toshiyuki	京都工業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 Professor, Faculty of Applied Biology, Kyoto Institute of Technology	田村朋彦 TAMURA, Tomohiko	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分課室長 Director, Culture Collection Division, Biological Resource Center, NITE (NBRC)
田中香お里 TANAKA, Kaori	岐阜大学糖鎖生命コア研究所糖鎖分子科学研究センター Professor, Institute for Glyco-core Research, Tokai National Higher Education and Research System, Gifu University	吉松嘉代 YOSHIMATSU, Kayo	医薬基盤・健康・栄養研究所薬用植物資源研究センター長 Director, Research Center for Medical Plant Resources, National Institutes of Biomedical Innovation, Health and Nutrition
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		
中桐 昭 NAKAGIRI, Akira	鳥取大学農学部附属菌類きのこ遺伝資源研究センター教授 Professor, Fungus/Mushroom Resource and Research Center, Faculty of Agriculture, Tottori University		
中村克樹 NAKAMURA, Katsuki	京都大学霊長類研究所教授 Professor, Cognitive Neuroscience Section, Primate Research Institute Kyoto University		
中村太郎 NAKAMURA, Taro	大阪市立大学大学院理学研究科教授 Professor, Graduate School of Science, Osaka City University		

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	若林雄一 WAKABAYASHI, Yuichi	千葉県がんセンター研究所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
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	佐々木裕之 SASAKI, Hiroyuki	九州大学生体防衛医学研究所教授 Professor, Medical Institute of Bioregulation Kyushu University.
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	笹岡俊邦 SASAOKA, Toshikuni	新潟大学脳研究所 附属生命科学リソース研究センター バイオリソース研究部門 動物資源開発研究分野教授 Professor, Department of Comparative and Experimental Medicine, Bioresource Science Branch, Center for Bioresource-based Researches Brain Research Institute, Niigata University
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	吉川欣亮 KIKKAWA, Yoshiaki	公益財団法人東京都医学総合研究所・基礎医学研究分野プロジェクトリーダー Project leader, Department of Basic Medical Sciences, Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science
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	伊川正人 IKAWA, Masahito	大阪大学微生物研究所・附属感染動物実験施設 教授 Distinguished Professor, Research Institute for Microbial Diseases, Osaka University
吉木 淳 YOSHIMI, 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		

イネ小委員会 所外委員 Rice Bioresource Committee (Non-NIG members)

芦苅基行 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	小出陽平 KOIDE, Yohei	北海道大学大学院農学研究院助教 Assistant Professor, Research Faculty of Agriculture, Hokkaido 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 Sciences, The University of Tokyo	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
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	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
江花薫子 EBANA, Kaworu	農業・食品産業技術総合研究機構基盤技術研究本部遺伝資源研究センターブーンバンク事業技術室長 Head of Genebank Program Management and Technical Office, Research Center of Genetic Resources, National Agriculture and Food Research Organization	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
奥本 裕 OKUMOTO, Yutaka	摂南大学農学部教授 Professor, Faculty of Agriculture, Setsunan 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
川崎 努 KAWASAKI, Tsutomu	近畿大学農学部教授 Professor, Faculty of Agriculture, Kindai University	土門英司 DOMON, Eiji	農業・食品産業技術総合研究機構基盤技術研究本部遺伝資源センター上級研究員 Principal Scientist, Genebank program management and technical office, Research Center of Genetic Resources, National Agriculture and Food Research Organization
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
草場 信 KUSABA, Makoto	広島大学大学院総合生命科学研究科附属植物遺伝子保管実験施設長 Professor, Laboratory of Plant Chromosome and Gene Stock, Graduate School of Integrated Life Sciences, Hiroshima 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
久保貴彦 KUBO, Takahiko	九州大学大学院農学研究科准教授 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University	吉村 淳 YOSHIMURA, Atsushi	九州大学特任教授 Specially Appointed Professor, Kyushu University
熊丸敏博 KUMAMARU, Toshihiro	九州大学大学院農学研究科教授 Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University		

大腸菌小委員会 所外委員 E. Coli Bioresource Committee (Non-NIG members)

饗場弘二 AIBA, Hiroji	鈴鹿医療科学大学薬学部客員教授 Visiting Professor, Faculty of Pharmaceutical Sciences, Suzuka University of Medical Science	川岸郁朗 KAWAGISHI, Ikuro	法政大学生命科学部教授 Professor, Department of Frontier Bioscience, Hosei University
秋山芳展 AKIYAMA, Yoshinori	京都大学ウイルス・再生医科学研究所教授 Professor, Institute for Frontier Life and Medical Sciences, Kyoto University	佐藤 勉 SATO, Tsutomu	法政大学生命科学部教授 Professor, Department of Frontier Bioscience, Hosei University
板谷光泰 ITAYA, Mitsuhiko	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	矢口貴志 YAGUCHI, Takashi	千葉大学真菌学研究所センター准教授 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 and Chairman, Division of Microbiology, 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, Graduate School of Bioscience, Tokyo University of Agriculture
片山 勉 KATAYAMA, Tsutomu	九州大学大学院薬学研究科教授 Professor, Faculty of Pharmaceutical Sciences, Kyushu University	吉田健一 YOSHIDA, Ken-ichi	神戸大学大学院科学技術イノベーション研究科教授 Professor, Graduate School of Science, Technology and Innovation, Kobe University



人を対象とする研究倫理審査委員会 所外委員 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	静岡県立富士宮西高等学校学校教諭 Senior High School Teacher, Shizuoka Prefectural Fujinomiya West 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		(2021年6月30日廃止)

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	静岡県立富士宮西高等学校学校教諭 Senior High School Teacher, Shizuoka Prefectural Fujinomiya West 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		(2021年6月30日廃止)

人を対象とする生命科学・医学系研究倫理審査委員会 所外委員 Ethical Review Committee on Medical and Biological 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	静岡県立富士宮西高等学校学校教諭 Senior High School Teacher, Shizuoka Prefectural Fujinomiya West 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		(2021年6月30日発定)

利益相反委員会 所外委員 Conflict of Interests Committee (Non-NIG members)

合田敏尚 GODA, Toshinao	静岡県立大学食品栄養科学部特任教授 Specialy-Appointed Professor, School of Food and Nutritional Sciences, University of Shizuoka
------------------------	--

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	20	Professors
准教授	9	Associate Professors
助教	23	Assistant Professors
客員教授	6	Visiting Professors
小計 (所長、客員教授を除く)	52	(excluding Director - General and Visiting Professors) Subtotal
管理部	18	Administration Staffs
技術課	12	Technicians
合計 (所長、客員教授を除く)	82	(excluding Director - General and Visiting Professors) Total

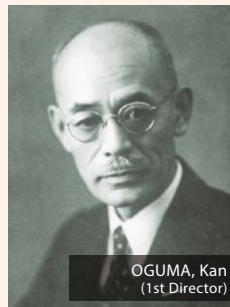
(2022年4月1日現在)

# History

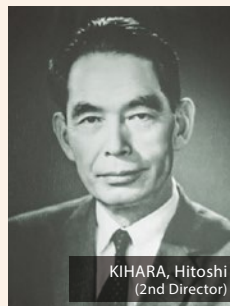
1949年	6月1日	文部省所轄研究所として設置 庶務部及び3研究部で発足
	8月10日	小熊 捍 初代所長就任
1953年	1月1日	研究部を形質遺伝部、細胞遺伝部、 生理遺伝部に改組
	8月1日	生化学遺伝部設置
1954年	7月1日	応用遺伝部設置
1955年	9月15日	変異遺伝部設置
	10月1日	木原 均 第2代所長就任



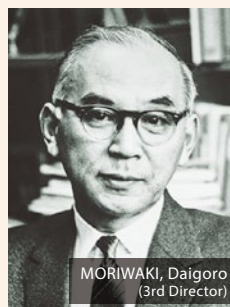
1960年	4月30日	人類遺伝部設置
1962年	4月1日	微生物遺伝部設置
1964年	4月1日	集団遺伝部設置
1969年	4月1日	森脇大五郎 第3代所長就任、 分子遺伝部設置
1974年	4月1日	植物保存研究室設置
1975年	3月1日	田島彌太郎 第4代所長就任
	10月1日	遺伝実験生物保存研究施設動物保存 研究室設置
1976年	10月1日	遺伝実験生物保存研究施設微生物保 存研究室設置
1983年	10月1日	松永 英 第5代所長就任
1984年	4月12日	大学共同利用機関に改組 遺伝実験 生物保存研究センター（哺乳動物保 存・無脊椎動物保存・植物保存・微 生物保存・遺伝資源の5研究室）、遺 伝情報研究センター（構造・組換え の2研究室）、実験農場設置
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）



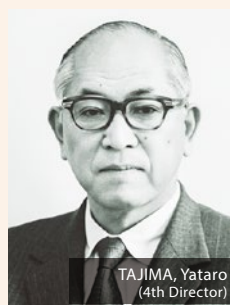
OGUMA, Kan  
(1st Director)



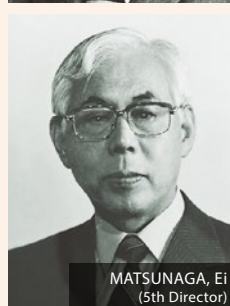
KIHARA, Hitoshi  
(2nd Director)



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





## 予算 Budget

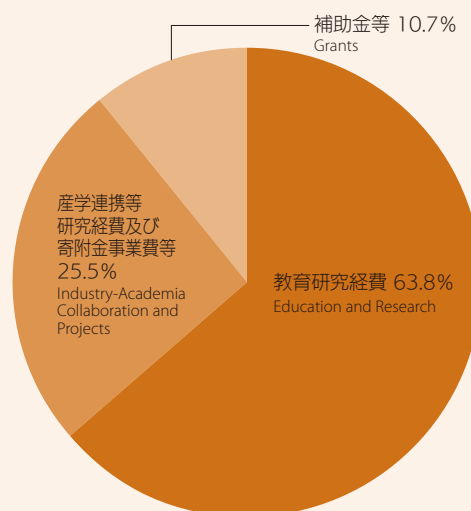
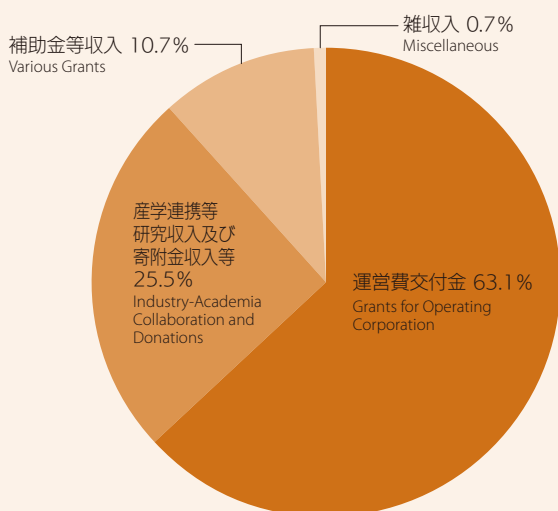
2022年度 (FY2022)

(×1,000yen)

収入	Revenue
区分	金額
運営費交付金 Grants for Operating Corporation	2,435,458
補助金等収入 Various Grants	413,995
雑収入 Miscellaneous	28,110
産学連携等研究収入及び寄附金収入等 Industry-Academia Collaboration and Donations	984,206
合計 Total	3,861,769*

支出	Expenditure
区分	金額
教育研究経費 Education and Research	2,463,568
補助金等 Grants	413,995
産学連携等研究経費及び寄附金事業費等 Industry-Academia Collaboration and Projects	984,206
合計 Total	3,861,769*

※機構長裁量経費を除く

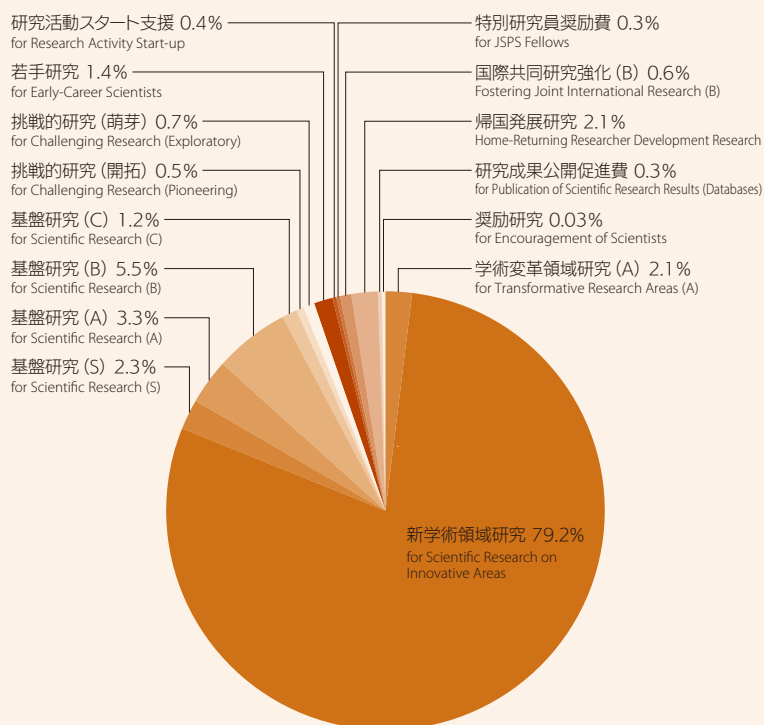


## 科学研究費 Grant-in-Aid for Scientific Research

2021年度 (FY2021)

(×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)	28,900 / 2
新学術領域研究 for Scientific Research on Innovative Areas	1,079,200 / 10
基盤研究 (S) for Scientific Research (S)	30,900 / 1
基盤研究 (A) for Scientific Research (A)	45,500 / 5
基盤研究 (B) for Scientific Research (B)	74,300 / 17
基盤研究 (C) for Scientific Research (C)	16,100 / 15
挑戦的研究 (開拓) for Challenging Research (Pioneering)	6,900 / 1
挑戦的研究 (萌芽) for Challenging Research (Exploratory)	9,700 / 4
若手研究 for Early-Career Scientists	18,900 / 15
研究活動スタート支援 for Research Activity Start-up	5,600 / 5
特別研究員奨励費 for JSPS Fellows	4,600 / 4
国際共同研究強化 (B) Fostering Joint International Research (B)	8,000 / 3
帰国発展研究 Home-Returning Researcher Development Research	29,100 / 1
研究成果公開促進費 for Publication of Scientific Research Results (Databases)	4,100 / 2
奨励研究 for Encouragement of Scientists	470 / 1
合計 Total	1,362,270 / 86



(2022年3月末現在)



内容	氏名
Christiane Nüsslein-Volhard Award European Zebrafish Society (欧州ゼブラフィッシュ学会)	発生遺伝学研究室 教授 川上浩一
日本遺伝学会第93回大会 Best Papers 賞 正常な雄性減数分裂進行に必要なイネ葯室細胞間隙へのカロース多糖の高蓄積 Hyper accumulation of callose at extracellular spaces of anther locules is required for normal progression of male meiosis in rice	植物細胞遺伝研究室 大学院生 Harsha Somashekar
第61回生物物理若手の会・夏の学校 学生優秀発表賞 コヒーシによるクロマチンループ形成は局所的なクロマチンの動きを抑制する	ゲノムダイナミクス研究室 大学院生 飯田史織
総合研究大学院大学 遺伝学専攻 森島奨励賞 An Algorithmic Approach for Identifying Rearrangements in Multiple Bacterial Genomes	生命ネットワーク研究室 大学院生 Mehwish Noureen
総合研究大学院大学 遺伝学専攻 森島奨励賞 Comparative Analysis of Genus Bifidobacterium: Insight into its Host Adaptation	生命ネットワーク研究室 大学院生 Maria Altaf Satti
第27回小型魚類研究会 ポスター賞 Single cell RNA-seq analysis of functionally labelled optic flow-responsive neurons in the zebrafish pretectum	システム神経科学研究室 博士研究員 松田光司
河川財団 優秀成果表彰 町指定天然記念物イトヨが生息する湧水河川・湖沼における震災復興工事の影響と保全事業の効果	生態遺伝学研究室 大学院生 細木拓也
日本生態学会中部地区大会 研究発表賞 2011年東北震災後に出現したトゲウオ雑種集団における再種分化	生態遺伝学研究室 大学院生 細木拓也
第10回日本生態学会奨励賞(鈴木賞) 魚類における適応進化と種分化の再現性	生態遺伝学研究室 助教 山崎 曜
令和3年度「ROIS若手+ベテラン異分野クロストーク」ベストポスター賞 縄文人の歯髄や糞石由来DNAの古代微生物ゲノム解析	人類遺伝研究室 大学院生 西村瑠佳
2021年度総研大生命科学リトリート ベスト・ポスター賞 Single nucleosome imaging through endogenously labeled replication-dependent histone H3	ゲノムダイナミクス研究室 大学院生 南 克彦
日本ゲノム微生物学会 若手賞	ゲノム進化研究室 博士研究員 黒川真臣
日本ゲノム微生物学会第16回年会 最優秀ポスター賞	ゲノム進化研究室 博士研究員 黒川真臣

※所属・肩書は、受賞当時のものです

# Intellectual Property Rights

特許出願 21件	機構内発明者	出願番号
エルゴチオネインの製造方法	宮城島進也/廣岡俊亮	特願2021-067865
藻類の培養方法	宮城島進也/廣岡俊亮/藤原崇之	特願2021-079124
高感度・高精度RT-PCR法	馬場知哉	特願2021-109423 共願人 産業技術総合研究所
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/根岸剛文	特願2021-135637 共願人 加計学園
診断マーカー検出方法、及び診断キット	光永滋樹/井ノ上逸朗	特願2021-183638
新規な微生物、当該微生物を用いた微生物資材、当該微生物を利用した植物の栽培方法	櫻井 望	特願2021-199569 共願人 東京農工大、京大、近畿大、東北大、かずさDNA研究所
イデココメ綱に属する藻類の培養方法	宮城島進也/廣岡俊亮	特願2022-033751 共願人 ENEOS株式会社
イデココメ綱に属する藻類を含有する組成物	宮城島進也/廣岡俊亮	特願2022-040019 共願人 ENEOS株式会社、大阪府立環境農林水産総合研究所
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	PCT/JP2021/015669
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	PCT/JP2021/030937 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	PCT/JP2021/030931 共願人 DIC株式会社
ガルデ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	PCT/JP2021/037195 共願人 DIC株式会社

特許出願	機構内発明者	出願番号
空間評価システム	黒川 顕/東 光一/森 宙史	PCT/JP2022/001136 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	日本国移行 特願2021-532685 共願人 加計学園
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	米国移行 17/620,977 共願人 加計学園
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	欧州移行 20840241.2 共願人 加計学園
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	中国移行 202080050923.1 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	日本国移行 特願2021-532687 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	米国移行 17/620,993 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	欧州移行 20840243.8 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	中国移行 202080050921.2 共願人 加計学園
特許登録 9件	機構内発明者	登録番号
ベクターシステム、遺伝子発現方法、標的遺伝子ノックアウト方法、標的遺伝子ノックダウン方法、標的遺伝子編集方法、及び遺伝子発現キット	岩里琢治	第6856919号
情報処理システム、情報処理方法、及びプログラム	黒川 顕/東 光一/森 宙史	第7008979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	第7018198号
アフリカツメガエル卵抽出液の冷凍保存方法及び冷凍保存用キット、アフリカツメガエル卵濃縮抽出液、並びに細胞周期の分析方法	島本勇太	第7023519号
METHOD FOR SITE-SPECIFIC INSERTION OF FOREIGN DNA INTO A GENOME IN AN ANIMAL CELL AND A CELL OBTAINED USING SAME	鐘巻将人/夏目豊彰	EP3339437 (ベルギー)
METHOD FOR SITE-SPECIFIC INSERTION OF FOREIGN DNA INTO A GENOME IN AN ANIMAL CELL AND A CELL OBTAINED USING SAME	鐘巻将人/夏目豊彰	EP3339437 (スイス)
METHOD FOR SITE-SPECIFIC INSERTION OF FOREIGN DNA INTO A GENOME IN AN ANIMAL CELL AND A CELL OBTAINED USING SAME	鐘巻将人/夏目豊彰	EP3339437 (フランス)
METHOD FOR SITE-SPECIFIC INSERTION OF FOREIGN DNA INTO A GENOME IN AN ANIMAL CELL AND A CELL OBTAINED USING SAME	鐘巻将人/夏目豊彰	EP3339437 (イギリス)
METHOD FOR SITE-SPECIFIC INSERTION OF FOREIGN DNA INTO A GENOME IN AN ANIMAL CELL AND A CELL OBTAINED USING SAME	鐘巻将人/夏目豊彰	602016066410.0 (ドイツ)

## 2021 Publications in High-Impact Factor Journals

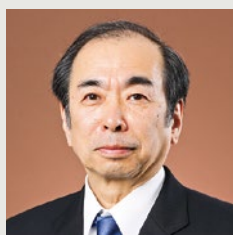
2021年 高インパクト雑誌掲載数

Journal Title	# of published	Journal Title	# of published	Journal Title	# of published
<i>Science</i>	3	<i>Mol. Biol. Evol.</i>	3	<i>PNAS</i>	5
<i>Nature Cell Biology</i>	1	<i>Nature Plants</i>	1	<i>Current Biology</i>	3
<i>Blood</i>	2	<i>Nature Communications</i>	5	<i>J. Cell Biology</i>	3
<i>Molecular Cell</i>	1	<i>Science Advances</i>	1	<i>ISME Journal</i>	1
<i>Neuron</i>	1	<i>Developmental Cell</i>	1	<i>Ecology Letters</i>	1
<i>Nucleic Acids Res.</i>	5	<i>Plant Cell</i>	1	<b>Total # of Published Papers in NIG</b>	<b>197</b>



# 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

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は未だに収束の行方が見えません。このような世界規模での課題をはじめとして、現代社会は生命、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不確実性の高い社会であり、私達はそうした変革の時代をまさに目の当たりにしています。

また、近年の情報通信技術の急速かつ飛躍的な発展や、多様なビッグデータの出現、計算性能の急激な向上は、社会を変容させるとともに研究環境を大きく変化させています。

こうした現代社会において、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、これからの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ないと私たちは考えています。

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つの研究所—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）—に加え、2016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）」から構成され、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、現代の諸問題の解決を目指し活動しています。

全国の研究者コミュニティから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するとともに、産業界や自治体との連携に加え、社会への学術の啓発普及にも寄与できるように、研究成果であるデータの公開や共有を行うオープンサイエンスの活動を積極的に推進してまいります。

## ■ President's Message

There is still no clear end in sight for the pandemic caused by COVID-19 that has spread to all regions of the world since 2019. As illustrated by this and other global crises, today's society is beset by wide-ranging uncertainties that constitute unavoidable risks in multiple domains, including human survival, the earth, the natural environment, and human society.

Rapid and revolutionary advances in information technology, the emergence of diverse types of big data, and dramatic increases in computing performance in recent years have transformed society and dramatically altered the research environment.

Against this backdrop, it would not be an exaggeration to say that advances in data science—which is sometimes referred to as “the fourth science”—will be the driving force behind scientific and technological innovation going forward.

The Research Organization of Information Systems (ROIS) comprises four distinguished research 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 is engaged in efforts to address diverse issues facing society today by pioneering new fields of research from the perspective of information and systems and advancing data science.

ROIS's primary mission is to contribute to the advancement of research by universities and other research institutions by promoting resource sharing and joint research that responds to the needs of the research community. In addition, ROIS aims to respond to the needs and expectations of industry and local governments as well as raise societal awareness of science through active promotion of open science based on the publication and sharing of data generated by academic research.

# 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 2022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

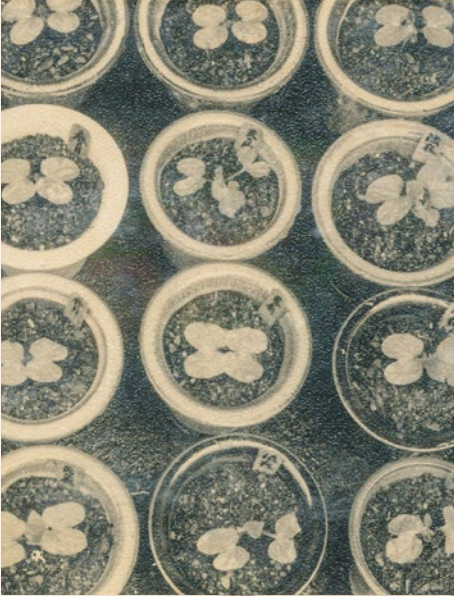
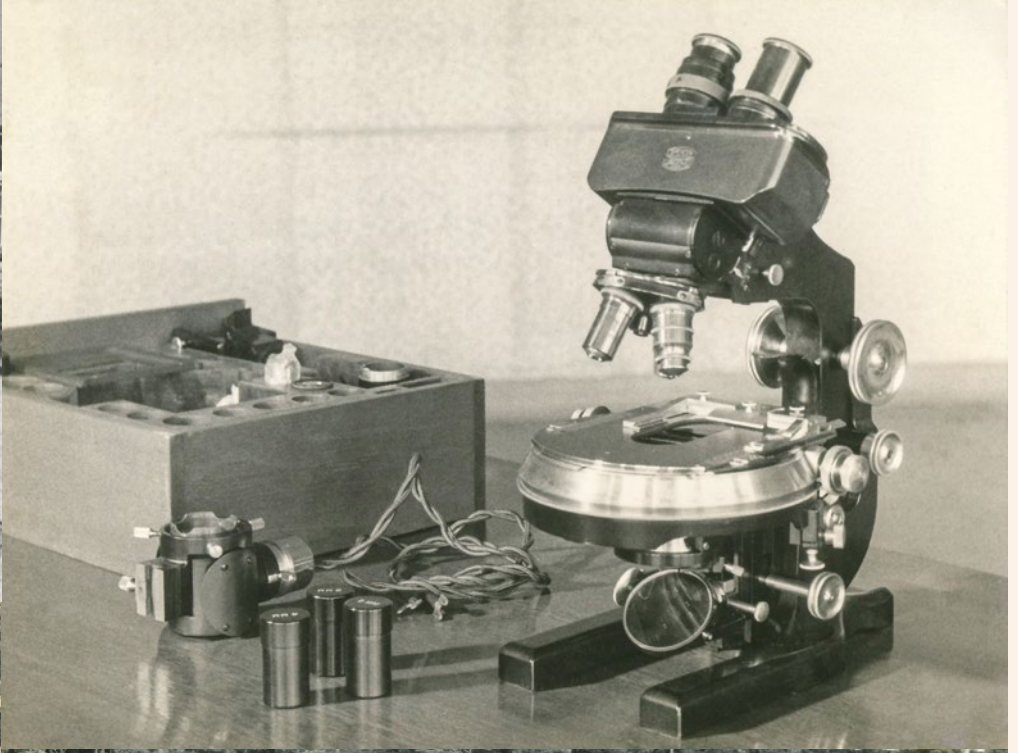


# National Institute of Genetics

国立遺伝学研究所











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

