



2023 要覧

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構

国立遺伝学研究所

National Institute of Genetics

国立大学法人 総合研究大学院大学
先端学術院 先端学術専攻

遺伝学コース

Genetics Program, Graduate Institute
for Advanced Studies, 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 Hanaoka

Message from the Director-General

遺伝学と「遺伝研の役割」

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

国立遺伝学研究所は遺伝学に関する基礎的研究とその指導・促進を図ることを目的として1949年に文部省の研究所として発足しました。その歴史は生命科学の爆発的な発展と重なり、分子進化の中立説、mRNAのキャップ構造の発見、DNA複製起点の同定など、数々の優れた研究業績を挙げてきました。また1984年には大学共同利用機関として学術コミュニティ全体の研究を促進する役割を担いつつ、1988年には新たに設置された総合研究大学院大学（総研大）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。2023年度からは総研大が組織改革を行います。これについては「遺伝学コース長からのメッセージ（p. 77）」の項をご参照ください。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います。

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います。研究に関しては、大腸菌からイネ、マウス、ヒトに至る様々な生物を対象に、遺伝学に関する独創的な研究を推進し、世界的にも高く評価されています。研究基盤整備では、DNAデータバンク（DDBJ）、実験生物系統の分与、先端ゲノミクス推進事業などによって学術コミュニティに貢献しています。また教育・人材育成では学生数に対する教員数の多さを活かした大学院教育を行うとともに、有望な若手研究者に新しい分野を開拓させるための将来を見据えた体制を構築しております。

研究所の果たすべき役割は、当該研究分野を発展させ、その成果を世界中の人々と分かち合い、得られた知識の社会還元を目指して努力することにあります。生命科学には無数の謎が残されており、遺伝研は世界中の研究者たちと切磋琢磨し、あるいは協力しつつそれらの謎を解き、人類の幸福に貢献していきます。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. SOKENDAI will undergo organizational reform starting in FY2023. For more information on this, please refer to the “Message from the Chair (p. 77)” section.

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

13 遺伝研へのアクセス
Access to the Institute

遺伝研の研究活動

16 研究活動
Research Activities

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

51 産学連携・知的財産室
NIG INNOVATION

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

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

54 技術課
Technical Section

共同利用・共同研究

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

57 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

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

59 生物遺伝資源センター
Genetic Resource Center

60 フェノタイプ研究推進センター
Phenotype Research 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 先端学術院 先端学術専攻 遺伝学コース
Genetics Program, Graduate Institute for Advanced Studies, SOKENDAI

遺伝研データ

84 運営
Management

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

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

91 沿革
History

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



大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 Research Organization of Information and Systems (ROIS)	国立大学法人 総合研究大学院大学 先端学術院 先端学術専攻 The Graduate University for Advanced Studies, SOKENDAI Graduate Institute for Advanced Studies
国立極地研究所 National Institute of Polar Research	極域科学コース Polar Science Program
国立情報学研究所 National Institute of Informatics	情報学コース Informatics Program
統計数理研究所 The Institute of Statistical Mathematics	統計科学コース Statistical Science Program
国立遺伝学研究所 National Institute of Genetics	遺伝学コース Genetics Program
データサイエンス共同利用基盤施設 Joint Support-Center for Data Science Research	

Outline of Departments and Centers for Research Infrastructures

研究系・共同利用事業センター等

■ 情報研究系

データ・知識・材料の利活用に資する技術課題の発見と克服のための研究開発

■ ゲノム・進化研究系

ゲノム配列解析や進化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

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

■ 先端ゲノミクス推進センター

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

■ 生物遺伝資源センター

生命科学を先導する様々なバイオリソースを開発し、それらの維持と国内外の大学や研究機関への分譲を行っている。関連情報は、データベース化して世界中に公開している。また、文部科学省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。

■ フェノタイプ研究推進センター

遺伝研が創出した遺伝学的な研究手法やリソース、及び、施設の利用等を受託型事業として学術機関及び企業に提供する。

■ 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。

■ 薬品・アイソトープ管理ユニット

放射性化合物を活用する研究を支援するとともに、有害な薬品やアイソトープ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 provides promising young scientists with independent positions and an opportunity of developing new frontiers in genetics and related research fields, thereby bringing up scientists who will play crucial roles in academic fields.

■ Bioinformation and DDBJ Center

The 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

The 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 universities and institutes. The related information is open to the public through the databases. The center participates actively in "National BioResource Project (NBRP)" of MEXT.

■ Phenotype Research Center

The center will provide genetic research tools/resources created by NIG and the use of its facilities to academic institutions and companies as a beneficiary-paid service.

■ 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.

■ Chemical and Radioisotope Management Unit

The unit is responsible for the management of hazardous chemicals and radioisotopes, in addition to the support of studies that take advantage of radioisotopes.

■ 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

NIG INNOVATION is 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 office aims to contribute to the enhancement of the research ability of the institute as well as the entire scientific community.

■ Office for Gender Equality

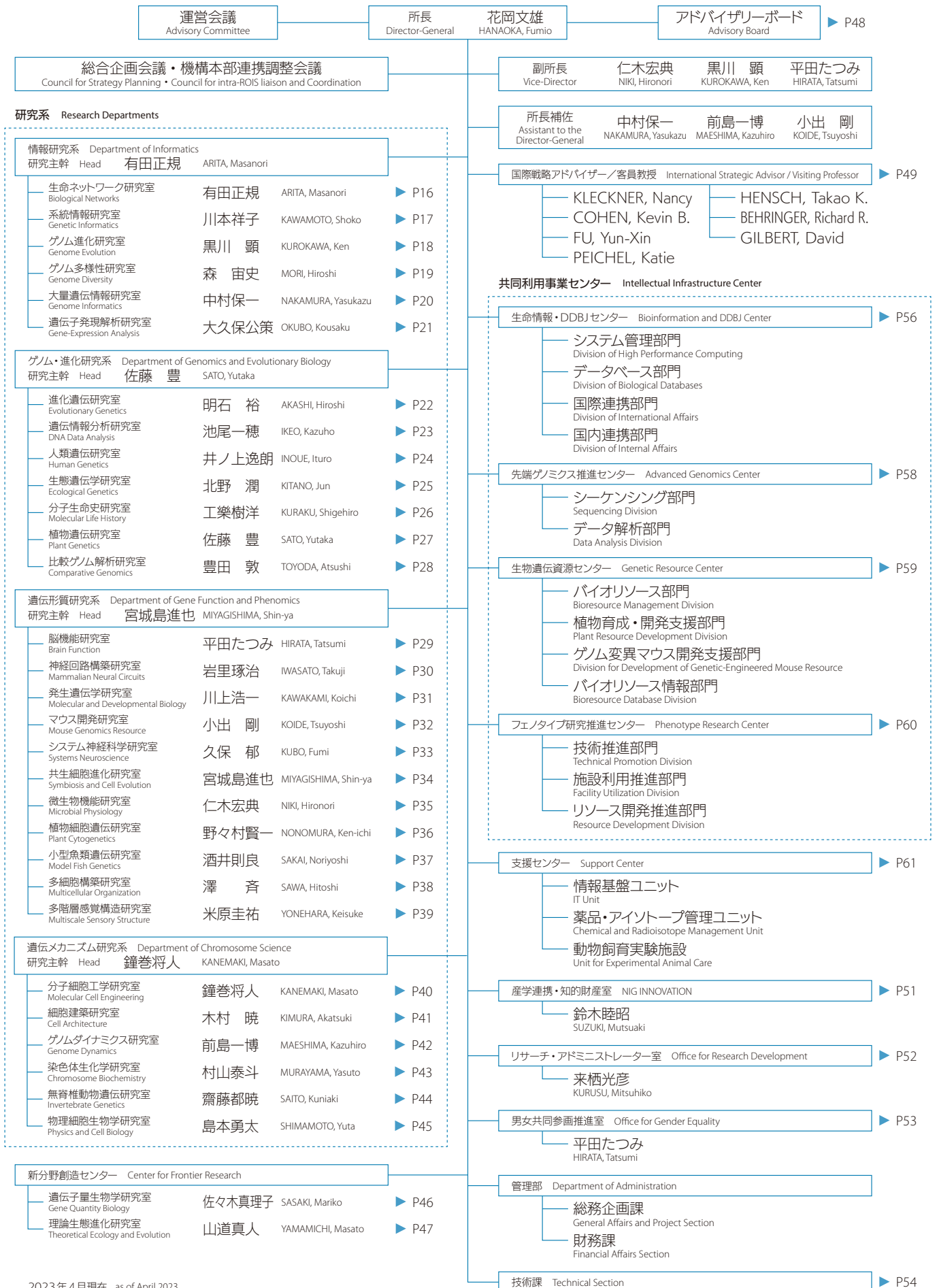
The office aims to ensure a comfortable work environment where people can deliver their full potential regardless of sex, age, job category or other personal matters.

■ Technical Section

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

Organization

組織



Cutting-edge Research : A Core Institute for Life Sciences

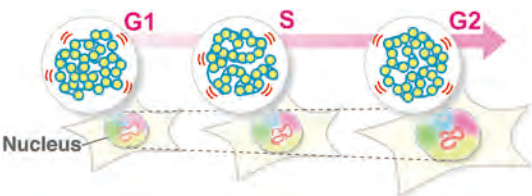
遺伝学の中核拠点としての先端研究活動

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

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

▶ Research Highlights

最近の研究成果より



細胞の周期 (G1、S、G2期) において細胞核は大きくなり、DNA量も倍になるが、DNAのゆらぎは一定だった。
The swaying motion of DNA keeps steady-state throughout interphase despite increases in DNA amount and nuclear volume.

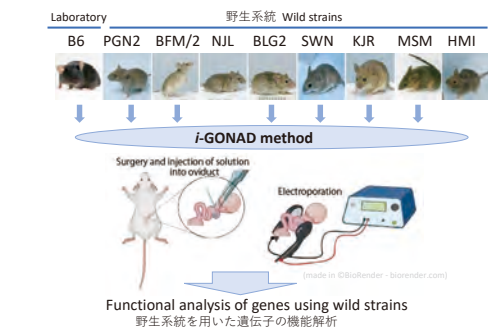
生きた細胞内のDNAの動きを見る

飯田史織総研大生、前島一博教授らは、生きたヒト細胞においてDNAをまばらに蛍光標識しDNAの微小なゆらぎを捉えることに成功しました。その結果、DNAは核の成長過程で一定のゆらぎを保ち続けることがわかりました。これによって、細胞はゲノム情報の読み出しやすさを一定に保っていると考えられます。

DNA moves steadily during interphase, providing cells robust housekeeping system

Maeshima group has discovered that the local DNA motion inside human cells remains steady throughout interphase, where the nucleus grows and replicates its DNA for cell division. The study suggests that this steady-state DNA motion allows cells to conduct housekeeping tasks under similar environments during interphase.

Iida S, Shinkai S, Itoh Y, Tamura S, Kanemaki MT, Onami S, Maeshima K. Single-nucleosome imaging reveals steady-state motion of interphase chromatin in living human cells. Sci Adv. 2022 Jun 3;8(22):eabn5626.



i-GONAD 法の手順の概要
Overview of the i-GONAD Method Procedure

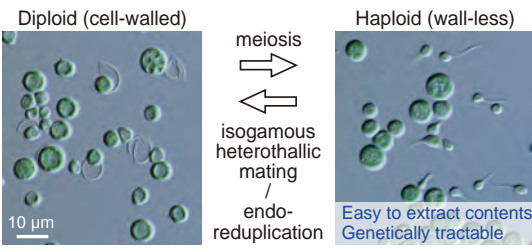
野生マウスでゲノム編集を可能にする方法を確立

野生マウス系統は、系統間の遺伝的差異や野生マウスに特徴的な行動形質などを示す有用な研究リソースです。小出剛准教授らは、受精卵を体外に取り出さずにゲノム編集を行う i-GONAD 法を用いることで、野生系統で効率よく遺伝子改変を行うことに成功しました。今後多くの研究分野における野生系統の活用が期待できます。

Established a method to enable genome editing in wild mice

Wild mouse strains are useful research resources that show genetic differences between strains and behavioral traits characteristic of wild mice. Koide group have succeeded in efficiently performing genetic modification in wild strains by using the i-GONAD method, which does not involve any ex vivo manipulation of fertilized egg. It is expected that wild strains will be utilized in many research fields in the future.

Imai Y, Tanabe A, Matsuyama M, Koide T. Efficient genome editing in wild strains of mice using the i-GONAD method. Sci Rep. 2022 Aug 15;12(1):13821.



単細胞紅藻ガルドリアの従来知られていた細胞壁を有する2倍体と今回見つかった細胞壁を持たない1倍体
Cell-walled diploid cells (the previously known form) and newly found cell-wall-less haploid cells of the unicellular red alga *Galdieria partita*.

単細胞紅藻の有性生殖の発見と産業応用

廣岡俊亮特任助教と宮城島進也教授らは、これまでに進化の初期に分岐した真核藻類では見つかっていなかった有性生殖過程を、単細胞紅藻ガルドリアで発見しました。さらに新たに見つかった細胞壁の無い1倍体を用いて高度な遺伝的改変技術を確立しました。本成果は、今後、藻類・植物の進化の解明や微細藻類の産業利用につながると期待されます。

Sexual reproduction of unicellular red algae and its industrial application

Miyagishima group has discovered sexual reproduction in unicellular red algae. In addition, the group has established a procedure for genetic modification using the newly discovered cell wall-less haploid. These findings and techniques facilitate the understanding of the evolution of algae and plants and the industrial use of microalgae.

Hirooka S, Itabashi T, Ichinose TM, Onuma R, Fujiwara T, Yamashita S, Jong LW, Tomita R, Iwane AH, Miyagishima SY. Life cycle and functional genomics of the unicellular red alga *Galdieria* for elucidating algal and plant evolution and industrial use. Proc Natl Acad Sci U S A. 2022 Oct 11;119(41):e2210665119.

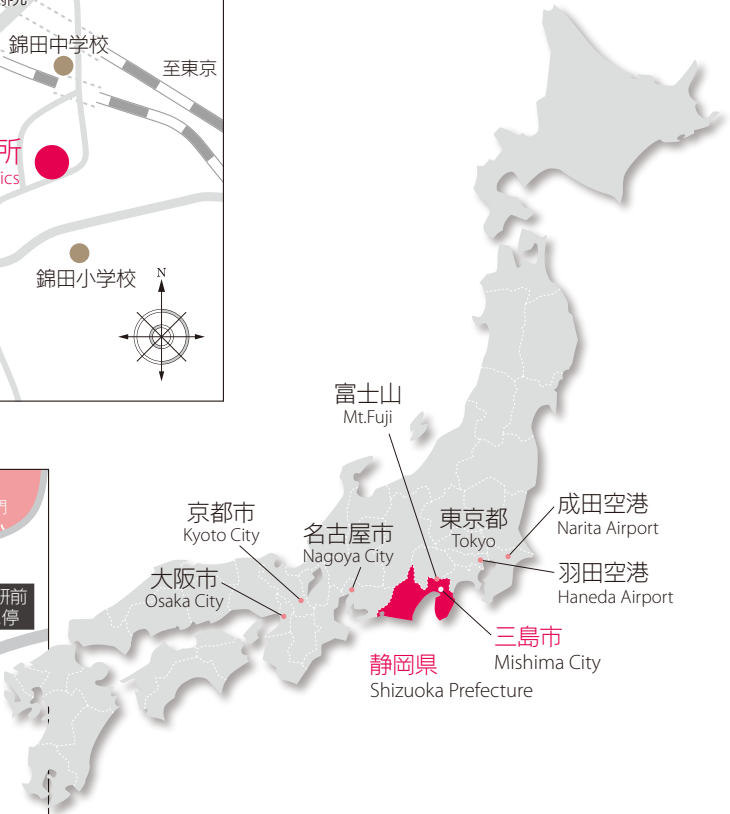
Access to the Institute

遺伝研へのアクセス

遺伝研周辺地図

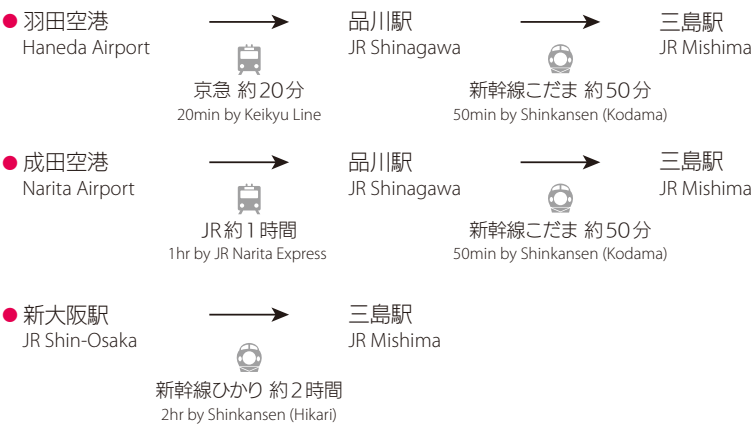


遺伝研詳細地図



三島駅までのアクセス

How to get to JR Mishima



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



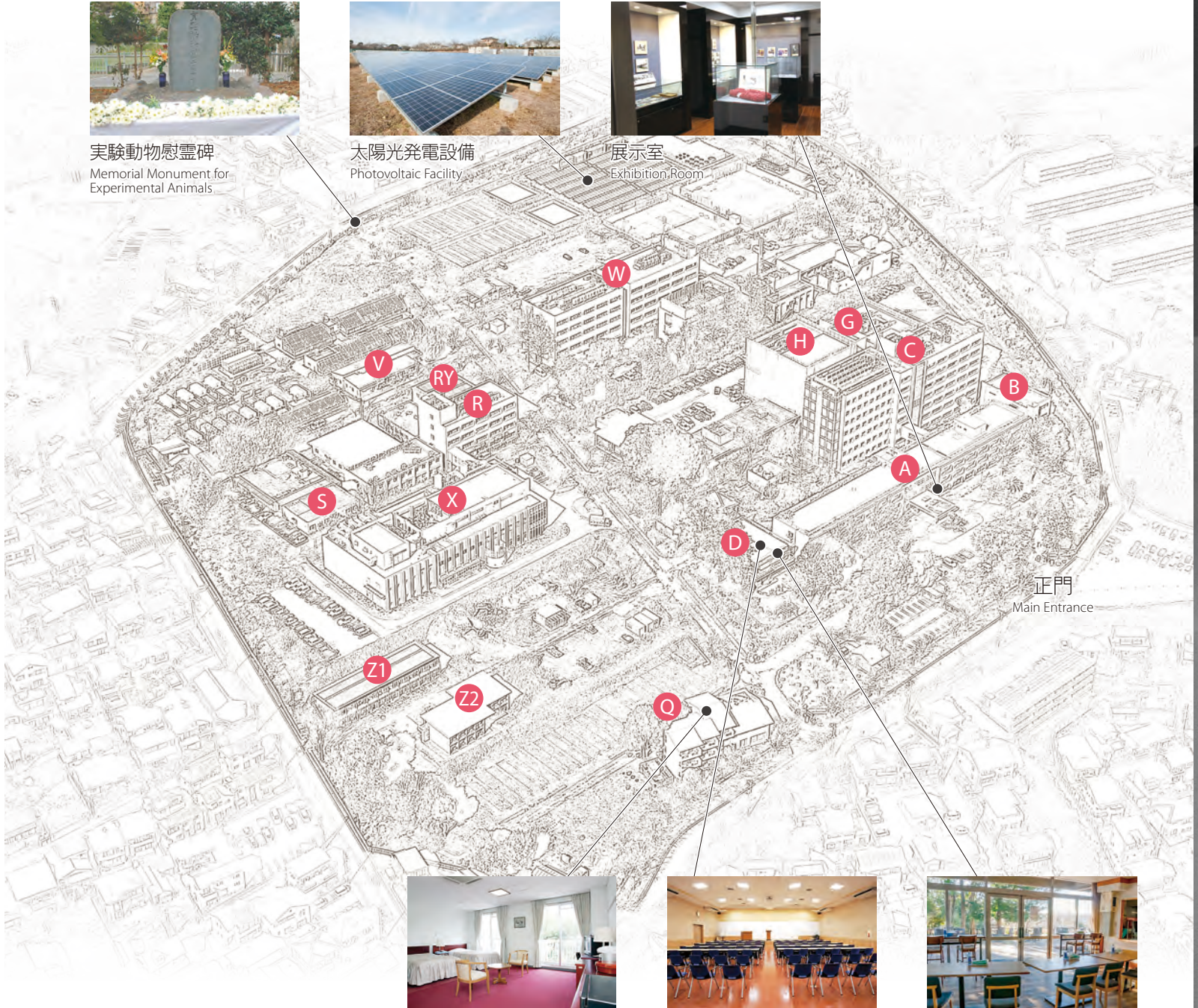
実験動物慰霊碑
Memorial Monument for
Experimental Animals



太陽光発電設備
Photovoltaic Facility



展示室
Exhibition Room



正門
Main Entrance



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 所内宿舍1号棟
Official Housing I

Z2 所内宿舍2号棟
Official Housing II

研究所の敷地と建物

土地総面積 97,703㎡
Institute Facilities and Grounds

内訳
Details
研究所敷地 94,095㎡
Institute Area
宿舍敷地 3,608㎡
Residential Area

建築面積 16,348㎡
Building Area

建物延面積 41,168㎡
Total Floor Space

(2023年4月1日現在)

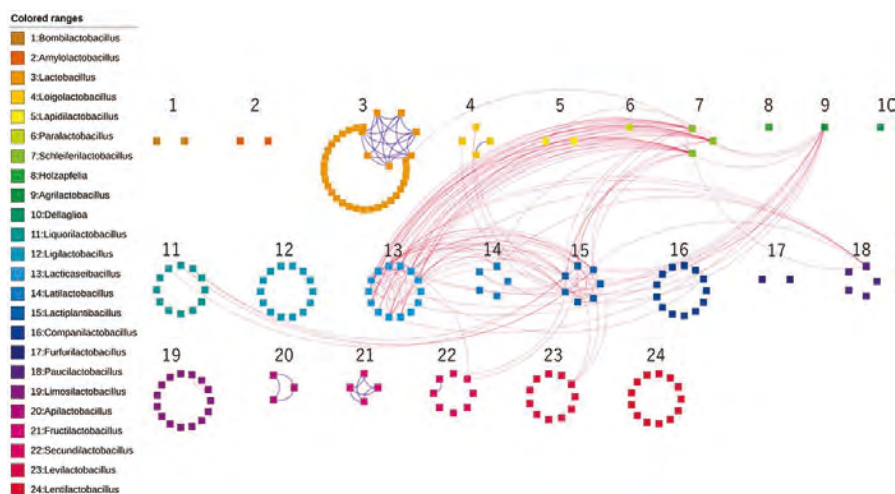
Research Activities

遺伝研の研究活動



Finding the link between reproductive/symbiotic variation and evolution

生物界における生殖・共生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）による生殖や共生の解析です。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、植物、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、どのように進化し、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 analysis of reproduction and symbiosis using genomics and metabolomics (this word comes from ‘metabolism’). Our computational analysis targets many biological species from lactobacilli and microalgae to plants and 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

Koshimizu S, Minamino N, Nishiyama T, Yoro E, Sato M, Wakazaki M, Toyooka K, Ebine K, Sakakibara K, Ueda T, Yano K. Phylogenetic distribution and expression pattern analyses identified a divergent basal body assembly protein involved in land plant spermatogenesis. *New Phytol.* 2022 Nov;236(3):1182-1196.

Kryukov K, Jin L, Nakagawa S. Efficient compression of SARS-CoV-2 genome data using Nucleotide Archival Format. *Patterns (N Y).* 2022 Sep 9;3(9):100562.

Li Z, Zhao C, Dong L, Huan Y, Yoshimoto M, Zhu Y, Tada I, Wang X, Zhao S, Zhang F, Li L, Arita M. Comprehensive Metabolomic Comparison of Five Cereal Vinegars Using Non-Targeted and Chemical Isotope Labeling LC-MS Analysis. *Metabolites.* 2022 May 10;12(5):427.

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

Arita Group 有田研究室



ARITA, Masanori
Professor
有田正規 教授



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



KOSHIMIZU, Shizuka
Assistant Professor
越水 静 助教



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

Research on utilization of biological resource and database

遺伝資源情報の利用とデータベースに関する研究



ナショナルバイオリソースプロジェクトのWebサイト。当研究室では国内で整備されている様々な生物資源の情報を集約している。各リソースの特性やゲ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.

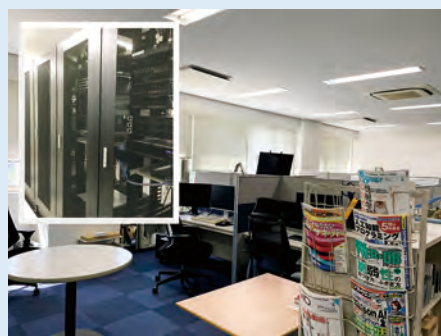
川本祥子, 希少疾患のためのモデル生物研究者レジストリとバイオリソースデータベースの役割, 細胞 53(13), 807-810, 2021-11

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

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.

Nobu MK, Nakai R, Tamazawa S, Mori H, Toyoda A, Ijiri A, Suzuki S, Kurokawa K, Kamagata Y, Tamaki H. Unique H₂-utilizing lithotrophy in serpentinite-hosted systems. ISME J. 2023 Jan;17(1):95-104.

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



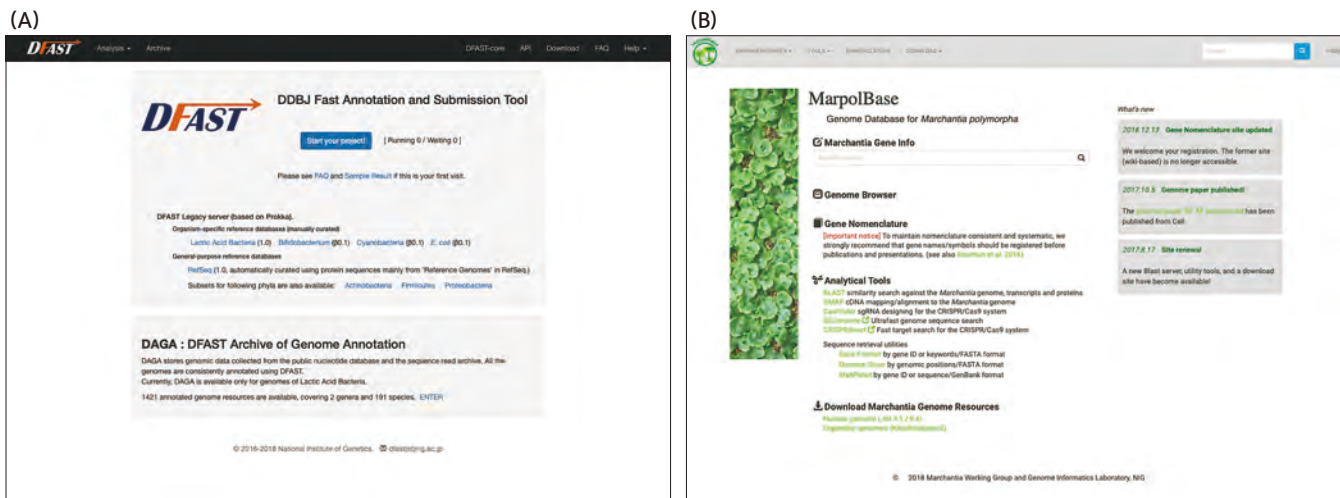
HIGASHI, Koichi
Assistant Professor
東 光一 助教

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



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: ゼニコケ (*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、苔類ゼニコケ *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 reuse of 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 an automated annotation system that makes it possible to get 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 improve the 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

Tanizawa Y, Fujisawa T, Kodama Y, Kosuge T, Mashima J, Tanjo T, Nakamura Y. DNA Data Bank of Japan (DDBJ) update report 2022. Nucleic Acids Res. 2023 Jan 6;51(D1):D101-D105.

Kawamura S, Romani F, Yagura M, Mochizuki T, Sakamoto M, Yamaoka S, Nishihama R, Nakamura Y, Yamato KT, Bowman JL, Kohchi T, Tanizawa Y. MarpolBase Expression: A Web-Based, Comprehensive Platform for Visualization and Analysis of Transcriptomes in the Liverwort *Marchantia polymorpha*. Plant Cell Physiol. 2022 Nov 22;63(11):1745-1755.

Tamura K, Sakamoto M, Tanizawa Y, Mochizuki T, Matsushita S, Kato Y, Ishikawa T, Okuhara K, Nakamura Y, Bono H. A highly contiguous genome assembly of red perilla (*Perilla frutescens*) domesticated in Japan. DNA Res. 2023 Feb 1;30(1):dsac044.

Kamikawa R, Mochizuki T, Sakamoto M, Tanizawa Y, Nakayama T, Onuma R, Cenci U, Moog D, Speak S, Sarkozi K, Toseland A, van Oosterhout C, Oyama K, Kato M, Kume K, Kayama M, Azuma T, Ishii KI, Miyashita H, Henrissat B, Lombard V, Win J, Kamoun S, Kashiwara Y, Mayama S, Miyagishima SY, Tanifuji G, Mock T, Nakamura Y. Genome evolution of a nonparasitic secondary heterotroph, the diatom *Nitzschia putrida*. Sci Adv. 2022 Apr 29;8(17):eabi5075.

Genome Informatics Laboratory 大量遺伝情報研究室

Nakamura Group 中村研究室



NAKAMURA, Yasukazu
Professor
中村保一 教授



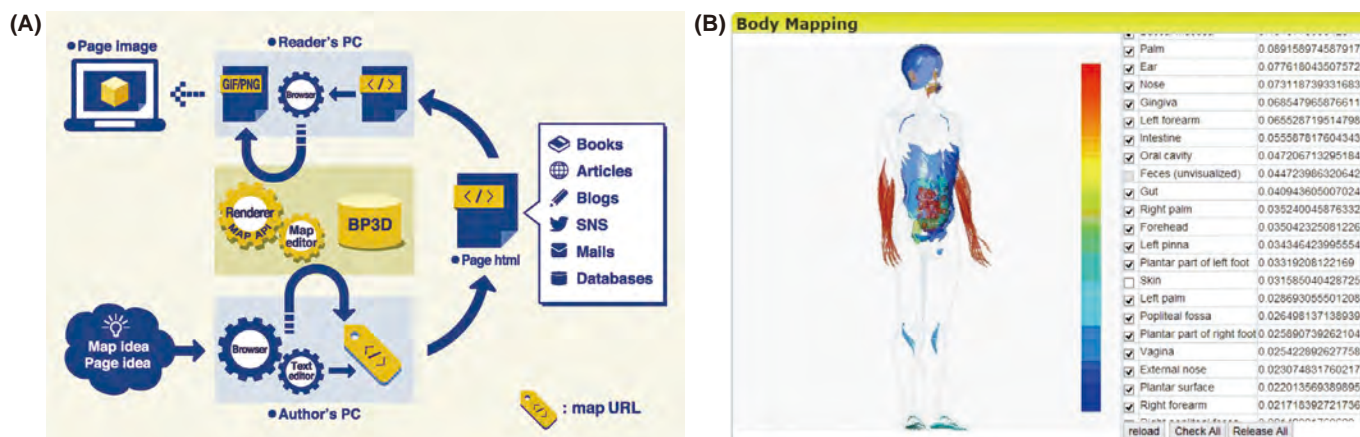
TANIZAWA, Yasuhiro
Assistant Professor
谷澤靖洋 助教

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



Developing technologies to make BioMedicine comprehensible and tractable

生命科学を機械に扱いやすく人に解りやすくする技術の開発



Anatomography サービス構成 (A) 利用例 (B).

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

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

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

現在ステップBはAに対し圧倒的に劣勢です。Aに比べBはより高度なインテリジェンスを要するので、機械的支援が行われていないのだと思われます。この不均衡は学問の効率的な進展の為に知識の広い利用の為に必要ならばなりません。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 biomedicine.

Selected Publications

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

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

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

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

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

Okubo Group 大久保研究室



OKUBO, Kousaku
Professor

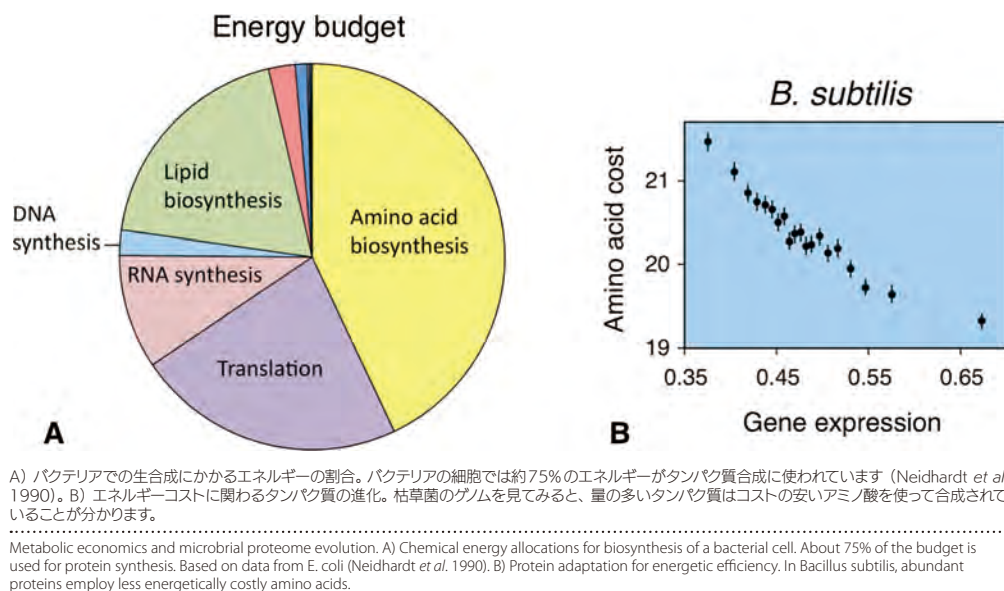
大久保公策 教授

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



Population genetics and genome evolution

集団遺伝とゲノム進化



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

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

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

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

Selected Publications

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

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

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

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

Evolutionary Genetics Laboratory 進化遺伝研究室

Akashi Group 明石研究室



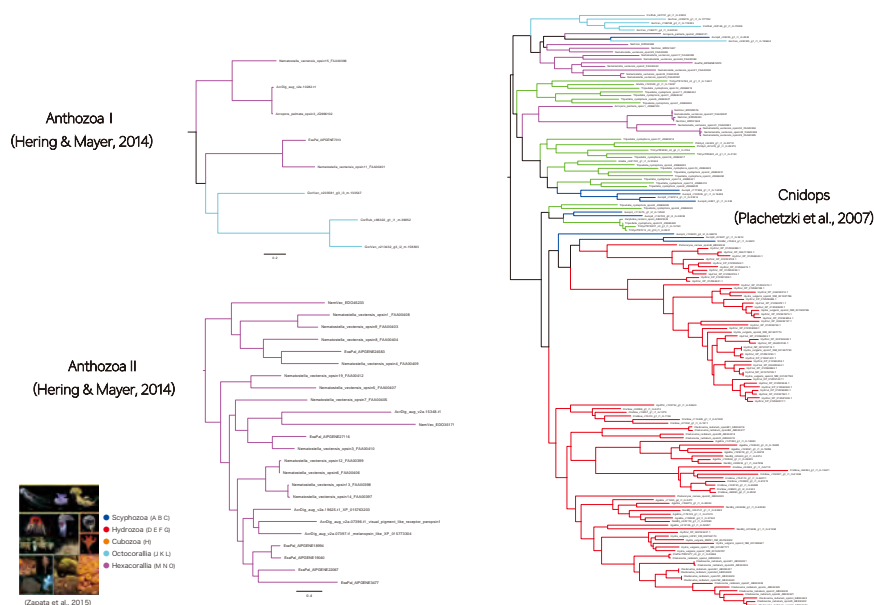
AKASHI, Hiroshi
Professor
明石 裕 教授

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



Study for molecular evolution using genome sequence and gene expression

ゲノム配列と遺伝子発現からみた分子進化学



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

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

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

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

Selected Publications

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

Sultana Z, Asakura A, Kinjo S, Nozawa M, Nakano T, Ikeo K. Molecular phylogeny of ten intertidal hermit crabs of the genus *Pagurus* inferred from multiple mitochondrial genes, with special emphasis on the evolutionary relationship of *Pagurus lanuginosus* and *Pagurus maculosus*. *Genetica*. 2018 Oct;146(4-5):369-381.

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:bay027.

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

Ikeo Group 池尾研究室

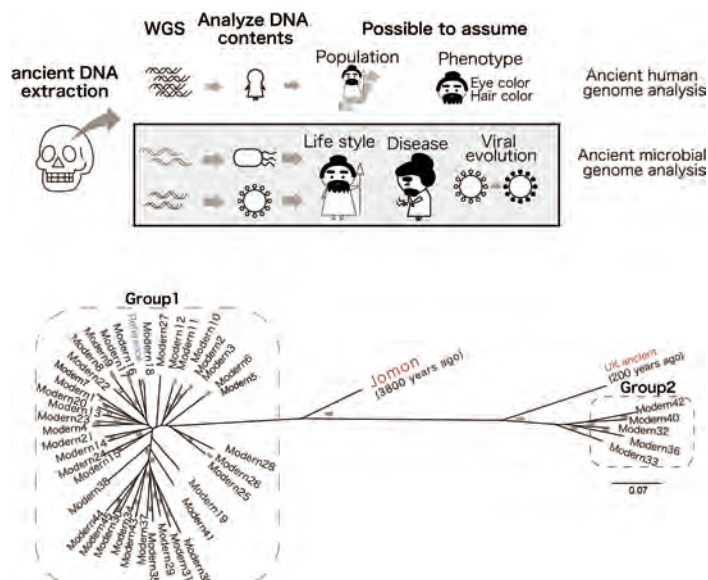


IKEO, Kazuho
Associate Professor
池尾一穂 准教授

<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により、疾患メカニズム理解につなげる研究も推進します。また、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

Revathidevi S, Hosomichi K, Natsume T, Nakaoka H, Fujito NT, Akatsuka H, Sato T, Munirajan AK, Inoue I. AMBRA1 p.Gln30Arg Mutation, Identified in a Cowden Syndrome Family, Exhibits Hyperproliferative Potential in hTERT-RPE1 Cells. *Int J Mol Sci.* 2022 Sep 22;23(19):11124.

Sugimoto R, Nishimura L, Nguyen PT, Inoue I. Extraction of CRISPR-targeted sequences from the metagenome. *STAR Protoc.* 2022 Sep 16;3(3):101525.

Yoshioka A, Nakaoka H, Fukumoto T, Inoue I, Nishigori C, Kunisada M. The landscape of genetic alterations of UVB-induced skin tumors in DNA repair-deficient mice. *Exp Dermatol.* 2022 Oct;31(10):1607-1617.

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

Inoue Group 井ノ上研究室

INOUE, Ituro
Project Professor

井ノ上逸朗 特任教授

FUJITO, Naoko
Project Assistant Professor

藤戸尚子 特任助教

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


Genetics of adaptive radiation

適応放散の遺伝機構



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

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

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

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

Selected Publications

Yoshida K, Kitano J. Tempo and mode in karyotype evolution revealed by a probabilistic model incorporating both chromosome number and morphology. *PLoS Genet*. 2021 Apr 16;17(4):e1009502.

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.

Ecological Genetics Laboratory 生態遺伝学研究室

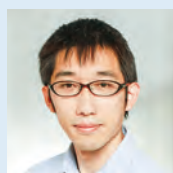
Kitano Group 北野研究室



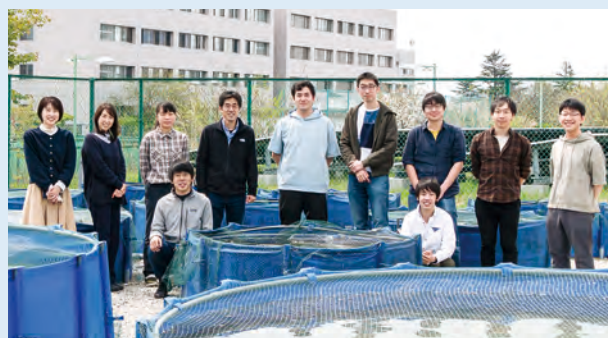
KITANO, Jun
Professor
北野 潤 教授



YAMASAKI, Yo
Assistant Professor
山崎 曜 助教

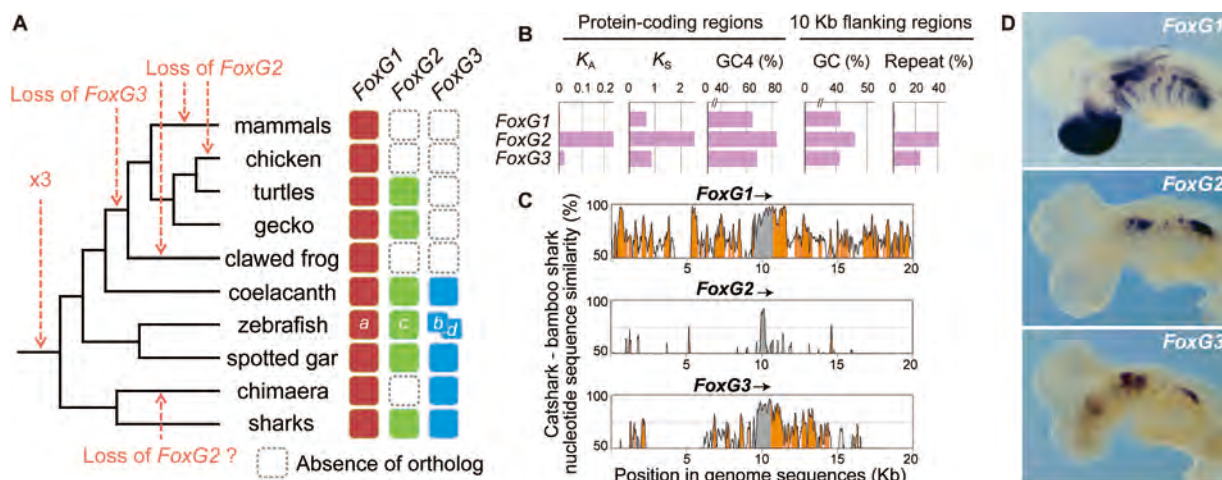


YOSHIDA, Kota
Project Assistant Professor
吉田恒太 特任助教


<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

Kuraku S, Kaiya H, Tanaka T, Hyodo S. Evolution of Vertebrate Hormones and Their Receptors: Insights from Non-Osteichthyan Genomes. *Annu Rev Anim Biosci*. 2023 Feb 15;11:163-182.

Kuraku S. Shark and ray genomics for disentangling their morphological diversity and vertebrate evolution. *Dev Biol*. 2021 Sep;477:262-272.

Uno Y, Nozu R, Kiyatake I, Higashiguchi N, Sodeyama S, Murakumo K, Sato K, Kuraku S. Cell culture-based karyotyping of orectolobiform sharks for chromosome-scale genome analysis. *Commun Biol*. 2020 Nov 6;3(1):652.

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.

Molecular Life History Laboratory 分子生命史研究室

Kuraku Group 工楽研究室



KURAKU, Shigehiro
Professor
工楽樹洋 教授

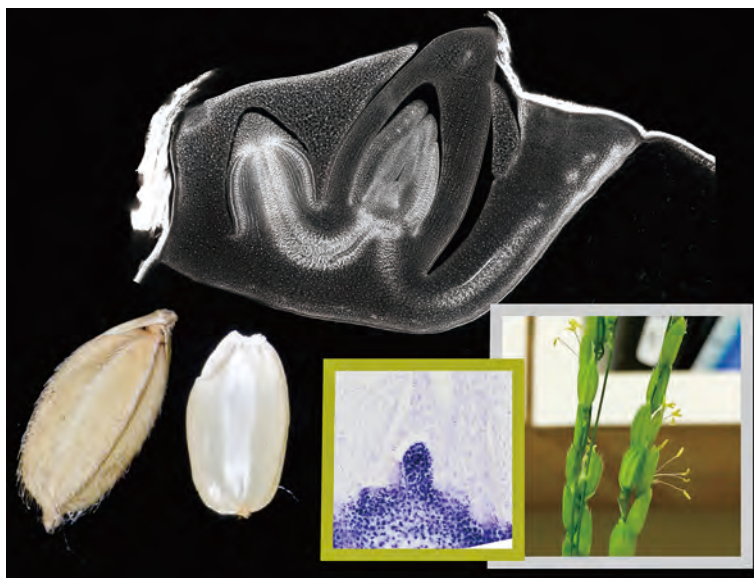


KAWAGUCHI, Akane
Assistant Professor
川口 茜 助教

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


Molecular genetics of plant embryogenesis

イネ分子遺伝学による植物初期発生機構の解明



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

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

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

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

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

Selected Publications

Ta KN, Yoshida MW, Tezuka T, Shimizu-Sato S, Nosaka-Takahashi M, Toyoda A, Suzuki T, Goshima G, Sato Y. Control of Plant Cell Growth and Proliferation by MO25A, a Conserved Major Component of the Mammalian Sterile 20-Like Kinase Pathway. *Plant Cell Physiol.* 2023 Mar 15;64(3):336-351.

Ishimoto K, Nosaka-Takahashi M, Kishi-Kaboshi M, Watanabe T, Abe K, Shimizu-Sato S, Takahashi H, Nakazono M, Hirochika H, Sato Y. Post-embryonic function of GLOBULAR EMBRYO 4 (GLE4)/OsMPK6 in rice development. *Plant Biotechnology.* 2023 40 (1):9-13.

Yoshida Y, Nosaka-T M, Yoshikawa T, Sato Y. Measurements of Antibacterial Activity of Seed Crude Extracts in Cultivated Rice and Wild *Oryza* Species. *Rice (N Y).* 2022 Dec 13;15(1):63.

Nosaka-Takahashi M, Kato M, Kumamaru T, Sato Y. Measurements of the number of specified and unspecified cells in the shoot apical meristem during a plastochron in rice (*Oryza sativa*) reveal the robustness of cellular specification process in plant development. *PLoS One.* 2022 Jun 3;17(6):e0269374.

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析を実施した生物種。上左：解剖前のシーラカンス稚魚 上右：ニホンザル 下左：セレパンシス
メダカ 下右：オオコオモリ的一种
.....
Pictures of the animals whose genomes have been analyzed

当研究室では、ヒトを含む霊長類から生命科学研究において重要な生物種や極限環境に棲息する生物、マイクロバイオーム、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指して研究活動を行っています。

また、先端ゲノミクス推進センターと連携して、最新のゲノム解析技術を用いた先端ゲノミクス研究を実施しており、多くの国内外の研究機関との共同研究を積極的に進めています。

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

Selected Publications

Terao M, Ogawa Y, Takada S, Kajitani R, Okuno M, Mochimaru Y, Matsuoka K, Itoh T, Toyoda A, Kono T, Jogahara T, Mizushima S, Kuroiwa A. Turnover of mammal sex chromosomes in the Sry-deficient Amami spiny rat is due to male-specific upregulation of Sox9. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2022 Dec 6;119(49):e2211574119.

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 *Ophiiorhiza 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.

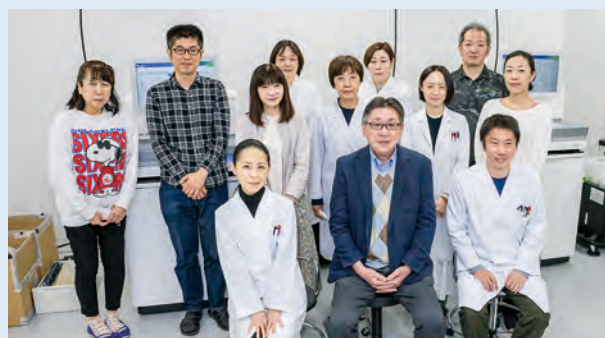
Nishiyama T, Sakayama H, de Vries J, Buschmann H, Saint-Marcoux D, Ullrich KK, Haas FB, Vanderstraeten L, Becker D, Lang D, Vosolobé S, Rombauts S, Wilhelmsson PKI, Janitza P, Kern R, Heyl A, Rümpler F, Villalobos LIAC, Clay JM, Skokan R, Toyoda A, Suzuki Y, Kagoshima H, Schijlen E, Tajeshwar N, Catarino B, Hetherington AJ, Saltykova A, Bonnot C, Breuninger H, Symeonidi A, Radhakrishnan GV, Van Nieuwerburgh F, Deforce D, Chang C, Karol KG, Hedrich R, Ulvskov P, Glöckner G, Delwiche CF, Petrášek 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

NeuroGT database

Powered by SSBD, NIG, RIKEN

Dataset ID: ex: Q2A

Search Clear / Show all

#	WM Dorsal	WM Ventral	Dataset ID	Birthdate Tag driver line	Reporter line	Age of Mouse	TM Stage	Mouse individual ID	Antibody	Detection Model	Download PNG images
68			Q2A_TMI15.1	NeuroGT ^{CreER} (Q2A) (CDB0512T-1)	Tau ^{CreER} -GFP- <i>lacZ</i> Synonyms: Map2 ^{CreER} (MGI:3590682) (JAX Stock: 021162)	P7	E11.5	3	chick anti-beta-galactosidase antibody (ab9361, Abcam) (RRID: AB_307210)	Leica SCN400	Download (9.4 GB)
70			Q2A_TMI12.1	NeuroGT ^{CreER} (Q2A) (CDB0512T-1)	Tau ^{CreER} -GFP- <i>lacZ</i> Synonyms: Map2 ^{CreER} (MGI:3590682) (JAX Stock: 021162)	P7	E12.5	2	rabbit anti-beta-galactosidase antibody (A11332, Molecular Probes) no longer available	Leica SCN400	Download (15.6 GB)
75			Q2A_TMI15.0	NeuroGT ^{CreER} (Q2A) (CDB0512T-1)	Tau ^{CreER} -GFP- <i>lacZ</i> Synonyms: Map2 ^{CreER} (MGI:3590682) (JAX Stock: 021162)	P7	E15.5	5	rabbit anti-GFP antibody (#598, MBL) (RRID: AB_591816)	Leica SCN400	Download (112.0 GB)
78			Q2A_TMI13.0	NeuroGT ^{CreER} (Q2A) (CDB0512T-1)	Tau ^{CreER} -GFP- <i>lacZ</i> Synonyms: Map2 ^{CreER} (MGI:3590682) (JAX Stock: 021162)	P7	E17.5	3	rabbit anti-GFP antibody (#598, MBL) (RRID: AB_591816)	Leica SCN400	Download (12.9 GB)

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

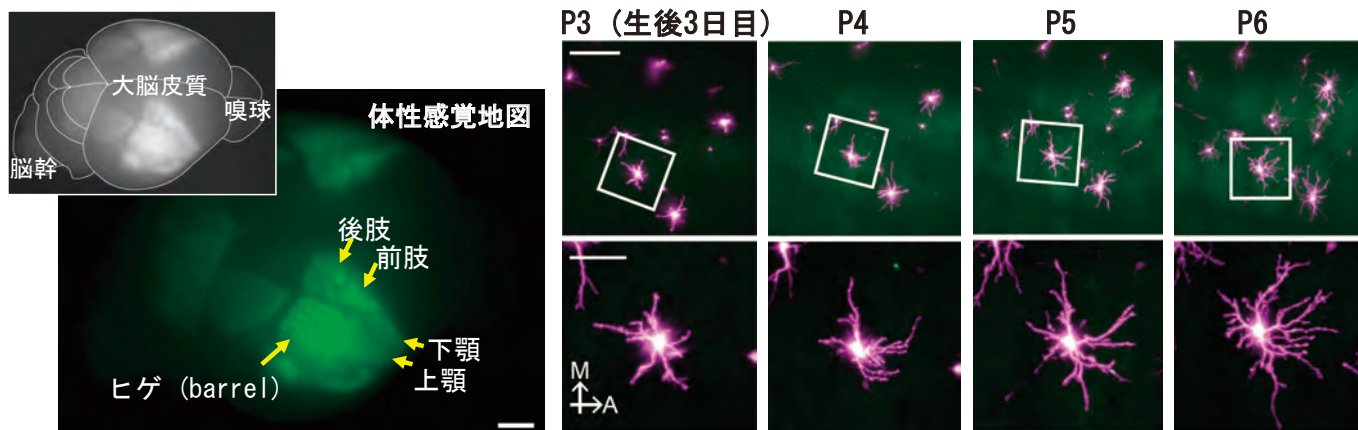


ZHU, Yan
Assistant Professor
トウー, ヤン 助教

<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

Iwasato Group 岩里研究室



IWASATO, Takuji
Professor
岩里琢治 教授



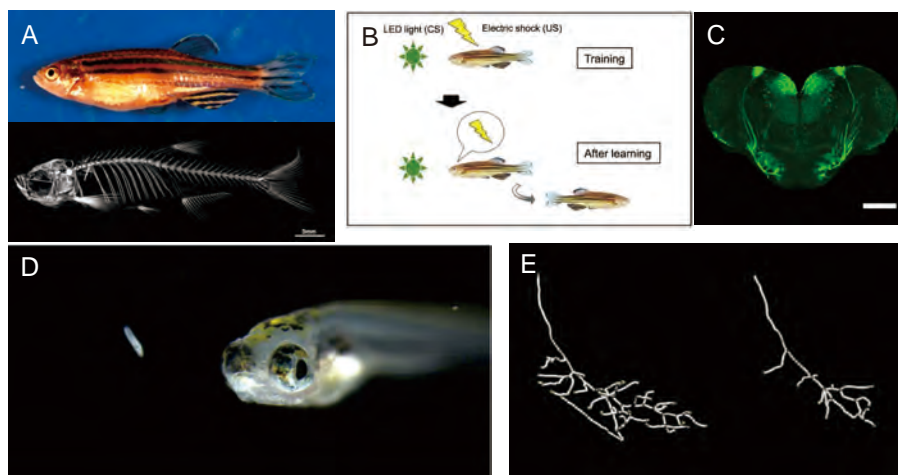
NAKAGAWA, Naoki
Assistant Professor
中川直樹 助教



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

The genetic basis of development and behaviors in zebrafish

ゼブラフィッシュを用いた高次生命現象の遺伝学的解析



(A) インド原産のゼブラフィッシュ。体長約4cm。(B, C) ゼブラフィッシュの恐怖条件付け学習に必須な神経回路 (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脊髄ニューロンの神経軸索の成長 (左) は、ALS関連因子 (TDP-43) の過剰発現により阻害される (右) (Asakawa and Kawakami 2020)。(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) The outgrowth of zebrafish motor neuron (left) is compromised when the ALS-associated protein, TDP-43, is overexpressed (right) (Asakawa et al. 2020)

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やヒト疾患メカニズムを明らかに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 and mechanism of human diseases.

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

Kawakami Group 川上研究室



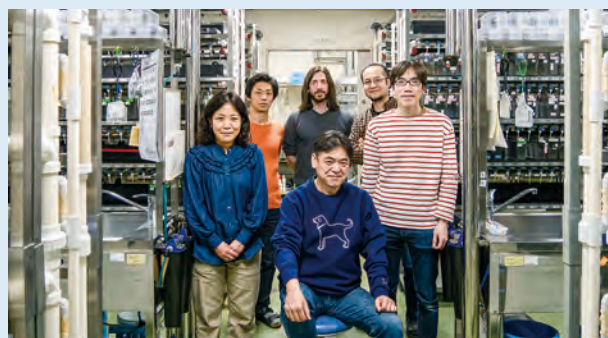
KAWAKAMI, Koichi
Professor
川上浩一 教授



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



SHIRAKI, Tomoya
Project Assistant Professor
白木知也 特任助教

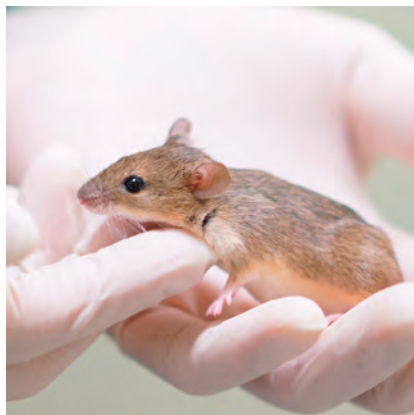


<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/kawakami/>

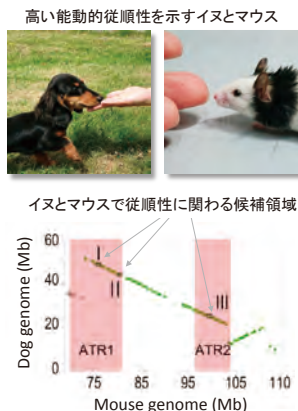
Behavioral genetics using wild-derived mouse strains

野生由来マウスを用いた行動遺伝学

野生マウスから選択交配でヒトになつくマウス樹立



イスゲノムとの比較解析



野生由来の遺伝的に多様なマウス集団を用いて選択交配を行い、遺伝的にヒトになつたマウス集団を樹立した。遺伝解析の結果、ヒトになつく行動に関わる遺伝子はマウス11番染色体上に存在しており、この相同領域はイス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

Imai Y, Tanave A, Matsuyama M, Koide T. Efficient genome editing in wild strains of mice using the i-GONAD method. *Sci Rep.* 2022 Aug 15;12(1):13821.

Matsumura R, Yoshimi K, Sawai Y, Yasumune N, Kajihara K, Maejima T, Koide T, Node K, Akashi M. The role of cell-autonomous circadian oscillation of Cry transcription in circadian rhythm generation. *Cell Rep.* 2022 Apr 19;39(3):110703.

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.* 2021 Mar;20(3):e12721.

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

Mouse Genomics Resource Laboratory マウス開発研究室

Koide Group 小出研究室



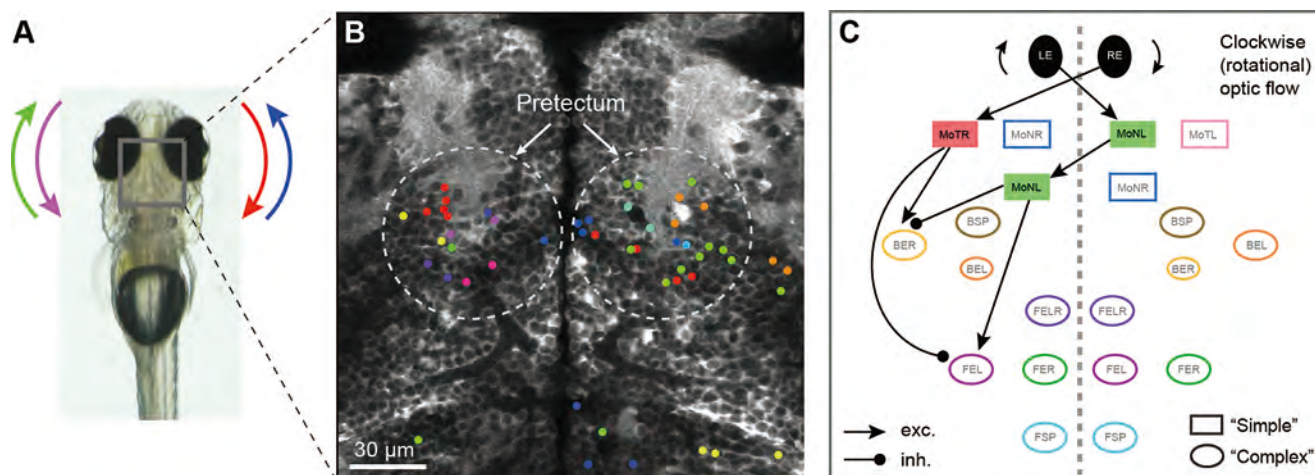
KOIDE, Tsuyoshi
Associate Professor
小出 剛 准教授

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



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.

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

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

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

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

Kubo Group 久保研究室



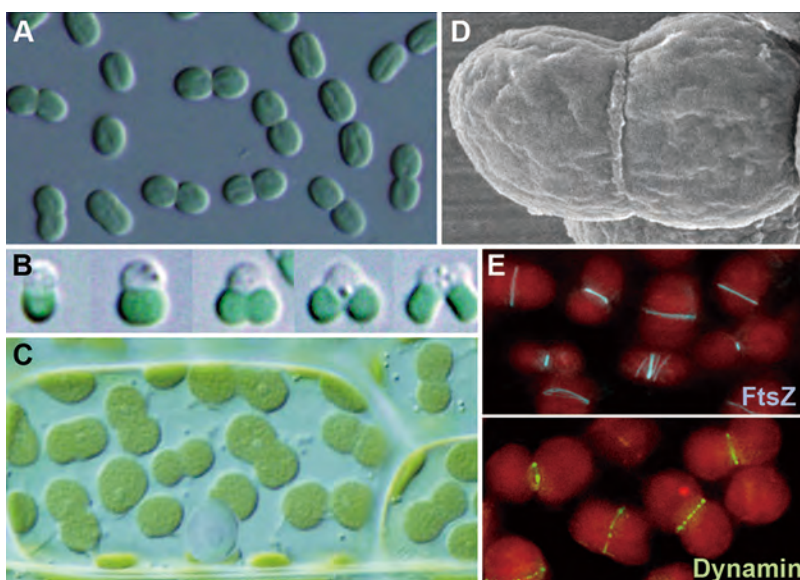
KUBO, Fumi
Associate Professor
久保 郁 准教授

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



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 algae; 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則の解明を目指しています。

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

Selected Publications

Hirooka S, Itabashi T, Ichinose TM, Onuma R, Fujiwara T, Yamashita S, Jong LW, Tomita R, Iwane AH, Miyagishima SY. Life cycle and functional genomics of the unicellular red alga *Galdieria* for elucidating algal and plant evolution and industrial use. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2022 Oct 11;119(41):e2210665119.

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):e00833-19.

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



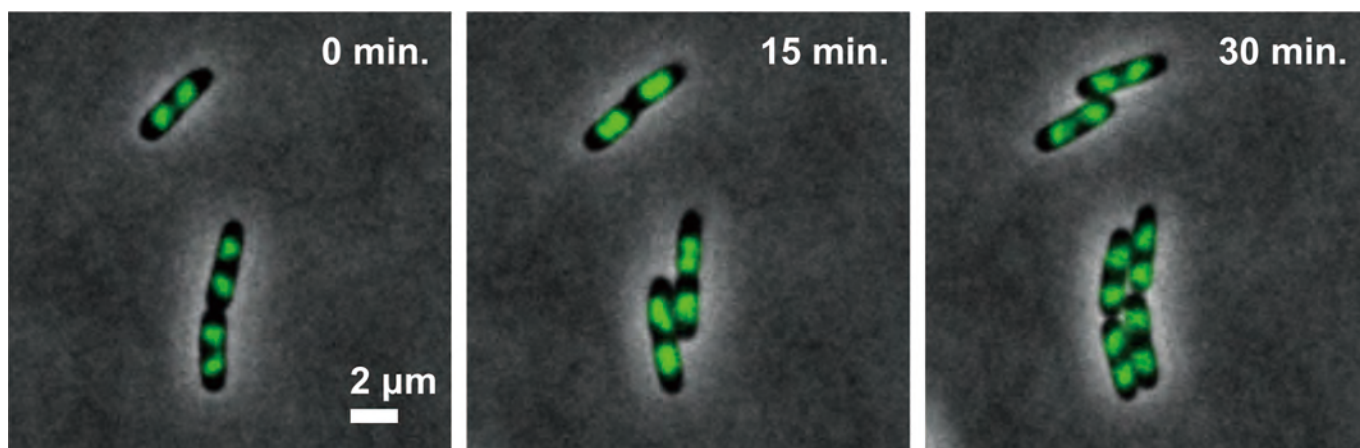
HIROOKA, Shunsuke
Project Assistant Professor
廣岡俊亮 特任助教

<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



GFP 標識した核様体タンパク質を用いてバクテリアの染色体動態を経時的に観察した。

Time lapse observation of bacterial nucleoid by GFP-tagged nucleoid associated protein.

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

Yano K, Noguchi H, Niki H. Profiling a single-stranded DNA region within an rDNA segment that affects the loading of bacterial condensin. *iScience*. 2022 Nov 4;25(12):105504.

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 *Aegagropilus linza* 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.

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 in regulatory mechanisms of plant reproductive development

植物の生殖発生制御メカニズムの分子細胞遺伝学

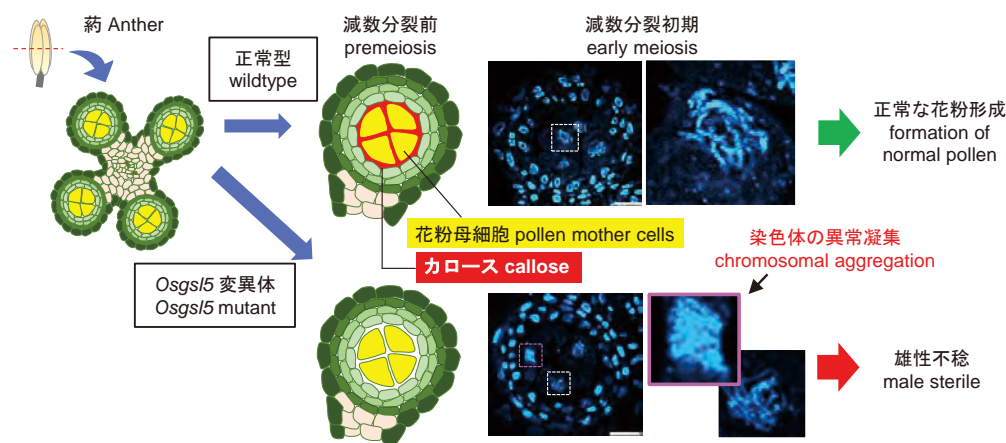


図. 減数分裂直前の葯に高蓄積するカロースは正常な雄性減数分裂の開始・進行を制御する多くの顕花植物の葯では、減数分裂の直前に細胞壁要素のひとつカロースが高蓄積しますが、その生物機能は不明でした。イネのカロース合成酵素 Osgsl5 の変異体解析から、減数分裂の直前のカロース蓄積は、雄性減数分裂の開始・進行に必須の役割をもつことがわかりました (主要論文 1 の成果)。

Fig. Callose accumulation in premeiotic anthers regulates proper male-meiosis initiation and progression
Callose, a cell wall component, is highly accumulated in premeiotic anthers of many flowering plants, while its biological function was unknown. Analysis using the rice mutant of Osgsl5 callose synthase revealed that premeiotic callose accumulation plays an essential role in initiation and progression of male meiosis (Results in Selected publication 1).

減数分裂は、受精に向けて染色体数を半減させ、遺伝情報を安定的に子孫に伝達するための特殊な細胞分裂です。また、減数分裂組み換えを通じて遺伝的多様性の創出に貢献しており、その性質は動植物の品種改良にも活用されています。私たちは、減数分裂を含む植物の生殖発生を制御する分子メカニズムの解明を目指しています。

また、遺伝研が保有する植物栽培施設を利用し、野生イネ系統や栽培イネ実験系統を主体としたイネ科植物リソースの保存・提供・栽培受託事業を通じて、植物分野の共同利用研究をサポートしています。

Meiosis is a special cell division that halves the chromosome number for fertilization and stably transmits genetic information to offspring. It also creates genetic diversity through meiotic recombination, which is utilized for the crossbreeding of animals and plants. We aim to elucidate the molecular mechanisms that control plant reproductive development including meiosis.

Furthermore, we support plant researches through preservation, provision, and contract cultivation of Gramineae genetic resources, including wild rice relatives and experimental cultivated rice strains, in use of the plant cultivation facilities in NIG.

Selected Publications

Somashekar H, Mimura M, Tsuda K, Nonomura KI. Rice GLUCAN SYNTHASE-LIKE5 promotes anther callose deposition to maintain meiosis initiation and progression. *Plant Physiol.* 2023 Jan 2;191(1):400-413.

Tsuda K, Suzuki T, Mimura M, Nonomura KI. Comparison of constitutive promoter activities and development of maize ubiquitin promoter- and Gateway-based binary vectors for rice. *Plant Biotechnol (Tokyo)*. 2022 Jun 25;39(2):139-146.

Ishikawa R, Castillo CC, Htun TM, Numaguchi K, Inoue K, Oka Y, Ogasawara M, Sugiyama S, Takama N, Orn C, Inoue C, Nonomura KI, Allaby R, Fuller DQ, Ishii T. A stepwise route to domesticate rice by controlling seed shattering and panicle shape. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2022 Jun 28;119(26):e2121692119.

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.

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



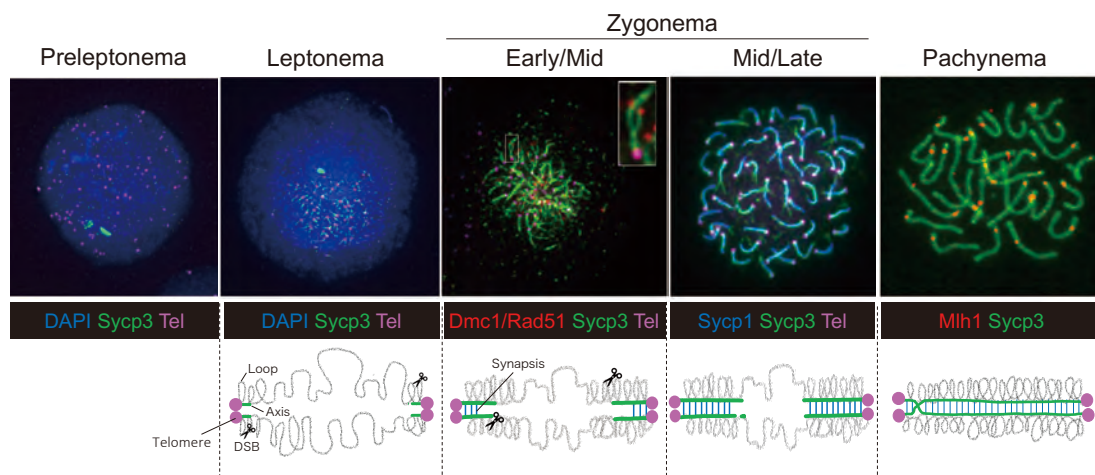
TSUDA, Katsutoshi
Assistant Professor
津田勝利 助教



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

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、組換えに必要である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

Sakai Group 酒井研究室

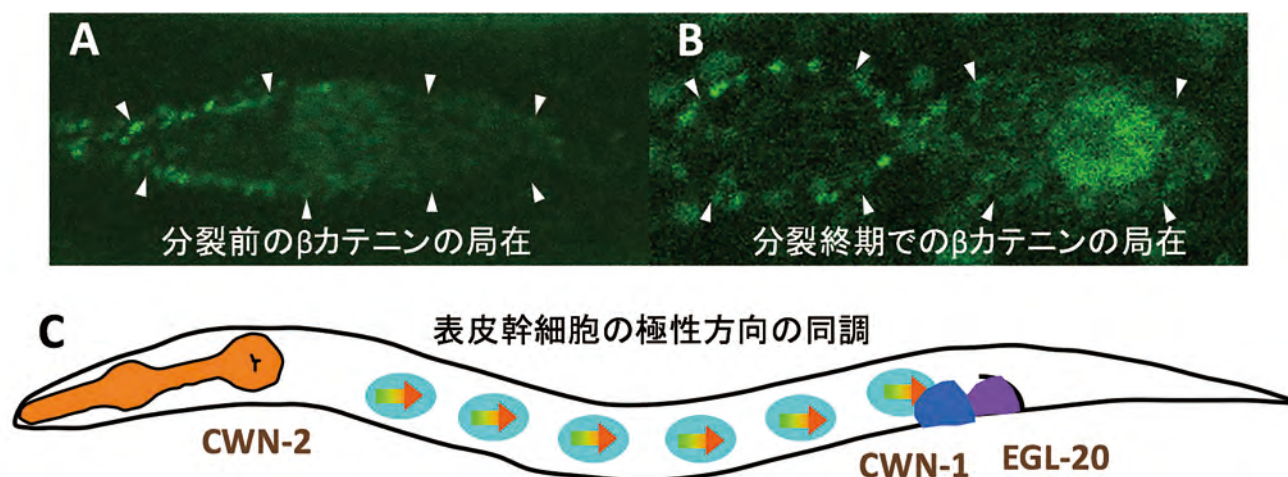


SAKAI, Noriyoshi
Associate Professor
酒井則良 准教授

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


Generation of cellular diversity by asymmetric cell division

非対称分裂による細胞多様性創出機構



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

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

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

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

Selected Publications

Negishi T, Kitagawa S, Horii N, Tanaka Y, Haruta N, Sugimoto A, Sawa H, Hayashi KI, 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 β-catenin in *C. elegans*. *Cell*. 2011 Sep 16;146(6):942-54.

Multicellular Organization Laboratory 多細胞構築研究室

Sawa Group 澤研究室



SAWA, Hitoshi
Professor
澤 斉 教授



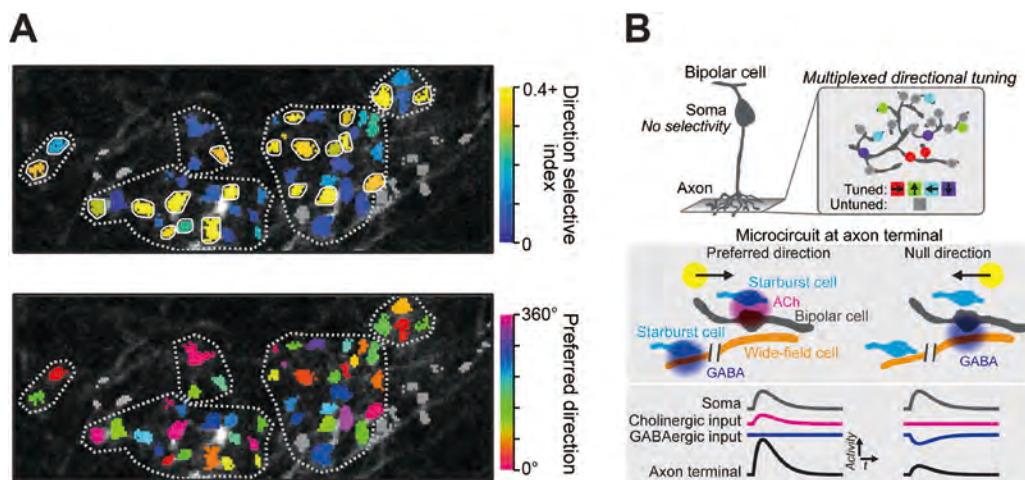
NEGISHI, Takefumi
Assistant Professor
根岸剛文 助教

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



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。そのために、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.

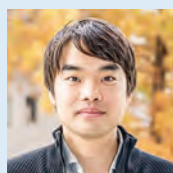
Rasmussen R, Matsumoto A, Dahlstrup Sietam M, Yonehara K. A segregated cortical stream for retinal direction selectivity. *Nat Commun*. 2020 Feb 11;11(1):831.

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

Yonehara Group 米原研究室



YONEHARA, Keisuke
Professor
米原圭祐 教授

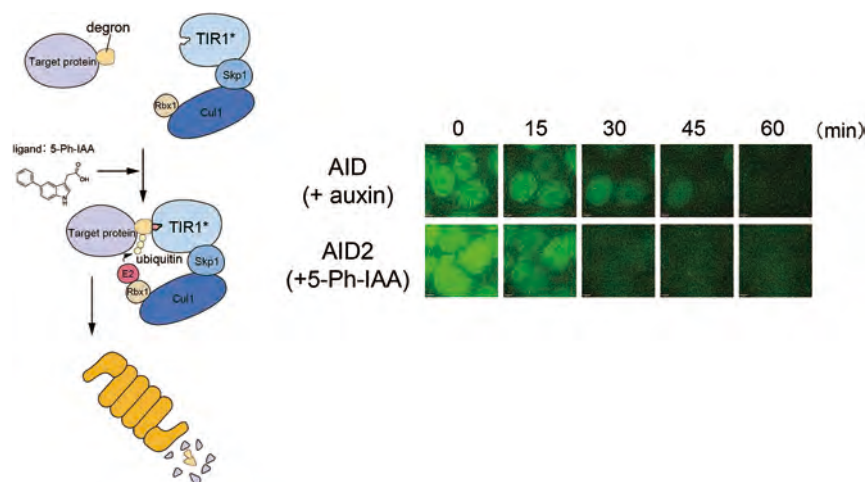


MATSUMOTO, Akihiro
Assistant Professor
松本彰弘 助教

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


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

独自タンパク質分解技術を駆使してDNA複製機構の解明に迫る



AID2によるタンパク質分解。(左) デグロン配列を付加した標的タンパク質は、オーキシナンアナログ 5-Ph-IAA 存在時ににおいて変異型 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eg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

Saito Y, Santosa V, Ishiguro KI, Kanemaki MT. MCMBP promotes the assembly of the MCM2-7 hetero-hexamers to ensure robust DNA replication in human cells. *Elife*. 2022 Apr 19;11:e77393.

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

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 分子細胞工學研究室

Kanemaki Group 鐘巻研究室

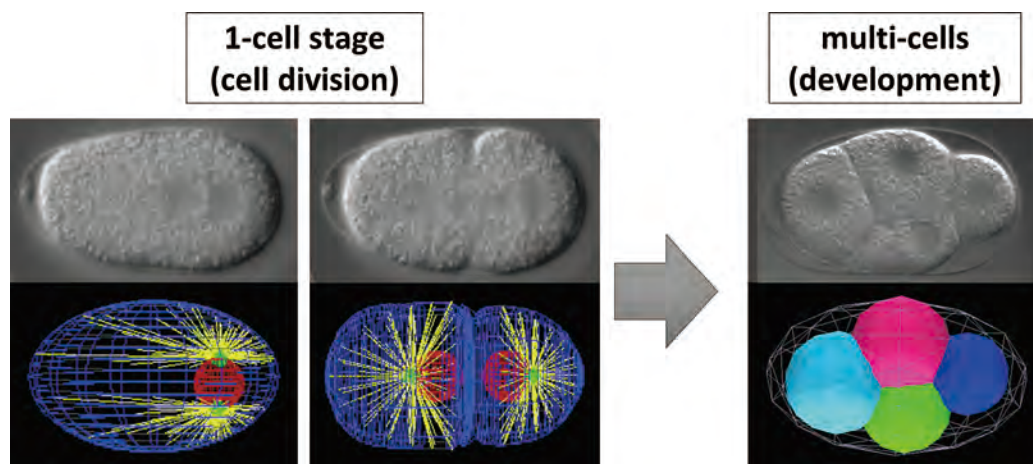


KANEMAKI, Masato
Professor
鐘巻将人 教授

<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として「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.

Torisawa T, Kimura A. Sequential accumulation of dynein and its regulatory proteins at the spindle region in the *Caenorhabditis elegans* embryo. *Sci Rep*. 2022 Jul 11;12(1):11740.

Yesbolatova AK, Arai R, Sakaue T, Kimura A. Formulation of Chromatin Mobility as a Function of Nuclear Size during *C. elegans* Embryogenesis Using Polymer Physics Theories. *Phys Rev Lett*. 2022 Apr 29;128(17):178101.

Seirin-Lee S, Yamamoto K, Kimura A. The extra-embryonic space and the local contour are crucial geometric constraints regulating cell arrangement. *Development*. 2022 May 1;149(9):dev200401.

Cell Architecture Laboratory 細胞建築研究室

Kimura Group 木村研究室



KIMURA, Akatsuki
Professor
木村 暁 教授



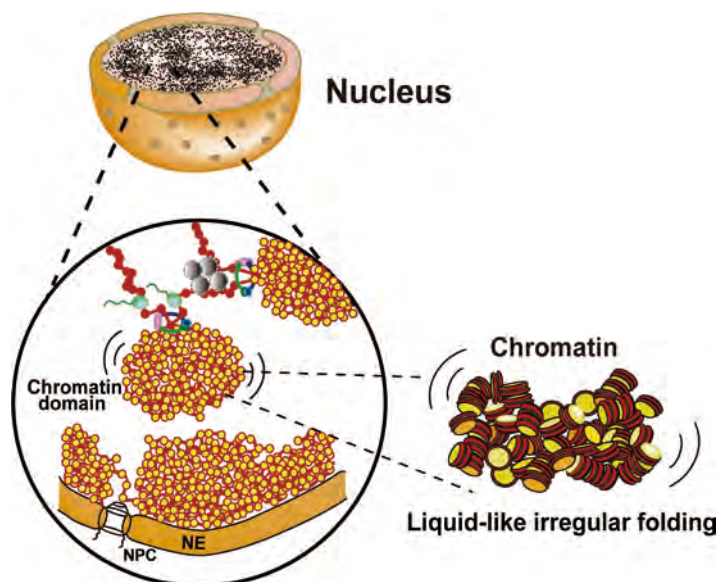
TORISAWA, Takayuki
Assistant Professor
鳥澤嵩征 助教

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



3D-organization and dynamics of human genome

ヒトゲノムの折り畳み構造とダイナミクス



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

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

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

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

Selected Publications

Iida S, Shinkai S, Itoh Y, Tamura S, Kanemaki MT, Onami S, Maeshima K. Single-nucleosome imaging reveals steady-state motion of interphase chromatin in living human cells. *Sci Adv*. 2022 Jun 3;8(22):eabn5626.

Maeshima K. A phase transition for chromosome transmission when cells divide. *Nature*. 2022 Sep;609(7925):35-36.

Ide S, Tamura S, Maeshima K. Chromatin behavior in living cells: Lessons from single-nucleosome imaging and tracking. *Bioessays*. 2022 Jul;44(7):e2200043.

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

Maeshima Group 前島研究室



MAESHIMA, Kazuhiro
Professor
前島一博 教授



IDE, Satoru
Assistant Professor
井手 聖 助教



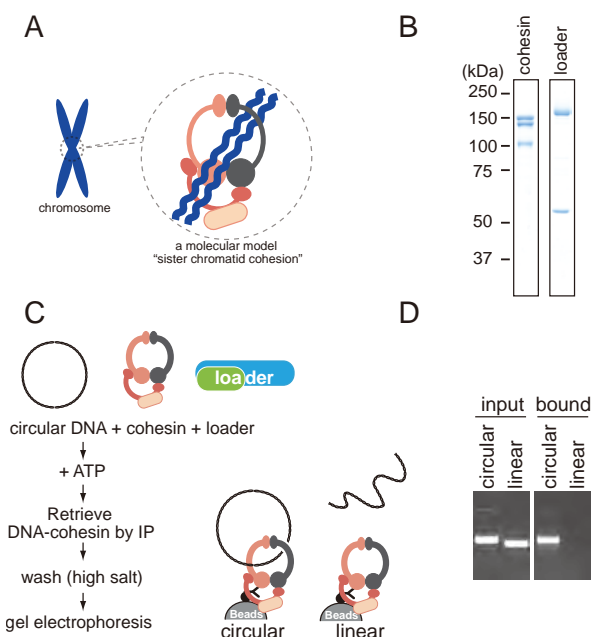
HIBINO, Kayo
Assistant Professor
日比野佳代 助教



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

Revealing molecular function of SMC complexes in chromosome structural control

SMC複合体による染色体構造形成機構の解明



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

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

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

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

Selected Publications

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

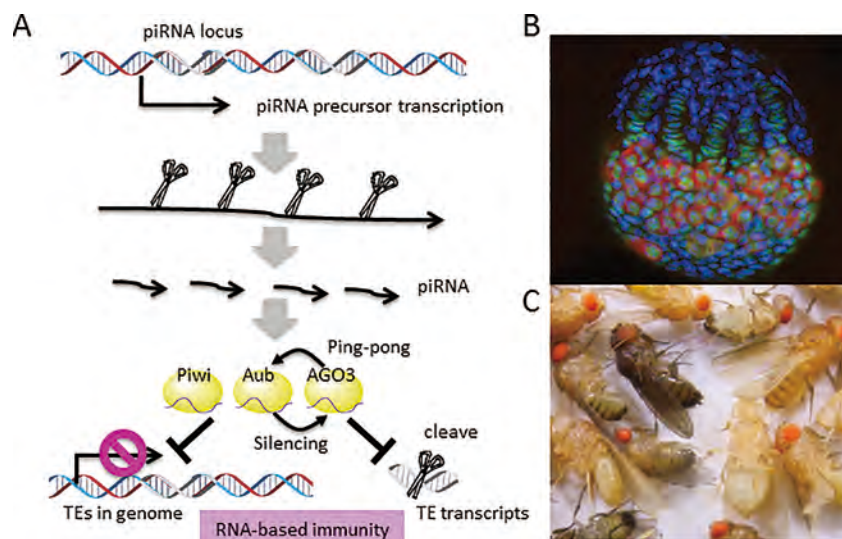


KUROKAWA, Yumiko
Assistant Professor
黒川裕美子 助教



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貫として管理、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

Yamamoto-Matsuda H, Miyoshi K, Moritoh M, Yoshitane H, Fukada Y, Saito K, Yamanaka S, Siomi MC. Lint-O cooperates with L(3)mbt in target gene suppression to maintain homeostasis in fly ovary and brain. EMBO Rep. 2022 Oct 6;23(10):e53813.

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.

Cong B, Nakamura M, Sando Y, Kondo T, Ohsawa S, Igaki T. JNK and Yorkie drive tumor malignancy by inducing L-amino acid transporter 1 in *Drosophila*. PLoS Genet. 2021 Nov 15;17(11):e1009893.

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.

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

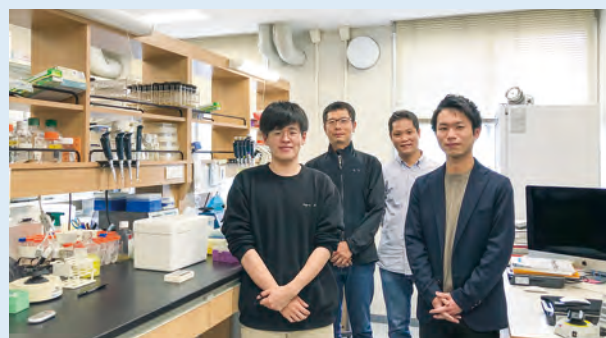
Saito Group 齋藤研究室



SAITO, Kuniaki
Professor
齋藤都暁 教授



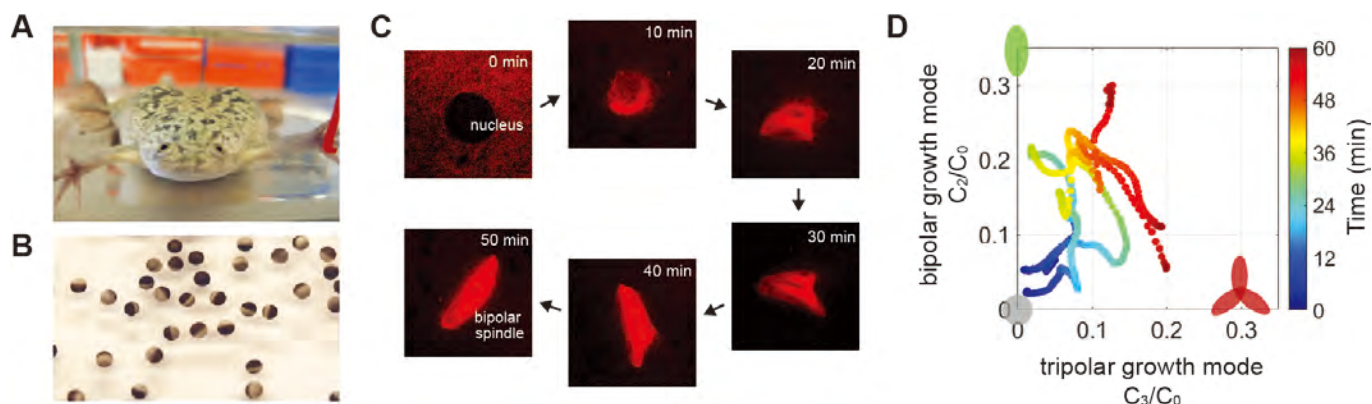
MIYOSHI, Keita
Assistant Professor
三好啓太 助教



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

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経路を明らかにした (D)。

Our laboratory studies intracellular dynamics of eggs and embryos using African clawed frogs and mice as model systems. We have recently revealed, using machine learning-based image analysis and cytoplasmic extracts prepared from frog eggs (A, B), how a cell self-organizes 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 intracellular micro-manipulation, single-molecule imaging, and *in vitro* reconstitution, to visualize and manipulate such intracellular dynamics and unveil the intricate molecular mechanisms that ensure proper cell division and embryonic development.

Selected Publications

Fukuyama T, Yan L, Tanaka M, Yamaoka M, Saito K, Ti SC, Liao CC, Hsia KC, Maeda YT, Shimamoto Y. Morphological growth dynamics, mechanical stability, and active microtubule mechanics underlying spindle self-organization. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2022 Nov;119(44):e2209053119.

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.

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.

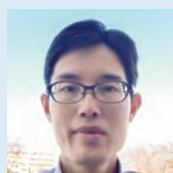
Physics and Cell Biology Laboratory 物理細胞生物学研究室

<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

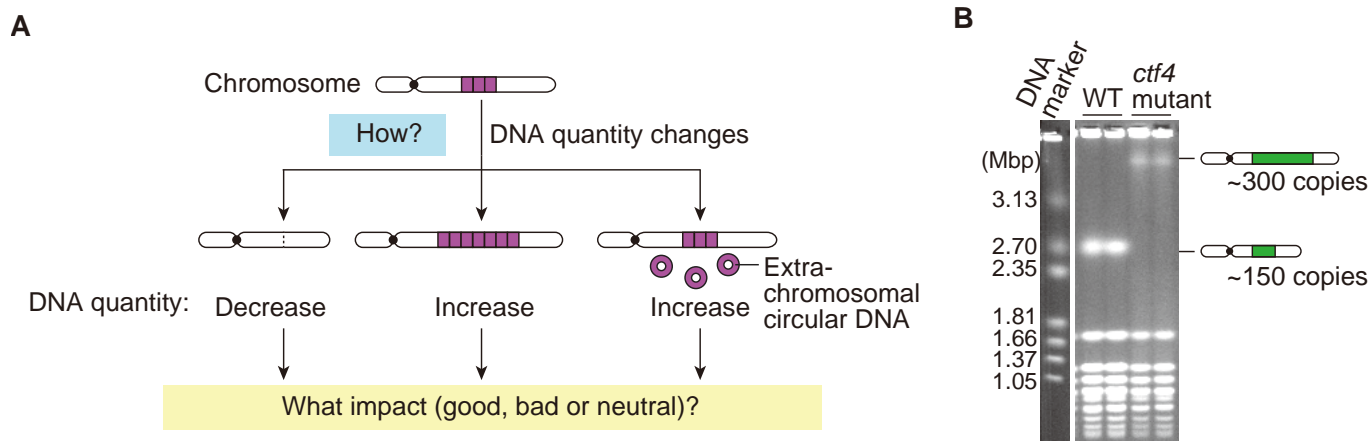


SAITO, Kei
Assistant Professor
斎藤 慧 助教



Revealing mechanisms and impact of DNA quantity changes

DNA量変化を伴うゲノム変化の分子機構とインパクトの解明



(A) 染色体上のDNAコピー数が増えたり、染色体の一部が環状化し蓄積するとDNA量が増える。(B) 出芽酵母の縦列型の反復配列であるリボソームRNA遺伝子のコピー数は多数の因子によって維持されている。例えば、Ctf4タンパク質が欠損するとリボソームRNA遺伝子のコピー数が通常の2倍の約300コピーにまで増加する。

(A) DNA quantity changes when chromosomal DNA copy number changes or when chromosomal DNA is excised, circularized and accumulated. (B) In budding yeast, a ribosomal RNA gene is tandemly repeated and its copy number is maintained by numerous factors. The copy number of ribosomal RNA gene is almost doubled, when a Ctf4 protein is absent.

私たちの研究室では、主に出芽酵母とヒト細胞を用いて、DNAの量を変化させるようなゲノム変化がどのようなメカニズムで起こり、生命機能にどのようなインパクトを与えるのかについて理解しようとしています。特に、染色体上で反復配列のDNAコピー数が増える過程や染色体の一部が切り出されて環状化した染色体外環状DNAが産生・蓄積する過程に着目し、多角的なアプローチを用いてDNA量変化を包括的に理解することを目指しています。

We aim to understand molecular mechanisms of genomic changes that result in DNA quantity changes and how they impact cellular and organismal functions. We particularly focus on studying DNA quantity changes that involve copy number changes of repetitive sequences on the chromosome as well as production and accumulation of extrachromosomal circular DNA in budding yeast and human cells.

Selected Publications

Yokoyama M, Sasaki M, Kobayashi T. Spt4 promotes cellular senescence by activating non-coding RNA transcription in ribosomal RNA gene clusters. *Cell Rep.* 2023 Jan 31;42(1):111944.

Sasaki M, Kobayashi T. Regulatory processes that maintain or alter ribosomal DNA stability during the repair of programmed DNA double-strand breaks. *Genes Genet Syst.* 2022 Aug 4.

Sasaki M, Kobayashi T. Gel Electrophoresis Analysis of rDNA Instability in *Saccharomyces cerevisiae*. *Methods Mol Biol.* 2021;2153:403-425.

Sasaki M, Kobayashi T. Ctf4 Prevents Genome Rearrangements by Suppressing DNA Double-Strand Break Formation and Its End Resection at Arrested Replication Forks. *Mol Cell.* 2017 May 18;66(4):533-545.e5.

Laboratory of Gene Quantity Biology 遺伝子量生物学研究室

Sasaki Group 佐々木研究室



SASAKI, Mariko
Associate Professor

佐々木真理子 准教授

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



Eco-evolutionary dynamics: interactions of rapid evolution and ecological processes

生態-進化動態: 迅速な進化と生態学的プロセスの相互作用

A


$$\Delta \bar{z} = h^2 \sigma^2 \left. \frac{\partial \ln w(z, \bar{z})}{\partial z} \right|_{z=\bar{z}}$$

↕

$$\frac{dP}{dt} = P(eaN - d)$$

$$\frac{dN}{dt} = N(r - aP)$$

B



(A) 量的遺伝モデル (上) と個体群動態モデル (下) を組み合わせることで、生態-進化フィードバックの数理モデルを構築し、解析する。(B) 動物プランクトン (rotifers) と、植物プランクトン (Chlorella) を用いたマイクロコスモス実験で、理論予測を検証する。ここで得られた実験結果をもとに、新たな理論を構築する (撮影: 笠田実博士)。

(A) By combining the quantitative genetic model (above) and population dynamic model (below), we construct and analyze mathematical models of eco-evolutionary feedbacks. (B) Microcosm experiments with zooplankton (rotifers) and phytoplankton (*Chlorella*) examine theoretical predictions. Then, based on the experimental results, we construct new theoretical models (photo by Dr. Minoru Kasada).

生物は環境の変動に対応して、柔軟に表現型を変化させていきます。そのような環境への迅速な適応が、個体数の減少や絶滅を防ぐことも起こり得ます。私たちの研究室では、数理モデル解析・培養実験・メタ解析を組み合わせ、迅速な進化や表現型可塑性といった形質の変化が個体数変動・群集構造に及ぼす影響と、進化と生態の間に働く複雑なフィードバックを研究しています。種内の遺伝的多様性と、生物群集内の種多様性の相互作用・類似性を調べることによって、生物多様性の包括的な理解を目指しています。

Organisms modify their phenotypes flexibly in response to environmental changes. Such rapid adaptation to environments can prevent population decline and extinction. Our laboratory combines mathematical models, microcosm experiments, and meta-analyses to investigate the effects of rapid evolution and phenotypic plasticity on population and community dynamics as well as complex eco-evolutionary feedbacks. Our aim is revealing dynamics of biodiversity through exploring interactions and similarities between intraspecific genetic diversity and species diversity in biological communities.

Selected Publications

Yamamichi M, Gibbs T, Levine JM. Integrating eco-evolutionary dynamics and modern coexistence theory. *Ecol Lett.* 2022 Oct;25(10):2091-2106.

Yamamichi M. How does genetic architecture affect eco-evolutionary dynamics? A theoretical perspective. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.* 2022 Jul 18;377(1855):20200504.

Yamamichi M, Letten AD. Rapid evolution promotes fluctuation-dependent species coexistence. *Ecol Lett.* 2021 Apr;24(4):812-818.

Yamamichi M, Kyogoku D, Iritani R, Kobayashi K, Takahashi Y, Tsurui-Sato K, Yamawo A, Dobata S, Tsuji K, Kondoh M. Intraspecific Adaptation Load: A Mechanism for Species Coexistence. *Trends Ecol Evol.* 2020 Oct;35(10):897-907.

Theoretical Ecology and Evolution Laboratory 理論生態進化研究室

Yamamichi Group 山道研究室



YAMAMICHI, Masato
Associate Professor
山道真人 准教授

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


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)

Regulatory gene network in plant responses to environmental stress

植物の環境ストレス応答と耐性の分子機構

植物は環境ストレスに応答し適応して生存している。乾燥や温度ストレスなどの環境ストレスに対する植物の応答における遺伝子の転写調節とシグナル伝達の複雑な制御ネットワークを解明した。

主な受賞：文化功労者、紫綬褒章（2016）、米国科学アカデミー会員、国際生物学賞（2020）、学士院賞など多数。

Plants respond and adapt to survive under environmental stress conditions. We have elucidated complex regulatory networks of transcriptional regulation and signal transduction in plant responses to environmental stresses, such as drought and temperature stress.

Major Awards: The Order of Cultural Merit, The Medal with Purple Ribbon (2016), International Member of National Academy of Science USA, International Prize for Biology (2020), Japan Academy Prize (2023), etc.



<http://www.nasonline.org/member-directory/members/20049536.html>

SHINOZAKI, Kazuo
Advisory Board
(Honorary Scientist, RIKEN)
(University Professor, Nagoya University)

篠崎一雄
アドバイザリーボード
(理化学研究所名誉研究員)
(名古屋大学特別教授)

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
(Emeritus Scientist, The Francis Crick Institute)

ハント、ティム
アドバイザリーボード
(フランス・クリック研究所名誉研究者)

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。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。

主な受賞：英国王立協会フェロー、ハワードヒューズ医学研究所国際研究員、ガードナー・ワイトマン賞（2015）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)

Eukaryotic DNA replication

真核生物のDNA複製

真核細胞においてDNA複製はどのように開始されるのか、どのように制御されているのか、複製制御の誤りがどのようにがんをはじめとする疾患に寄与しているのかを理解することを目的とする。

主な受賞：米国科学アカデミー会員、ガードナー国際賞（2019）、ルイ・ジャンテ医学賞（2016）、英国王立協会フェロー、ポール・マークス賞（2003）、EMBO メンバーなど多数。

We aim to understand how DNA replication initiates in eukaryotic cells, how replication is regulated and how the misregulation of replication contributes to diseases including cancer.

Major Awards: National Academy of Sciences, Canada Gairdner International Award (2019), Louis-Jeantet Prize for Medicine (2016), Fellow of the Royal Society, Paul Marks Prize (2003), European Molecular Biology Organisation (EMBO), etc.



<https://www.crick.ac.uk/research/labs/john-diffley>

DIFFLEY, John F.X.
Advisory Board
(Associate Research Director, The Francis Crick Institute)

ディフレイ、ジョン F.X.
アドバイザリーボード
(フランス・クリック研究所
アソシエイト・リサーチ・ディレクター)

Chromosome organization and function in time and space

染色体の時空間における構造と機能

私たちは染色体ダイナミクスの根底にある原理を探索している。体細胞分裂と減数分裂の染色体の空間パターン、とりわけ、物理的な力の役割、減数分裂の相同染色体のペアリング、大腸菌の周期的な核様体の揺らぎについて研究している。

.....

We investigate the principles underlying macroscopic chromosome dynamics. We study spatial patterning in mitotic and meiotic chromosomes, emphasizing roles of mechanical forces; pairing of meiotic homologous chromosomes; and cyclic global nucleoid fluctuations in *E. coli*.

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



photograph by Stu Rosner

https://projects.iq.harvard.edu/kleckner_lab

KLECKNER, Nancy

Visiting Professor

(Herchel Smith Professor of Molecular Biology, Harvard University)

クレックナー, ナンシー

客員教授

(ハーバード大学 ハーシェル スミス分子生物学教授)



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.ieu.unibe.ch/>

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

パイクル, 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/behringer-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)

Chromosome replication and epigenome regulation

染色体複製とエピジェネティック制御

核内でクロマチンがいつどこで複製されるかは、複製後クロマチンの構成と構造に影響する。私たちは発生過程で複製に変化を与えるメカニズムとそれが正常と疾患細胞機能にどのように影響するか理解を目指している。

The time and location of chromatin replication in the cell nucleus dictates its composition and structure. We want to understand mechanisms eliciting developmental changes in replication and how that influences normal and diseased cellular function.

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



<https://gilbertlab.sdbri.org/>

GILBERT, David
Visiting Professor
(Professor, San Diego Biomedical Research Institute)

ギルバート, デービッド
客員教授
(サンディエゴバイオメディカル研究所教授)

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



(2022年度実績)

知的財産 Intellectual Property	件数 QUANTITY
特許出願 Patent application	14件
特許登録 Patent registration	2件
企業との共同・受託研究契約等 Joint research agreement with the private sector	26件
ライセンス、有償MTA契約 License agreement	36件
MTA Material Transfer Agreement	758件

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

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

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

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

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

Selected Publications

鈴木睦昭ほか. 大学における知財マネジメントの変化と展望. 日本知財学会誌. Vol.19 No.3-2023 : 37-48

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. 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

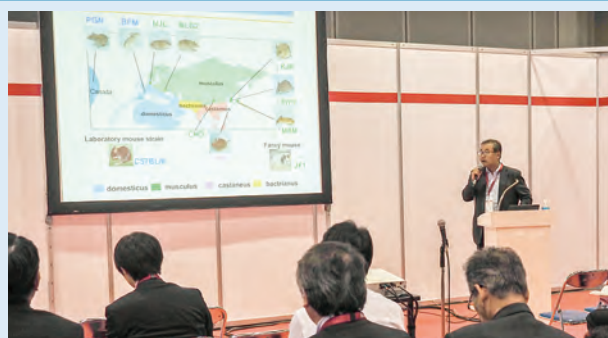
NIG INNOVATION

産学連携・知的財産室



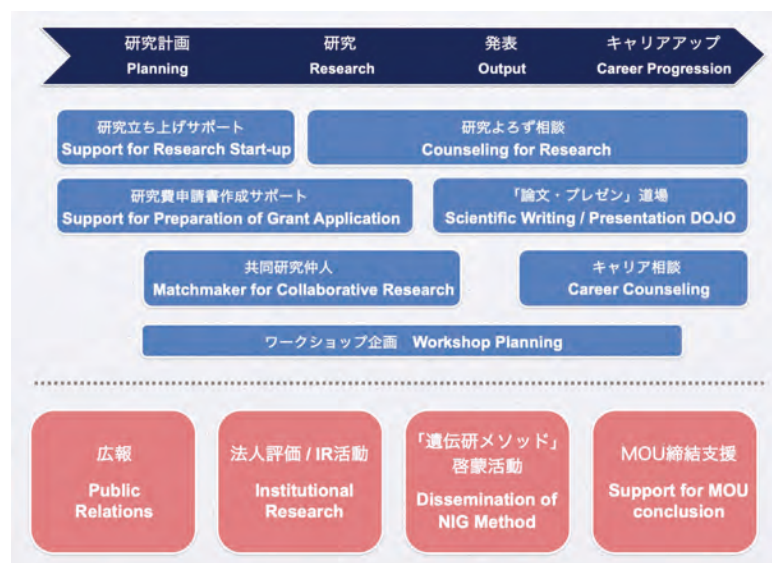
SUZUKI, Mutsuaki
Director
鈴木睦昭 室長

<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, Mitsuhiro
Director
来栖光彦 室長



SEINO, Hiroaki
Assistant Professor
清野浩明 助教

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


Office for Gender Equality

男女共同参画推進室



多目的保育室
Multi-purpose nursery room



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

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

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

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

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

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

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/>



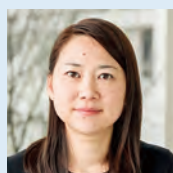
HIRATA, Tatsumi
Director

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)

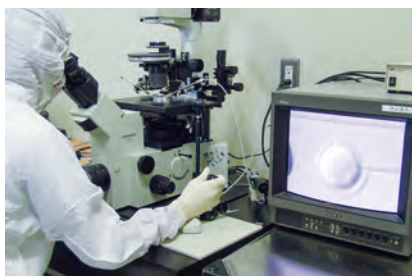


MIYAHARA, Kazuki
Staff

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
- 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
- ヒト細胞を使った分子生物学実験
- 研究所が取り組むプロジェクトへの技術支援
- コロナゲノム解析支援
- 所内環境整備

この他にも、作業環境測定、動物実験・遺伝子組換え実験に関わる事務手続き、所内の安全衛生管理および薬品管理 および「遺伝研の桜」管理のための環境整備等を担い、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.
 - 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.
- Experiments in molecular biology using human cells.
- Technical support for projects of NIG.
- Technical support for Genome analysis of COVID-19.
- Maintenance of NIG environment.

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

Technical Section

技術課

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



FURUUMI, Hiroyasu
Manager
古海弘康 課長

□ Technical Specialists

技術専門職

MAENO, Akiteru Technical Specialist
前野哲輝 技術専門職員
YAMATANI, Noriko Technical Specialist
山谷宣子 技術専門職員

□ Research Infrastructure Technical Unit

基盤支援技術班

KISO, Makoto Unit Leader
木曾 誠 班長
HIRAI Tomohiro Subsection Chief
平井朝裕 係長

□ Project Technical Unit

プロジェクト技術班

YANO, Hiroyuki Unit Leader
矢野弘之 班長
SAKAMOTO, Sachiko Subsection Chief
坂本佐知子 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

OISHI, Akane Unit Leader
大石あかね 班長
SAKA, Kimiko Subsection Chief
坂 季美子 係長
IMAI, Yuji Technical Staff
今井悠二 技術職員
KASHIHARA, Misako Technical Staff
柏原美紗子 技術職員



Intellectual Infrastructure and Collaborative Research

共同利用・共同研究

Bioinformation and DDBJ Center

生命情報・DDBJセンター

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

2009年からは、次世代シーケンサ出力データを収集するSequence Read Archive、研究プロジェクトとデータを関連づけるBioProject、生物試料の情報を管理するBioSampleも日・米・欧で協力して運営しています (下図A)。2013年には、科学技術振興機構 (JST) 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、今後も生命科学研究の基盤となるデータベースを提供していきます。

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

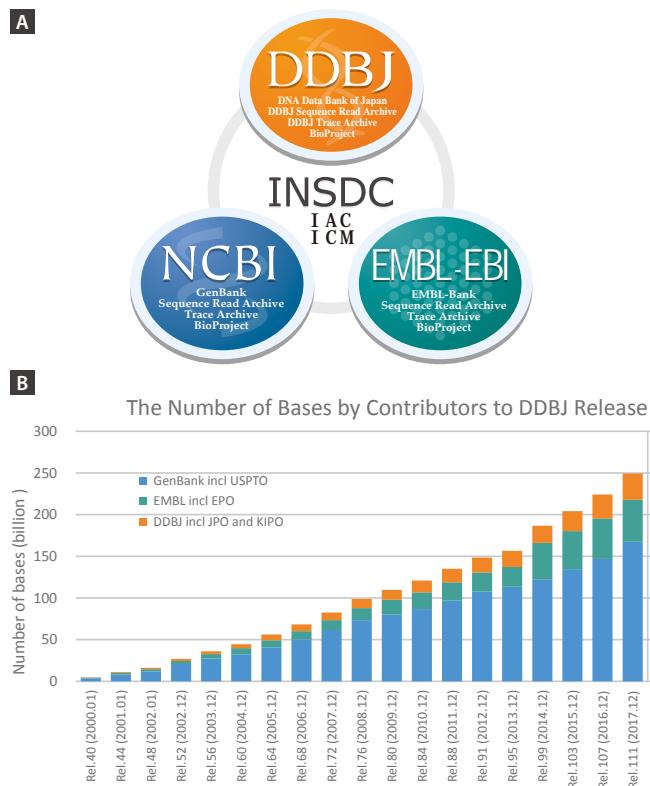
センターでは国内研究者向けにスーパーコンピュータ (スパコン) の無償貸出も行っています。毎年1600名以上の登録者がスパコンを利用した生命科学研究を実施しています。

DNA Data Bank of Japan (DDBJ) Homepage

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

NIG Supercomputer

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



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

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

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

Our supercomputer platform is free for Japanese investigators. Each year, more than 1600 registered users conduct life science research on our supercomputer system.

Bioinformation and DDBJ Center

生命情報・DDBJセンター



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



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



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



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



TANJO, Tomoya
Division Head (Internal Affairs)
丹生智也 国内連携部門長

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)

TANIZAWA, Yasuhiro
谷澤靖洋
(兼)

KOSHIMIZU, Shizuka
越水 静
(兼)

ABE, Takashi
阿部貴志
(新潟大学)

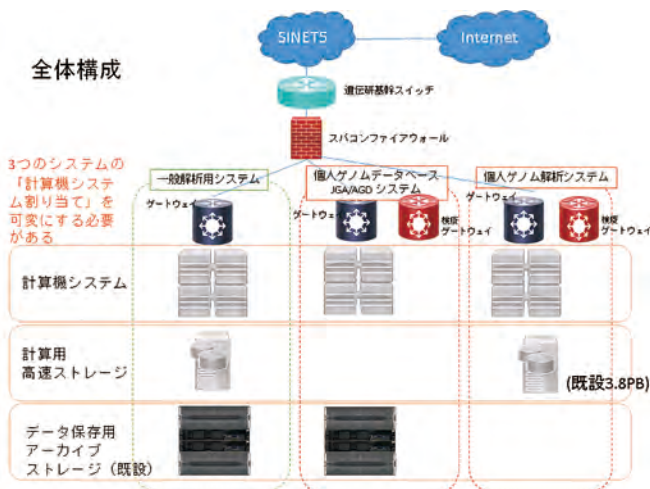
SEITA, Jun
清田 純
(理化学研究所)

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1600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 1600 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	(2020年4月) AMD EPYC Rome 7702 3,584 CPUコア増強 合計 14,336 CPUコア
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	(2021年4月) 3.5PB増強。合計 17.1PB
データベース用ストレージ	5.6PB	ディスク 15PB テープ 15PB	(2023年3月リブレース) ディスク 40PB バックアップ用テープ 15PB
ノード間相互結合網	InfiniBand 4×QDR (40Gbps), 4×FDR (56Gbps)	InfiniBand 4×EDR (100Gbps)	該当なし

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

Advanced Genomics Center

先端ゲノミクス推進センター

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

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

■ 先端ゲノミクス推進センターの活動

- 大規模DNAシーケンシング、1分子DNAシーケンシング、1細胞シーケンシング
- ゲノム情報解析パイプラインの開発と提供
- 所内外との連携による共同利用・共同研究の推進
- 受託研究の受け入れ
- 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。

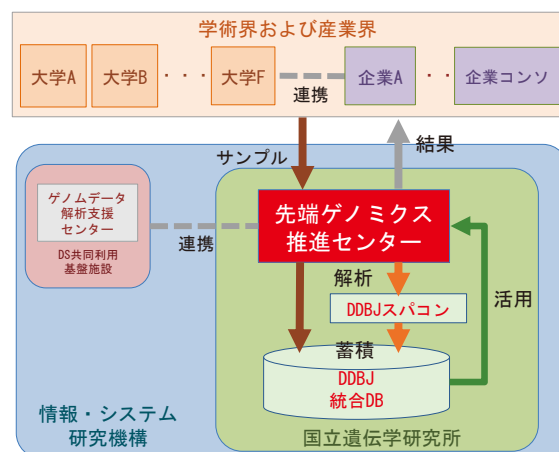


Advanced Genomics Center was established October 1st, 2011, with the aim to combine the latest genomics technology, i.e., next generation sequencing, for example, and the genetic resources, that have been collected and constructed throughout the history of this institute, to create resources for new-generation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



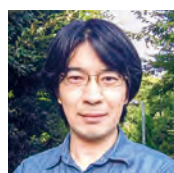
Advanced Genomics Center 先端ゲノミクス推進センター



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 由史
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、テントウムシ、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 Project Professor
井ノ上逸朗 特任教授 (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)
TOH, Hidehiro Specially Appointed Associate Professor
藤 英博 特命准教授

HIGASHI, Koichi Assistant Professor
東 光一 助教 (兼)

Genetic Resource Center

生物遺伝資源センター

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



SATO, Yutaka
Head, Genetic Resource Center
佐藤 豊
センター長（兼）



NIKI, Hironori
Division Head (Bioresource Management)
仁木宏典
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

SATO, Yutaka Professor
佐藤 豊 教授（兼）
KAWAKAMI, Koichi Professor
川上浩一 教授（兼）
SAITO, Kuniaki Professor
齋藤都暁 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）

□ 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

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



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.

Phenotype Research Center

フェノタイプ研究推進センター

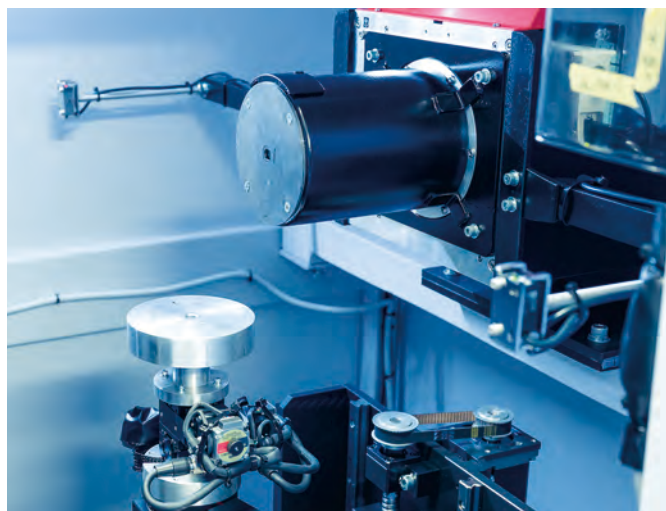
生命科学研究の発展にはバイオリソースを活用した表現型解析が不可欠です。フェノタイプ研究推進センターでは、遺伝研が創出した遺伝学的な研究手法やリソースの提供のみならず、施設の利用、研究技術の指導等を受益者負担の受託型サービスとして全国の学術機関及び企業に提供します。これら遺伝研のバイオリソースを活用した表現型解析のための支援事業によって、生命科学研究の更なる高度化や産学連携を活性化させることを期待しています。

Phenotypic analysis using bioresources is essential for advancing life science studies. Phenotype Research Center provides genetic research tools and resources created by our institute as well as our facilities and guidance on research techniques to academic institutions and companies throughout Japan with a beneficiary-paid service. These support programs will further advance life science studies and stimulate industry-academia collaboration.

■ 技術推進部門

当該施設が提供する実験手法についての実施指導や改善の相談に応じます。

Technical promotion division provides implementation guidance and improvement consultation on experimental methods provided by the facility.



■ 施設利用推進部門

実験施設を活用した表現型解析の支援や当該施設で可能な実験モデル生物の一定期間にわたる飼育・栽培を支援します。

Facility utilization division supports phenotypic analysis using experimental facilities and the breeding/cultivation of experimental model organisms over a certain period.



■ リソース開発推進部門

当該施設が開発したリソースの提供や要望に応じてリソースの再設計をします。

The division provides resources developed by the facility or redesign our resources upon request.



Phenotype Research Center フェノタイプ研究推進センター



NIKI, Hironori
Head, Phenotype Research Center
仁木宏典
センター長 (兼)

□ Members

構成員

KANEMAKI, Masato Professor
鐘巻将人 教授 (兼)

KITANO, Jun Professor
北野 潤 教授 (兼)

KIMURA, Akatsuki Professor
木村 暁 教授 (兼)

KOIDE, Tsuyoshi Associate Professor
小出 剛 准教授 (兼)

SATO, Yutaka Professor
佐藤 豊 教授 (兼)

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

MIYAGISHIMA, Shin-ya Professor
宮城島進也 教授 (兼)

FUJIWARA, Takayuki Assistant Professor
藤原崇之 助教 (兼)

KURUSU, Mitsuhiro Director, ORD
来栖光彦 ORD室長 (兼)

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. 遺伝子改変マウスの作製
3. オークシン・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
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

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)

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



マイクロインジェクションルーム

Microinjection room



受精卵への遺伝子導入

Microinjection into fertilized eggs

Support Center 支援センター

Unit for Experimental Animal Care

動物飼育実験施設

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

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

Unit for Experimental Animal Care

動物飼育実験施設



KOIDE, Tsuyoshi
Head

小出 剛 施設長 (兼)

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



動物飼育実験施設

The Animal Research Building



凍結胚及び精子保存設備

Frozen embryo and sperm storage system

Chemical and Radioisotope Management Unit

薬品・アイソトープ管理ユニット



アイソトープの管理に用いる放射線測定器と台帳。

Survey meters and files used for the management of radioisotopes.

生命科学研究では、毒物及び劇物や放射性化合物など人体に害のある物質を使用します。薬品・アイソトープ管理ユニットは、アイソトープを活用する研究をサポートするとともに、有害な薬品やアイソトープの管理を担当します。

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となる、遺伝子発現細胞の検出や遺伝子改変体の作製を容易にできる利点があります。遺伝子制御システムの解明をめざし、遺伝子発現の転写後制御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、発現制御を受ける標的遺伝子の特定、その制御がもたらす生理機能の解析を進めています。

Life science research makes use of toxic and deleterious substances and radioactive compounds that are harmful to the human body. Chemical and Radioisotope Management Unit is responsible for the management of hazardous chemicals and radioisotopes, in addition to the support of studies that take advantage of radioisotopes.

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

Selected Publications

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

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

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

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

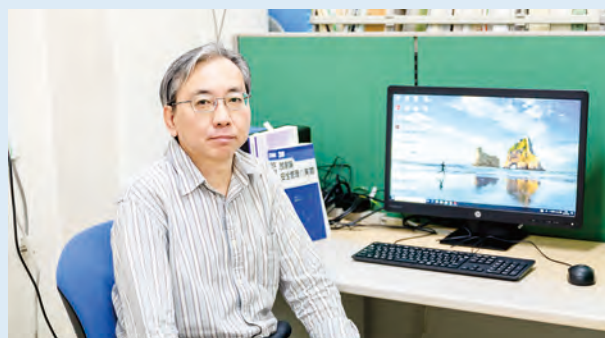
Chemical and Radioisotope Management Unit

薬品・アイソトープ管理ユニット



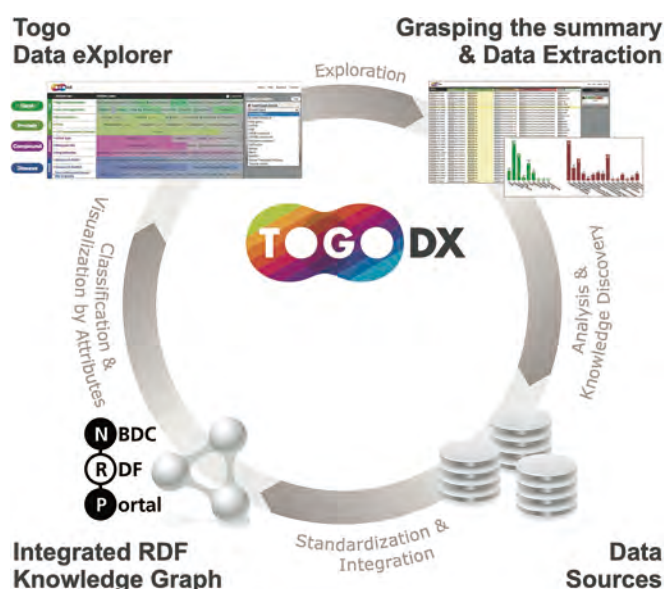
ANDACHI, Yoshiki
Assistant Professor
安達佳樹 助教

<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



ライフサイエンス分野では、世界中で数千をこえる多様なデータベース（DB）が公開されており、その活用が研究の進展に不可欠になっています。しかし、「必要なDBが見つからない」「使い方がわからない」「データを組み合わせた高度な解析ができない」など、DBの効率的な利用のための環境整備は充分ではありません。本センターはDB統合化の中核組織として2007年に機構直轄のセンターとして設置され、以来、DBの統合化と保全に努め、利用者の利便性を高める情報技術の研究開発やサービスの開発、DBの国際標準化を行ってきました。2023年にはデータサイエンス共同利用基盤施設にバイオデータ研究拠点が設置され、DDBJセンター等とはこれまで以上に強力な協力体制が構築されます。ビッグデータの有効活用の点からシナジー効果を発揮していきます。

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 2023, BioData Science Initiative will be established in the Joint Support-Center for Data Science Research. Under the initiative DBCLS will cooperate with the DDBJ Center and the related organizations stronger than ever. We aim to generate a synergistic effect in terms of the effective utilisation of big data.

Selected Publications

Ikeda S, Ono H, Ohta T, Chiba H, Naito Y, Moriya Y, Kawashima S, Yamamoto Y, Okamoto S, Goto S, Katayama T. TogoID: an exploratory ID converter to bridge biological datasets. *Bioinformatics*. 2022 Sep 2;38(17):4194-4199.

Zou Z, Ohta T, Miura F, Oki S. ChIP-Atlas 2021 update: a data-mining suite for exploring epigenomic landscapes by fully integrating ChIP-seq, ATAC-seq and Bisulfite-seq data. *Nucleic Acids Res*. 2022 Mar 24;50(W1):W175-82.

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

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.

Database Center for Life Science (DBCLS)

ライフサイエンス統合データベースセンター

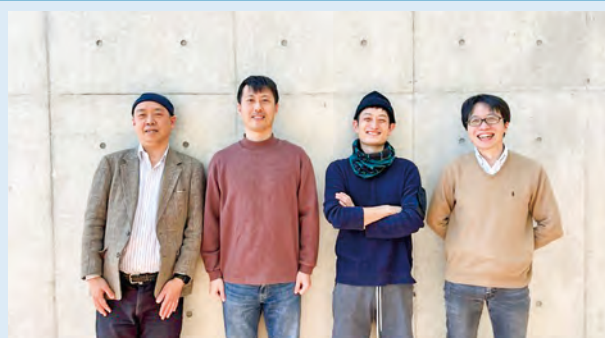
Members at NIG 遺伝研で研究しているメンバー

BONO, Hidemasa Visiting Professor
坊農秀雅 客員教授

NAITO, Yuki Visiting Associate Professor
内藤雄樹 客員准教授

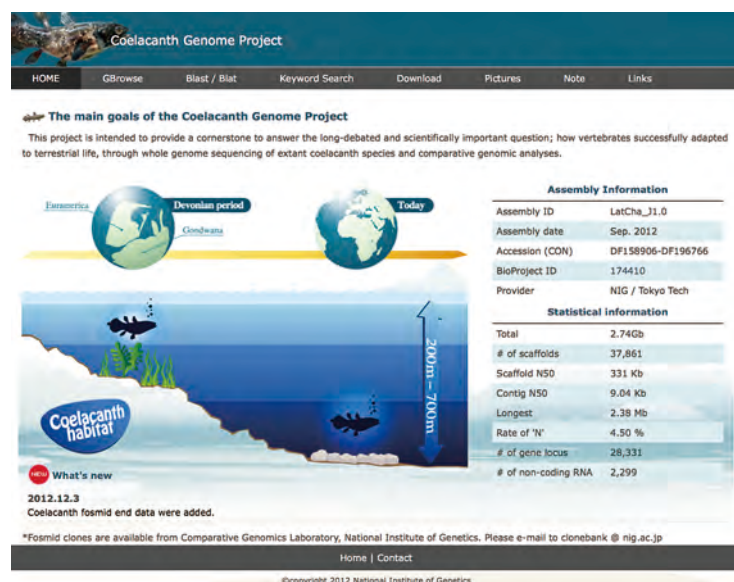
OHTA, Tazro Visiting Associate Professor
大田達郎 客員准教授

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

<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

Kon T, Fukuta K, Chen Z, Kon-Nanjo K, Suzuki K, Ishikawa M, Tanaka H, Burgess SM, Noguchi H, Toyoda A, Omori Y. Single-cell transcriptomics of the goldfish retina reveals genetic divergence in the asymmetrically evolved subgenomes after allotetraploidization. *Commun Biol.* 2022 Dec 26;5(1):1404.

Yano K, Noguchi H, Niki H. Profiling a single-stranded DNA region within an rDNA segment that affects the loading of bacterial condensin. *iScience.* 2022 Nov 4;25(12):105504.

Yamamoto Y, Higashi A, Ikawa K, Hoang HTT, Yamaguchi T, Kawahara R, Noguchi H, Nguyen TN, Khong DT, Tran HT. Horizontal transfer of a plasmid possessing mcr-1 marked with a single nucleotide mutation between Escherichia coli isolates from community residents. *BMC Res Notes.* 2022 Jun 3;15(1):196.

Mikami S, Miura Y, Kondo S, Sakai K, Nishimura H, Kyoyama H, Moriyama G, Koyama N, Noguchi H, Ohkubo H, Kanazawa S, Uematsu K. Nintedanib induces gene expression changes in the lung of induced-rheumatoid arthritis-associated interstitial lung disease mice. *PLoS One.* 2022 Jun 17;17(6):e0270056.

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

TERAUCHI, Makoto Postdoc
寺内 真 博士研究員

MIYAZAWA, Hideyuki Postdoc
宮澤秀幸 博士研究員

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


Platform for Advanced Genome Science (PAGS)

先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム（略称：先進ゲノム支援）

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、それらを縦糸横糸として組み合わせた多様かつ高度な実験・情報解析支援を行います（図A）。

■ 大規模配列解析拠点ネットワーク支援活動

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.

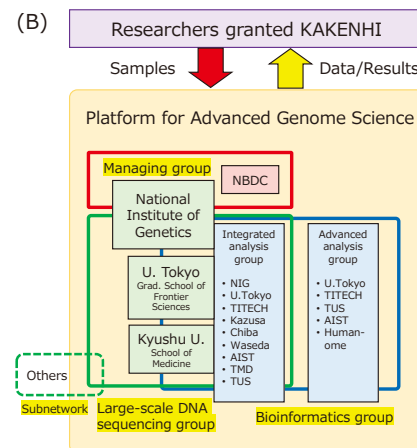
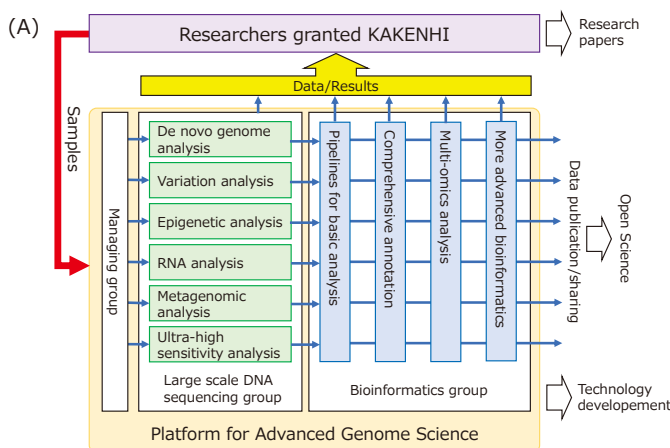
■ Large-scale DNA sequence analysis

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、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、東京理科大学、東京医科歯科大学

□ 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 Project Professor
一井ノ上逸朗 特任教授

□ 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※
TOH, Hidehiro Specially Appointed Associate Professor
藤 英博 特命准教授
□ 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ウイルスで、感染拡大にともないウイ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イルスゲノムの解読によって明らかにすることができ、ウイルスの系統情報や感染ルートの解明など感染症対策に大きく貢献できます。

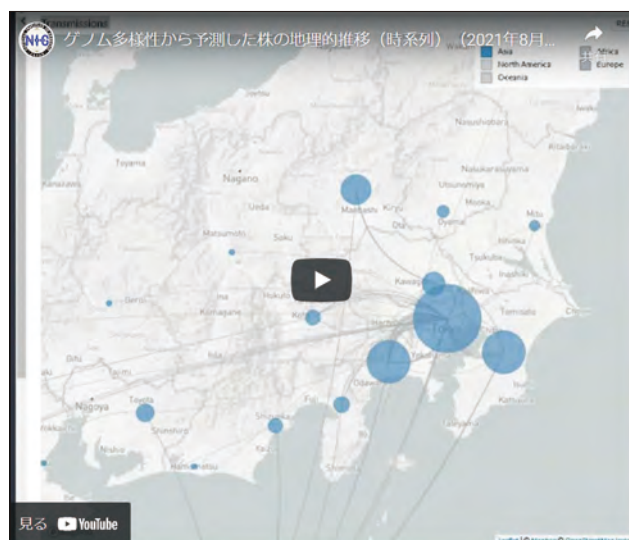
COVID-19流行初期の2020年4月以降、遺伝研は静岡県に感染拡大防止への協力を申し出て、同年7月に両者は調査協力に関する覚書を締結しました。その後、静岡県からの要請に基づき、2021年4月より我々は静岡県から提供される検体サンプル（核酸物質）のゲノム解読を実施し、県内で人々に感染しているSARS-CoV-2の変異を高精度で明らかにしております。

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（INSDB）、及びGISAIDを通して公開しており、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。



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)



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 INSDB (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.

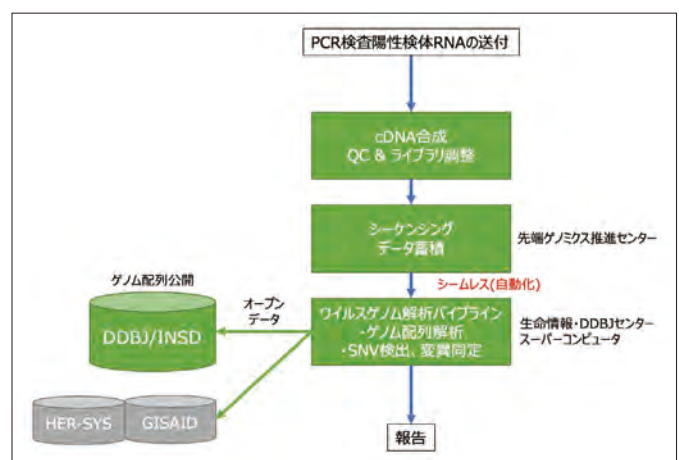


図1：遺伝研でのSARS-CoV-2のゲノム解析の流れ

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、ウイ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イルス株がどの地域からいつ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、2022年度も計70件の共同研究と計10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 2022, 70 Joint Researches and 10 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.

Analysis of the mechanism underlying the vertebrate body formation by using micro-CT scan

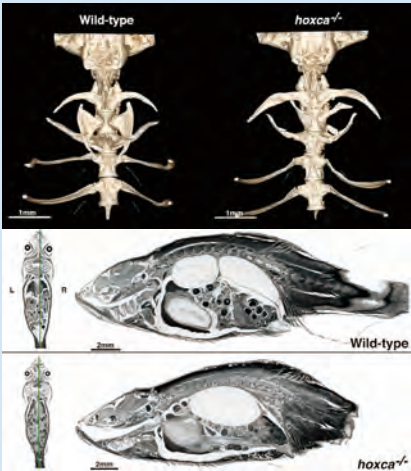
マイクロCT スキャンを用いた脊椎動物の体幹部形成機構の解析

埼玉大学
川村哲規 准教授

Hox 遺伝子群は動物発生において基盤的役割を担う。本研究ではゼブラフィッシュに存在する7つの *hox* クラスターをそれぞれ欠失した変異体を作製し、表現型をカタログ化した。生存した *hox* クラスター欠失体の成魚については、マイクロCT スキャンを用いて全身の骨格や軟組織を詳細に解析した。その結果、マウスの相同 *Hox* クラスターとは異なる機能が見出され、脊椎動物の *Hox* 遺伝子群はそれぞれの進化過程で独自の機能を獲得したことが示唆された (Yamada et al., *Development*, 2021; doi: 10.1242/dev.198325)。

Saitama University
KAWAMURA, Akinori
Associate Professor

Hox genes play fundamental roles in animal development. In this study, we isolated seven *hox* cluster loss-of-function mutants in zebrafish and catalogued their phenotype. By using micro-CT scan, skeletons and soft tissues of the survived *hox* cluster-deficient adults were analyzed in detail. The results revealed functional differences of zebrafish *hox* clusters from the homologous *Hox* clusters in mice, suggesting that the vertebrate *Hox* genes acquired unique functions during their respective evolution. (Yamada et al., *Development*, 2021; doi: 10.1242/dev.198325).



マイクロCT スキャンを用いた *hox* クラスター欠失変異体成魚の解析
Micro-CT scan analysis for *hox* cluster-deficient adult fish

▶ Joint Research Meeting

研究会



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

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

List of Funded Proposals (NIG-JOINT)

共同研究 (A)

研究課題

- 1A2022 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
- 2A2022 免疫学に特化したシングルセル解析用のウェブツールの開発
- 3A2022 Transcriptome Analysis for Antagonistic Molecular Mechanism of Isolated Probiotic Bacteria against Multi Drug Resistant E. coli.
- 4A2022 免疫チェックポイント阻害剤による免疫関連有害事象の解明：膠原病自然発症リコンピナント近交系マウスを用いた原因遺伝子の探索
- 5A2022 Dissecting the molecular mechanism of tumor hypoxia in Oral Squamous Cell Carcinoma
- 6A2022 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
- 7A2022 幼若期のストレス反応を抑制する神経回路の解析
- 8A2022 真核生物DNAミスマッチ修復の細胞周期制御
- 9A2022 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
- 10A2022 Investigating an early DNA damage response at the DNA replication fork
- 11A2022 Behavior and Genetic Variation of zebrafish in Myanmar
- 12A2022 Identification and characterization of genes involved in heart development using gene trap zebrafish lines
- 13A2022 Induction and characterization of Hcn4EGFP transgenic zebrafish for cardiac conductive system regeneration
- 14A2022 Role of calcium signaling in leadinduced locomotor defect in developing zebrafish
- 15A2022 Development of anti sense technology using Zebra fish embryos
- 16A2022 魚類における右脳左脳の機能分化を形成する遺伝基盤
- 17A2022 季節性繁殖を担う鍵遺伝子の進化的機能とその生態系への効果の検証
- 18A2022 マイクロCTスキャンを用いたゼブラフィッシュHox変異体の解析
- 19A2022 環形動物におけるカメラ眼の獲得とそれに伴う中枢神経系の構造進化
- 20A2022 マイクロCTを使った虫こぶ維管束の空間パターン解明
- 21A2022 アズマモグラの生理・生態に関する研究
- 22A2022 超短命魚ターコイズキリフィッシュを用いたオートファジーを介した新規老化制御機構の解明
- 23A2022 MicroCT装置を用いた外内部寄生性カイアシ類の寄生様式に関する研究
- 24A2022 マイクロフォーカスX線CT装置を用いたヒラムシ類における交接器構造の形態学的研究
- 25A2022 無脊椎動物初期胚における細胞表層の力の測定と種間比較
- 26A2022 microCTを用いた材依存性昆虫における微生物共生器官の形態解析
- 27A2022 寄生性巻貝類の進化過程における殻形成コスト縮減に関する研究
- 28A2022 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
- 29A2022 魚類の視覚機能と視覚路の進化の解析
- 30A2022 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
- 31A2022 マウスにおける性行動と社会行動の機能連関
- 32A2022 野生由来マウス系統を用いた攻撃行動の個体差に関わる神経回路の解析
- 33A2022 ゲノム不均等分配による環境適応仮説の検証
- 34A2022 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
- 35A2022 同種魚類個体間での組織移植条件の検討
- 36A2022 琵琶湖固有魚ホンモロコ（Gnathopogon caerulescens）の配偶子形成
- 37A2022 胚と胚乳の大きさを規定するタイミングと分子機構の解明
- 38A2022 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
- 39A2022 イネの葉における遺伝子発現の多重検出と細胞分化過程の観察
- 40A2022 イネ種子の休眠・発芽制御に関わる遺伝子の機能解析
- 41A2022 タイムリーな中心体分離の生物物理学的メカニズム
- 42A2022 微小管アスター位置決めの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
- 43A2022 紅藻ダルス次世代のタンパク質源化に向けた核ゲノム解析
- 44A2022 DNA修復タンパクによるRloop構造を介した遺伝子転写制御機構の解明
- 45A2022 細菌染色体の複製因子、核様体因子、分配因子の細胞内タイムラプス動態解析
- 46A2022 発電細菌Shewanella oneidensis MR1におけるタンパク質膜透過活性維持の調節メカニズム

研究代表者

- 総合研究大学院大学 先導科学研究科 飯田香穂里
- 大阪大学 免疫学フロンティア研究センター 石川昌和
- University of Queensland, Australian Institute for Bioengineering & Nanotechnology Abu Ali Ibn Sina
- 東北大学 医工学研究科 小玉哲也
- University of Madras, Genetics Munirajan Arasambattu Kannan
- 国立成育医療研究センター ゲノム医療研究部 要 匡
- 福井大学 医学部 香取将太
- 九州大学 理学院研究科 高橋達郎
- 東京大学 大学院薬学系研究科生理化学教室 知念拓実
- McGill University, Biology Reyes Lamothe Rodrigo
- 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
- University of Madras, Anatomy Muhammed Ibrahim Sekar
- Southern Medical University, Occupational health and occupational medicine Meng Xiaojing
- Queen Marys College, Advanced Zoology and Biotechnology Brindha Devi Basker
- 富山大学 医学部 竹内勇一
- 東京大学 大学院新領域創成科学研究科 石川麻乃
- 埼玉大学 理工学研究科 川村哲規
- 名古屋大学 理学研究科附属臨海実験所 自見直人
- 京都府立大学 生命環境科学 武田征士
- さいたま市健康科学研究センター 環境科学課 酒井景子
- 大阪大学 微生物病研究所 荻沼政之
- 鹿児島大学 理工学研究科 上野大輔
- 桜美林大学 リベラルアーツ学群 大矢佑基
- 神奈川工科大学 応用バイオ科学部応用バイオ科学科 山本一徳
- 名古屋大学 大学院生命農学研究科 土岐和多瑠
- 目黒寄生虫館 研究室 高野剛史
- 東北大学 理学研究科物理学専攻 佐久間由香
- 名古屋大学 高等研究院 萩尾華子
- 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
- 岡山大学 大学院自然科学研究科 坂本浩隆
- 筑波大学 Faculty of Human Sciences 高橋阿貴
- 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
- 長岡技術科学大学 生物機能工学専攻 霜田 靖
- 京都大学 農学研究科 木下政人
- 立命館大学 薬学部 高田達之
- 吉備国際大学 農学部 松原健一郎
- 東京大学 農学生命科学研究科附属アグロバイオテクノロジー研究センター 岡田憲典
- 東京大学 農学生命科学 伊藤純一
- 静岡大学 理学部 木寄暁子
- 東京大学 大学院薬学系研究科 畠 星治
- 九州大学 大学院芸術工学研究院 井上大介
- 北海道大学 大学院水産科学研究院 熊谷祐也
- 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
- 京都大学 医生物学研究所 森 博幸

研究課題

47A2022	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
48A2022	ショウジョウバエからの分裂酵母Schizosaccharomyces japonicusの単離と表現型の解析
49A2022	マイトファジーに着目したゲノムDNA損傷ストレスと細胞分化制御の相互関連機構
50A2022	イネの栽培化関連遺伝子群の解析
51A2022	大脳皮質層形成における神経分化様式の寄与
52A2022	交連軸索の腹側誘導制御機構の解明
53A2022	転写依存的なクロマチン拘束性機構の解明
54A2022	高次クロマチン構造と動態のin vitro解析
55A2022	ヌクレオソーム解像度のHiCデータとクロマチンX線小角散乱データの定量的関係の解明
56A2022	多様な光合成細胞内共生系に共通する分子機構の解析

研究代表者

立教大学 理学部	塩見大輔
大阪大学 大学院情報科学研究科	清家泰介
京都大学 大学院生命科学研究科	古谷寛治
神戸大学 大学院農学研究科	石川 亮
東京都医学総合研究所 脳神経回路形成プロジェクト	畠中由美子
順天堂大学 医学部	山内健太
広島大学 統合生命科学研究科	落合 博
東京大学 定量生命科学研究所	胡桃坂仁志
理化学研究所 生命機能科学研究センター	新海創也
東京大学 大学院新領域創成科学研究科	丸山真一郎

共同研究 (B)

研究課題

1B2022	Influence of Fibronectin as an Extracellular Matrix Component Into Early Pronephric Kidney Development in Zebrafish
2B2022	イトヨにおける甲状腺ホルモン産生制御機構の解析
3B2022	全頭垂網のゲノム特性を調べる: ギンザメの染色体スケール参照ゲノム配列の構築
4B2022	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
5B2022	小型魚類培養系を用いた減数分裂過程のイメージング法の確立
6B2022	マウス初期胚核の物理特性と核骨格タンパク質の関係性の解明
7B2022	マリモの増殖と保存に向けた阿寒湖とその周辺地域の微生物群集構造の解析
8B2022	アーキアがもつ機能未知SMC様タンパク質の研究

研究代表者

Universidad De Los Andes, Biological Sciences	GaravitoAguilar Zayra Viviana
静岡大学 理学部	日下部 誠
東京大学 水産実験所	平瀬祥太郎
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
名古屋大学 大学院理学研究科	田中 実
近畿大学 生物理工学部	宮本 圭
北海道大学 大学院地球環境科学院	若菜 勇
京都大学 工学研究科	竹俣直道

国際共同研究

研究課題

1I2022	C.エレガンスメタボロミクスライブラリーの開発
2I2022	Elucidating the role of DNA methylation in early pathogenesis of diabetic retinopathy in Zebrafish model
3I2022	Screening for zebrafish transgenic lines for in vivo studies on Autophagy in Parkinson's Disease
4I2022	Application of Semantic Web methods to Oryzabase database
5I2022	Plastid vs Cytosol: Role of phenylalanine and tyrosine biosynthesis pathways for seed and plant development in rice
6I2022	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

研究代表者

Alagappa University	Krishnaswamy Balamurugan
CSIRIndian Institute of Chemical Biology	Ganesan Senthil Kumar
University of Madras	Balakrishnan Anandan
IRD	Pierre Larmande
University of Florida	Masaharu Suzuki
Academia Sinica	Yamada Masashi

研究会

研究課題

1R2022	ゲノム医科学とバイオインフォマティクスの接点と集学研究
2R2022	哺乳類脳の機能的神経回路の構築メカニズム
3R2022	染色体安定維持研究会
4R2022	生命科学を支える分子系統学
5R2022	生物多様性のDNA情報学 2022
6R2022	有性生殖における染色体・クロマチン・核動態に関する若手研究者の会
7R2022	細胞分裂研究会
8R2022	単細胞生物に見られる生体プロセスの恒常性維持システム
9R2022	ゲノムモデリング研究会
10R2022	クロマチン・細胞核構造の動的変換とゲノム機能制御

研究代表者

国立遺伝学研究所 人類遺伝研究室	井ノ上逸朗
国立遺伝学研究所 神経回路構築研究室	岩里琢治
がん研究会 がん研究所がんゲノム動態プロジェクト	大学保一
国立遺伝学研究所 分子生命史研究室	工業樹洋
国立遺伝学研究所 分子生命史研究室	工業樹洋
熊本大学 発生医学研究所	石黒啓一郎
東京大学 大学院薬学系研究科	畠 星治
京都大学 医生物学研究所	檜作洋平
理化学研究所 生命機能科学研究センター	新海創也
広島大学 統合生命科学研究科	落合 博

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
名古屋市立大学	肺腺癌時の肺胞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	旧発生工芸研究室 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
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	人類遺伝学研究室 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～‘23.03.31
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 工藤樹洋	‘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	旧発生工芸研究室 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～‘25.03.31
理化学研究所／東京大学	HPV持続感染と子宮頸癌発癌機構の解明	遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂	‘20.12.18～‘23.03.31
静岡県立静岡がんセンター		マウス開発研究室 准教授 小出 剛	‘22.04.01～‘23.03.31
高知大学	緑藻ヒロハノヒトエグサ <i>Monostroma / atissimum</i> のゲノム解析	比較ゲノム解析研究室 特任教授 豊田 敦	‘22.07.28～‘23.03.31
高知大学	潮間帯巻貝に関するゲノム解析	比較ゲノム解析研究室 特任教授 豊田 敦	‘22.12.20～‘23.03.31
杏林大学	脳神経におけるグリアサブタイプ機能の分子遺伝学解析	無脊椎動物遺伝研究室 教授 齋藤都暁	‘22.04.01～‘23.03.31
農業・食品産業技術総合研究機構／横浜市立大学	作物環境耐性強化のためのクロマチン制御技術の開発	植物細胞遺伝研究室 准教授 野々村賢一 植物遺伝研究室 教授 佐藤 豊	‘22.05.13～‘26.03.31
静岡県公立大学法人		マウス開発研究室 准教授 小出 剛	‘22.04.26～‘23.03.31
Shandong 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
静岡県立静岡がんセンター		マウス開発研究室 准教授 小出 剛	‘23.03.01～‘24.02.29
日本医科大学		マウス開発研究室 准教授 小出 剛	‘23.02.01～‘25.03.31
その他民間等との共同研究 25 件			

Commissioned Research

委託者	研究課題（研究題目）	研究代表者	契約期間
科学技術振興機構	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 特任教授 櫻井 望	‘18.06.01～‘23.03.31
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	低CO ₂ と低環境負荷を実現する微細藻バイオファイナリーの創出に関する大学共同利用機関法人情報・システム研究機構による研究開発	共生細胞進化研究室 教授 宮城島進也	‘20.04.01～‘24.03.31
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～‘24.03.31
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～‘24.03.31
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～‘22.11.30
科学技術振興機構	細胞壁強度を弱めたイデコゴ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	‘22.04.01～‘24.03.31
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～‘24.03.31
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	分子細胞工芸研究室 教授 鐘巻将人	‘21.10.01～‘24.05.31
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	ゲムダイナミクス研究室 助教 日比野佳代	‘21.10.01～‘24.03.31
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～‘24.03.31
科学技術振興機構	野生イネ種子における二次代謝産物を介した植物-微生物間相互作用の分子基盤の解明	植物遺伝研究室 特任研究員 吉田悠里	‘20.12.01～‘22.08.31
科学技術振興機構	温泉微細藻類イデコゴメ類を用いた微細藻類の培養および利用形態の革新	共生細胞進化研究室 教授 宮城島進也	‘22.04.01～‘25.03.31
科学技術振興機構	花の構造型を呈する微細構造-フォトニクス農業実現のための基盤構築	生命ネットワーク研究室 助教 越水 静	‘22.11.01～‘25.03.31

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	耐酸性微細藻類を用いたバイオ医薬品生産及び経口投与プラットフォームの構築に向けた基盤技術の確立	共生細胞進化研究室	助教	藤原崇之	’22.10.01～’23.09.30
科学技術振興機構	Microbiome Datahub（仮）のマイクロバイオーム研究の国際的なデータハブへの発展に向けた研究開発と運用	ゲノム多様性研究室	准教授	森 宙史	’22.04.01～’24.03.31
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～’24.03.31
日本医療研究開発機構	ヒトマイクロバイオーム研究開発支援拠点の形成	比較ゲノム解析研究室	特任教授	豊田 敦	’17.10.01～’23.03.31
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	’20.04.01～’23.03.31
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	’20.04.23～’23.03.31
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～’23.03.31
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	’17.10.01～’23.03.31
京都大学（日本医療研究開発機構）	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～’23.03.31
国立国際医療研究センター（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	’17.10.01～’23.03.31
日本医療研究開発機構	TDP-43の病理的相転移に起因する細胞毒性の理解と制御	発生遺伝学研究室	特任教授	浅川和秀	’22.04.01～’23.03.31
日本医療研究開発機構	AMED研究データ活用プラットフォームの環境整備	生命ネットワーク研究室	教授	有田正規	’22.04.01～’23.03.31
農業・食品産業技術総合研究機構	食を通じた健康システムの確立による健康寿命の延伸への貢献	ゲノム進化研究室	教授	黒川 顕	’18.11.09～’23.03.31
農業・食品産業技術総合研究機構	バイオ・デジタルデータ統合流通基盤の構築	生命ネットワーク研究室	特任教授	櫻井 望	
		ゲノム進化研究室	教授	黒川 顕	’18.11.07～’23.03.31
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～’23.03.31
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～’23.03.31
その他民間等との受託研究 1 件					

2022年度 研究開発施設共用等促進費補助金

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	リソース性質とゲノム情報の統合によるイネ属遺伝資源利活用促進	植物遺伝研究室	教授	佐藤 豊	’22.04.01～’23.03.31
文部科学省	モデル原核生物（大腸菌・枯草菌）リソース事業の拡充と展開	微生物機能研究室	教授	仁木宏典	’22.04.01～’23.03.31
文部科学省	ショウジョウバエ遺伝資源の収集維持管理及び提供と戦略的 高度化	無脊椎動物遺伝研究室	教授	齋藤都暁	’22.04.01～’23.03.31
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及び近交系ゼブラフィッシュの収集・保存 及び提供）	発生遺伝学研究室	教授	川上浩一	’22.04.01～’23.03.31
文部科学省	次世代型メダカバイオリソース整備とその拠点形成（広範なメ ダカオミクス情報の提供体制の整備）	分子生命史研究室	教授	工樂樹洋	’22.04.01～’23.03.31
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	’22.04.01～’23.03.31

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14件の国際交流協定が締結されました。

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



■ Activities toward international cooperations

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



■ 国際シンポジウム

国立遺伝学研究所は、国内外の最先端の研究を推進している研究者と交流し、研究の発展に資することを目的に、毎年さまざまな分野の国際シンポジウムを主催しています。2022年度は、国立遺伝学研究所国際シンポジウム“新時代の染色体複製研究：古くて新しい生命科学の問題”を開催しました。

国内外の研究者が最新の研究成果について講演し、活発な質疑応答が行われました。また学生、ポスドクら若手研究者によるポスターセッションが併設して行われ、ポスターの前での活発な議論を通して招待講演者らとの交流が行われました。

シンポジウムウェブサイト：

<https://www.nig.ac.jp/symposium/symposium2022/ja/>

- 会期：2022年11月11-12日
- 場所：国立遺伝学研究所

■ NIG International Symposium

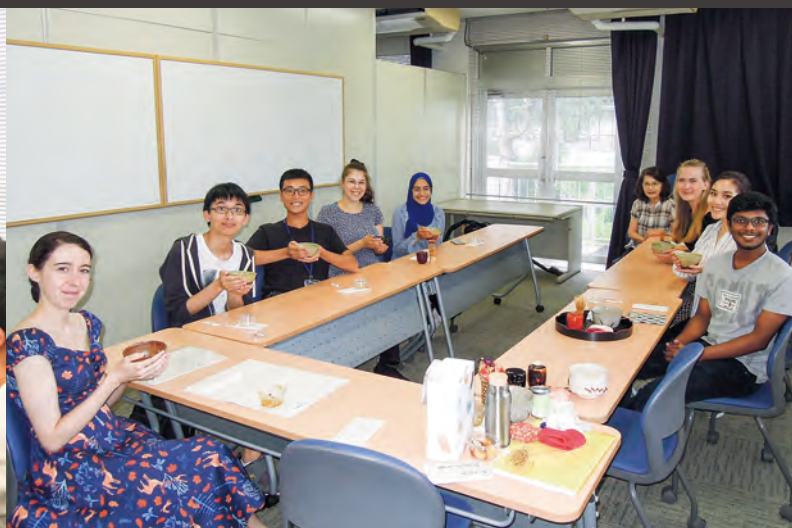
Every year National Institute of Genetics (NIG) organizes an international symposium of various fields of biology and genetics to promote research and academic interactions among researchers from NIG, Japan, and all over the world. In FY2022, “Chromosome Replication in the New Era; Old and New Questions in Life Science” was held.

International and domestic invited lecturers and NIG researchers gave lectures on their latest research, and active question and answer sessions took place. In addition, a poster session by young researchers including students and postdocs was held jointly, and interactions with invited speakers were held through active discussions in front of the posters.

Symposium website:

<https://www.nig.ac.jp/symposium/symposium2022/en/>

- Date: Nov. 11 and 12, 2022
- Venue: NIG Lecture 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。国外出身の研究員・留学生が言葉の壁を感じることなく研究に専念できるよう、国際化推進ヘルプデスクが来日前のビザ申請から、来日後の事務手続き、住居探しや三島エリアの生活情報の提供に至るまで、幅広いサポートを提供しています。また、日本語の無料レッスンも行っています。



■ 国外出身の研究員・留学生

遺伝研には長期、短期様々な形で国外出身の教員・研究員や留学生（総合研究大学院大学）が所属し、研究活動を行っています。その総数は、2023年2月現在で44名（内留学生が27名）。出身地についてみると、多い順にカザフスタン（9名）、中国（7名）、インド（6名）で、続いて韓国、台湾（各3名）、ベトナム、米国、メキシコから2名ずつ。さらに英国、ロシア、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員・留学生等を迎え、地図も一層賑やかになっています。



■ Support for International Researchers

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

For more details, visit Committee web page:

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

Please contact the English Help Desk with any inquiries:

info-int@nig.ac.jp

■ NIG International Members

NIG has always had international researchers and students carrying out research activities for various period of time. We currently have a total of 44 international members (including 27 SOKENDAI students) as of February 2023. They are from Kazakhstan (9 members), China (7 members), India (6 members), Korea/Taiwan (3 members from each), Vietnam/USA/Mexico (2 members from each) and UK/Russia/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. PEICHEL, Katie
バイオロジカルシンポジウム Dr. PEICHEL, Katie 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. KOIDE, Tsuyoshi
公開講演会 小出 剛 准教授講演

■ 研究所の一般公開

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

■ 公開講演会

年1回、東京地区を中心に本研究所教員を講師として、一般の方々に対象に遺伝学公開講演会を開催しています。2022年はオンラインで開催されました。

● 2022年講演タイトル

DNA 情報から見る動物の進化／工樂樹洋 教授
動物家畜化を解き明かす／小出 剛 准教授

■ Open House

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

■ Public Lecture

Once every autumn, NIG holds a public lecture in Tokyo, presented by its faculty. The NIG public lecture 2022 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ご紹介いたします。

■ 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。

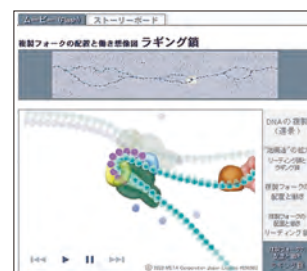
■ マルチメディア資料館 生物・ザ・ムービー …… ムービーで見る分子の世界

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

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) 委員長
来栖光彦	(リサーチ・アドミニストレータ室 室長)
小出 剛	(マウス開発研究室 准教授)
酒井則良	(小型魚類遺伝研究室 准教授)
野々村賢一	(植物細胞遺伝研究室 准教授)
平田たつみ	(脳機能研究室 教授)

国立大学法人 総合研究大学院大学
先端学術院 先端学術専攻

遺伝学コース

Genetics Program, Graduate Institute
for Advanced Studies

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）先端学術院 先端学術専攻 遺伝学コースとして、大学院生の教育を行っています。遺伝学を中核に多様な分野の研究が集積する優れた環境の元で、幅広い視野をもつ研究者を育成し、次世代の生命科学研究に貢献したいと考えています。5年一貫制博士課程と博士後期課程の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、博士後期課程の対象者は修士号取得者、または、それと同等以上の学力があると認められた方です。

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

National Institute of Genetics (NIG) functions as the Genetics Program, the Graduate Institute for Advanced Studies, 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/ja/phd-program/main-page-top/main-page/>



Message from the Chair

遺伝学コース長からのメッセージ



次世代を担う研究者を育てることも、国立遺伝学研究所（遺伝研）の重要なミッションです。遺伝研（遺伝学コース）は、国立大学法人総合研究大学院大学（総研大）の一員として、研究者を志す学生を受け入れて大学院教育を行っています。総研大は、国立研究機関のもつ優れた研究環境を生かして大学院教育を行うことを目的に1988年に設立された大学院大学であり、2023年4月の組織改編を経て、文系から理系にまたがる20の世界レベルの国立研究機関（20コース）が参加する構成になりました。遺伝学コースに入学した学生は、遺伝研の構成員として遺伝研の施設・設備を使って研究できると同時に、フレッシュマンコース（全学）、生命科学リトリート（基礎生物学コース、生理科学コース、統合進化科学コースとの合同開催）等の総研大の学際研究の仕組みを通じて他コースの学生や教員と交流することができます。遺伝研は、学生数と比べて教員数が多いという特性を生かして、研究所全体で一人一人の学生を丁寧に育てようとしています。特に、大学院生自身が指導教員以外の教授・准教授（助教）から数名のプログレス委員を選び定期的に研究に関するアドバイスを受けられる「プログレス制度」は、大学院生が所属研究室の枠を超えて、多様な考え方、幅広い最先端の知識・技術を学ぶために役立っています。遺伝研で研究者としての基礎トレーニングを受けた卒業生は、アカデミア（大学・研究所等）だけでなく、国内外の幅広い分野で活躍しています。

遺伝学コース長 岩里 琢治

An important mission of National Institute of Genetics (NIG) is to create scientists who lead the next generation. As a member of SOKENDAI, NIG (Genetics Program) trains students who want to become scientists. SOKENDAI is a graduate university, which was established in 1988. After a reorganization in April 2023, SOKENDAI is now composed of 20 world-class national institutes (20 courses), which cover broad research areas including literature, history, physics, chemistry, biology and so on. Graduate students in the Genetics Program can enjoy science in the enriched environment of NIG and also have interdisciplinary communications with students and faculties from other SOKENDAI courses. NIG has more numbers of faculties than students, thus, each student can choose some faculties from other NIG labs as his/her Progress Committee members and can obtain advice on his/her research from them at any time. The Progress Committee system is useful for students to widen the scope of their research by obtaining guidance from faculties having varying expertise. Alumni who received their basic training in NIG to become scientists play important roles in broad fields, both academic and non-academic.

IWASATO, Takuji Chair

Genetics Program, Graduate Institute for Advanced Studies, SOKENDAI

総合研究大学院大学 先端学術院 先端学術専攻 遺伝学コース



遺伝研で学びませんか？

▶ SOKENDAI

遺伝学コースの特色

■ 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・遺伝学コース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

遺伝学コースでは、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コース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、活発な議論が行われています。

■ 複数教員による教育制度

遺伝学コースは、「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が、それを補う形で、複数教員の指導によるユニークな「遺伝学プログレス制度」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（遺伝学プログレス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（遺伝学プログレス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（遺伝学プログレス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 Genetics Program 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 programs 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・遺伝学コースは、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

総研大の生命科学領域は、主に遺伝研を基盤機関とする遺伝学コース、岡崎の生理研、基生研を基盤機関とする生理科学コース、基礎生物学コース、葉山の統合進化科学コースから成り立っています。これら4コース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 Retreat

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





▶ Various Aids to Students

学生に対する様々な支援活動

大学院生としての生活は人生の中で決して「楽な」時期ではありません。一人前の研究者と同様に高いレベルの研究成果をあげることを期待されているにもかかわらず、「指導を受けている」学生という身分であるため、仕事をするために授業料を支払わなければなりません。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、遺伝学コースは、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 Genetics Program conduct various activities to support graduate students and enrich its graduate program.

■ 経済的支援

遺伝学コースでは、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（5年一貫制1,2年次：年額71万円、3年次以上：年額78万円）。また、日本学生支援機構の奨学金の貸与希望者は、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

学生が入居できる宿舍があります（入居条件あり）。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）。

■ 遺伝研食堂

研究所の食堂では野菜たっぷり栄養満点のおいしい食事が平日の昼と夕に提供されています。気持ちの良い屋外テラスもあり、研究室の垣根を越えた所内の交流の場ともなっています。

■ 科学プレゼンテーションの授業

研究者には、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、遺伝学コースは独自に開発した「遺伝研メソッド」による研究者育成を行っています。

https://www.nig.ac.jp/jimu/sokei/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。遺伝学コースでは、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。また遺伝学プロ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 (with certain conditions). There are two options: Private Unit and Shared Unit (residents will be provided their own rooms).

■ Cafeteria

NIG cafeteria serves nutritious and delicious food for lunch and dinner on weekdays. The cafeteria has an open terrace, too. You can communicate with people from other labs in the cafeteria.

■ 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 Genetics Program offers many courses and workshops on scientific writing and presentation, including a special scientist training program called "NIG Method".

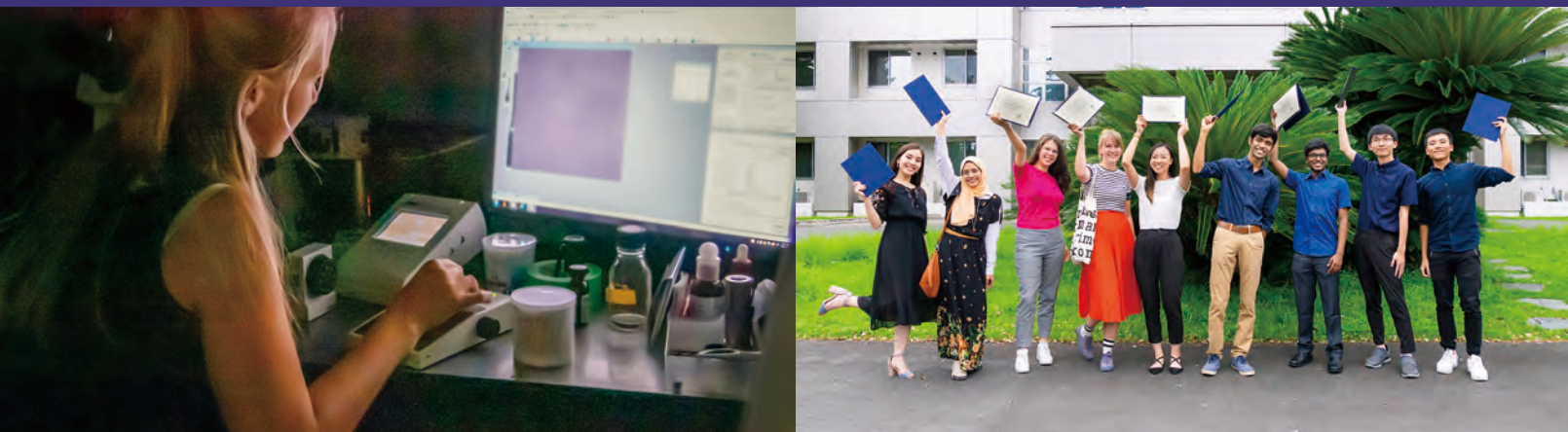
https://www.nig.ac.jp/jimu/sokei/courses/OSC/OSC_1.html

■ 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 Genetics 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・修士学生のための遺伝研体験プログラム

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

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

■ Research Internships for undergraduate and master's students at NIG

NIG offers a 6-week research internship program for international undergraduate / master's 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 activities, such as lectures for our graduate students, journal clubs, and seminars by outstanding researchers in and out of NIG. Japanese lessons are also available. Stipend will be provided to cover travel and living expenses. If you want to find out what it is like to do research, this is the best way to spend a summer.

<https://www.nig.ac.jp/jimu/sokei/intern/index.html>

▶ Graduate Education at NIG

大学院進学を考えている人へ

遺伝学コースの大学院教育は、「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。遺伝学コース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。下記は遺伝学コース生とその発表論文の一例です。



Formulation of Chromatin Mobility as a Function of Nuclear Size during *C. elegans* Embryogenesis Using Polymer Physics Theories.

Yesbolatova AK, Arai R, Sakaue T, Kimura A.
Phys Rev Lett. 2022 Apr 29;128(17):178101.

YESBOLATOVA, Aiyu K.



Rice GLUCAN SYNTHASE-LIKE5 promotes anther callose deposition to maintain meiosis initiation and progression.

Somashekar H, Mimura M, Tsuda K, Nonomura KI. Plant Physiol. 2023 Jan 2;191(1):400-413.

SOMASHEKAR, Harsha

▶ Programs to Host Researchers

遺伝研で研究しよう

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

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

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

A black and white photograph of a desk. In the foreground, a pair of glasses with dark frames and thin temples rests on a stack of papers. The papers are slightly crumpled and feature handwritten notes and printed text, including a table with multiple columns. The desk surface is dark and reflective. In the background, a dark, rectangular object, possibly a book or a folder, is visible on the left side. The overall lighting is soft, creating a professional and academic atmosphere.

NIG Data

遺伝研データ

Management

(2023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科教授 Professor, Graduate School of Biostudies, Kyoto University	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科教授 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 SHIOMI, 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	高橋淑子 TAKAHASHI, Yoshiko	京都大学大学院理学研究科教授 Professor, Graduate School of Science, Kyoto University
菅野純夫 SUGANO, Sumio	千葉大学未来医療教育研究機構特任教授 Professor, Future Medicine Education and Research Organization, Chiba University	岡田真里子 OKADA, Mariko	大阪大学蛋白質研究所教授 Professor, Institute for Protein Research, Osaka University
高橋 智 TAKAHASHI, Satoru	筑波大学医学医療系教授 Professor, Faculty of Medicine, University of Tsukuba		(所外委員)

仁木宏典 NIKI, Hironori	副所長 Vice-Director	宮城島進也 MIYAGISHIMA, Shin-ya	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	鐘巻将人 KANEMAKI, Masato	遺伝メカニズム研究系教授 Professor, Department of Chromosome Science
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
前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro	所長補佐 Assistant to the Director-General	岩里琢治 IWASATO, Takuji	遺伝形質研究系教授 Professor, Department of Gene Function and Phenomics
有田正規 ARITA, Masanori	情報研究系教授 Professor, Department of Informatics	澤 斉 SAWA, Hitoshi	遺伝形質研究系教授、共同利用委員会委員長 Professor, Department of Gene Function and Phenomics Chair, Inter-University Collaboration Committee
			(所内委員)

アドバイザリーボード Advisory Board

研究所に係る重要事項について、所長又は運営会議の求めに応じ助言を行う。
The board members give advice to the Director-General and/or the Advisory Committee regarding the principles and policies of the institute.

榊 佳之 SAKAKI, Yoshiyuki	東京大学名誉教授 Professor Emeritus, The University of Tokyo	HUNT, Tim	Emeritus Scientist, The Francis Crick Institute
篠崎一雄 SHINOZAKI, Kazuo	理化学研究所名誉研究員 Honorary Scientist, RIKEN	ROSSANT, Janet	President, The Gairdner Foundation
		DIFFLEY, John F.X.	Associate Research Director, 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, Mitsuhiro

所長補佐 Assistant to the Director-General

所長の命を受け、特命事項を迅速かつ機動的に処理する。
Under the order from the Director-General, the Assistant to the Director-General carries out special missions flexibly and expeditiously.

評価担当 Evaluation	中村保一 NAKAMURA, Yasukazu	教育担当 Education	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		高橋 智	筑波大学医学医療系教授
澤 斉	遺伝形質研究系教授	TAKAHASHI, Satoru	Professor, Faculty of Medicine, University of Tsukuba
SAWA, Hitoshi	Professor, Department of Gene Function and Phenomics	(所内委員) NIG members	
(所外委員) Non-NIG members		澤 斉	遺伝形質研究系教授
上村 匡	京都大学大学院生命科学研究科教授	SAWA, Hitoshi	Professor, Department of Gene Function and Phenomics
UEMURA, Tadashi	Professor, Graduate School of Biostudies, Kyoto University	工樂樹洋	ゲノム・進化研究系教授
塩見美喜子	東京大学大学院理学系研究科教授	KURAKU, Shigehiro	Professor, Department of Genomics and Evolutionary Biology
SIOMI, Mikiko	Professor, Graduate School of Sciences, The University of Tokyo	佐藤 豊	ゲノム・進化研究系教授
菅野純夫	千葉大学未来医療教育研究機構特任教授	SATO, Yutaka	Professor, Department of Genomics and Evolutionary Biology
SUGANO, Sumio	Professor, Future Medicine Education and Research Organization, Chiba University		

(2023年度委員)

各種／個別委員会 委員長 NIG Committees (Chair)

将来計画委員会	仁木宏典	図書委員会	澤 斉	博士研究員選考委員会	鐘巻将人
Future Planning	NIKI, Hironori	Library	SAWA, Hitoshi	NIG PD Selection	KANEMAKI, Masato
予算委員会	黒川 顕	セミナー委員会	木村 暁	遺伝学博物館委員会	北野 潤
Budget	KUROKAWA, Ken	Seminar	KIMURA, Akatsuki	Museum of Genetics	KITANO, Jun
施設・環境マネジメント委員会	仁木宏典	事業委員会	前島一博	国際化推進委員会	木村 暁
Facilities and Sustainability	NIKI, Hironori	NIG Projects	MAESHIMA, Kazuhiro	Internationalization	KIMURA, Akatsuki
共通機器委員会	鐘巻将人	広報委員会	佐藤 豊		
Common Equipment	KANEMAKI, Masato	Publicity	SATO, Yutaka		
電子計算機委員会	黒川 顕	知的財産委員会	中村保一		
Computer	KUROKAWA, Ken	Intellectual Property	NAKAMURA, Yasukazu		

放射線安全委員会	齋藤都暁	マウス小委員会	小出 剛	人を対象とする生命科学・医学系研究倫理審査委員会	大久保公策
RI Safety	SAITO, Kuniaki	Mouse Bioresource	KOIDE, Tsuyoshi	Ethical Review Committee on Medical and Biological Research Involving Human Subjects	OKUBO, Kousaku
遺伝子組換え実験安全委員会	鐘巻将人	イネ小委員会	佐藤 豊		
Recombinant Experiments	KANEMAKI, Masato	Rice Bioresource	SATO, Yutaka	安全衛生委員会	北野 潤
動物実験委員会	小出 剛	大腸菌小委員会	仁木宏典	Safety & Health	KITANO, Jun
Animal Experiment	KOIDE, Tsuyoshi	E.coli Bioresource	NIKI, Hironori	利益相反委員会	所長
防火・防災管理委員会	管理部長	先端ゲノミクス推進センター運営委員会	黒川 顕	Conflict of Interests	Director-General
Fire & Disaster Prevention	General Manager	Advanced Genomics Center	KUROKAWA, Ken	新分野創造センター運営委員会	所長
DNA データ研究利用委員会	有田正規	フェノタイプ研究推進センター運営委員会	仁木宏典	Center for Frontier Research	Director-General
DDBJ	ARITA, Masanori	Phenotype Research Center	NIKI, Hironori	変異マウス開発支援運営委員会	小出 剛
生物遺伝資源委員会	佐藤 豊	ハラスメント防止・対策委員会	平田たつみ	Engineered mouse supporting	KOIDE, Tsuyoshi
Genetic Resources	SATO, Yutaka	Harassment Prevention	HIRATA, Tatsumi		

(2022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	九州大学大学院医学研究院教授	二階堂 愛	東京医科歯科大学難治疾患研究所ゲノム応用医学部門ゲノム機能情報分野教授
ITO, Takashi	Professor, Graduate School of of Medical Sciences, Kyushu University	NIKAIDO, Itoshi	Professor, Department of Functional Genome Informatics, Division of Medical Genomics, Medical Research Institute, Tokyo Medical and Dental University
岩島真理	科学技術振興機構NBDC 事業推進部部長		
IWASHIMA Mari	Director, Japan Science and Technology Agency, Department of NBDC Program	平井優美	理化学研究所環境資源科学研究センター代謝システム研究チームリーダー
笠原雅弘	東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻准教授	HIRAI, Masami	Team Leader, RIKEN Center for Sustainable Resource Science Metabolic Systems Research Team
KASAHARA, Masahiro	Associate Professor, Department of Computational Biology and Medical Science, Graduate School of Frontier Science, 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		

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	静岡県立静岡がんセンター研究所部長・副所長	小林公子	静岡県立大学食品栄養科学部食品生命科学科教授
URAKAMI, Kenichi	Division Chief, Deputy Director, Shizuoka Cancer Center Research Institute	KOBAYASHI, Kimiko	Professor, School of Food and Nutritional Sciences, University of Shizuoka

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

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

生物遺伝資源委員会 所外委員 Genetic Resources 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	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
有泉 亨 ARIZUMI, Tohru	筑波大学生命環境系准教授 Associate Professor, Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba	中村克樹 NAKAMURA, Katsuki	京都大学ヒト行動進化研究センター教授 Professor, Center for the Evolutionary Origins of Human Behavior, Kyoto University (EHUB)
伊谷原一 IDANI, Genichi	京都大学野生動物研究センター教授 Professor, Wildlife Research Center, Kyoto University	中村太郎 NAKAMURA, Taro	大阪公立大学大学院理学研究科教授 Professor, Graduate School of Science, Osaka Metropolitan University
一柳 剛 ICHIYANAGI, Tsuyoshi	鳥取大学農学部教授 Professor, Faculty of Agriculture, Tottori University	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
射場 厚 IBA, Koh	九州大学名誉教授 Professor Emeritus, Kyushu University	長村登紀子	東京大学医科学研究所附属病院セレクトロセッシング・輸血部准教授
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	NAGAMURA, Tokiko	Associate Professor, Department of Cell Processing and Transfusion, Cell Resource Center, The Institute of Medical Science, The University of Tokyo
岡本 仁 OKAMOTO, Hitoshi	理化学研究所脳神経科学研究センター意思決定回路動態研究チームリーダー Team Leader, Laboratory for Neural Circuit Dynamics of Decision Making, RIKEN Center for Brain Science	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
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	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・教授 Director (Professor), Avian Bioscience Research Center, Nagoya University Graduate School of Bioagricultural 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	仁田坂英二 NITASAKA, Eiji	九州大学大学院理学院准教授 Associate Professor, Department of Biology, Faculty of Sciences, Kyushu University
川瀬栄八郎 KAWASE, Eihachiro	京都大学医生物学研究所附属ヒトES細胞研究センター准教授 Associate Professor, Institute for Life and Medical Sciences, Kyoto University	仁藤伸昌 NITO, Nobumasa	近畿大学生物理工学部地域交流センター長 Director, Regional Exchange Center, Faculty of Biology-Oriented Science and Technology, Kindai University
河地正伸 KAWACHI, Masanobu	国立環境研究所生物・生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	橋口正嗣 HASHIGUCHI, Masatsugu	宮崎大学地域資源創成学部准教授 Associate Professor, Faculty of Regional, Innovation, University of Miyazaki
北柴大泰 KITASHIBA, Hiroyasu	東北大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University	伴野 豊 BANNO, Yutaka	九州大学大学院農学研究科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
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教授 Professor, Laboratory of Plant Chromosome and Gene Stock, Graduate School of Integrated Sciences for Life, 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 (Professor), Kyoto University of Advanced Science Faculty of Bioenvironmental Sciences
熊谷 亨 KUMAGAI, Toru	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長 Director, Research Center of Genetic Resources, NARO	榎啓志 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
桑山秀一 KUWAYAMA, Hidekazu	筑波大学生命環境系教授 Professor, Faculty of life and Environmental Sciences, University of Tsukuba	松居靖久 MATSUI, Yasuhisa	東北大学加齢医学研究所医用細胞資源センター教授 Professor, Cell Resource Center for Biomedical Research, Institute of Development, Aging and Cancer, Tohoku University
小林正智 KOBAYASHI, Masatomu	理化学研究所バイオリソース研究センター実験植物開発室長 Head, Experimental Plant Division, RIKEN BioResource Research Center	松田 勝 MATSUDA, 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
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	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
笹倉靖徳 SASAKURA, Yasunori	筑波大学下田臨海実験センター長・教授 Professor, Director, Shimoda Marine Research Center, University of Tsukuba	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
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	矢口貴志 YAGUCHI, Takashi	千葉大学真菌医学研究センター准教授 Associate Pprofessor, Medical Mycology Research Center, Chiba University
佐藤 勉 SATO, Tsutomu	法政大学生命科学部生命機能学科教授 Professor, Faculty of Bioscience and Applied Chemistry, Hosei University	安田二郎 YASUDA, Jiro	長崎大学高度感染症研究センター教授 Professor, Nagasaki University National Research Center for the Control and Prevention of Infectious Diseases
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
神保宇嗣 JINBO, Utsugi	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 Meolecular Biodiversity Research, National Museum of Nature and Science Center for Collections	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
杉本亜砂子 SUGIMOTO, Asako	東北大学大学院生命科学研究所科長・教授 Dean, Professor, Graduate School of Life Sciences, Tohoku University	若菜茂晴 WAKANA, Shigeharu	公益財団法人神戸医療産業都市推進機構動物実験飼育施設施設長 Director, Department of Animal Experimentation The Foundation for Biomedical Research and Innovation at Kobe (FBRl)
杉山峰崇 SUGIYAMA, Minetaka	広島工業大学生命学部食品生命科学科教授 Professor, Hiroshima Institute of Technology, Facutly of Life Sciences, Department of Food Sciences and Biotechnology	渡辺敦史 WATANABE, Atsushi	九州大学大学院農学研究科教授 Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University
高野敏行 TAKANO, Toshiyuki	京都工芸繊維大学ショウジョウバエ遺伝資源センター教授 Professor, KYOTO Drosophila Stock Center. Kyoto Institute of Technology	度会雅久 WATARAI, Masahisa	山口大学共同獣医学部学部長・教授 Dean (Professor), Joint Faculty of Veterinary Medecine, Yamaguchi University
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 (CARD), Institute for Resource Development and Analysis, Kumamoto University		
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教授 Professor, Institute for Glyco-core Research, Tokai National Higher Education and ResearchSystem, Gifu University		
田村朋彦 TAMURA, Tomohiko	製品評価技術基盤機構バイオテクノロジセンター生物資源利用促進分譲室長 Director, Culture Collection Division, Biological Resource Center, NITE (NBRC)		

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	佐渡 敬 SADO, Takashi	近畿大学農学部生物機能科学科教授 Professor, Department of Advanced Bioscience, Graduate School of Agriculture, Kindai University
荒木喜美 ARAKI, Kimi	熊本大学生命資源研究・支援センター疾患モデル分野教授 Professor, Division of Developmental Genetics, Institute of Resource Development and Analysis, Kumamoto University	佐々木裕之 SASAKI, Hiroyuki	九州大学生体防御医学研究所特命教授 Specially Appointed Professor, Medical Institute of Bioregulation Kyushu 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	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教授 Professor, Center for Bioresource-based Researches Brain Research Institute, Niigata University
林元展人 HAYASHIMOTO, Nobuhito	実験動物中央研究所ICLASモニタリングセンター長 Director, ICLAS Monitoring Center, Central Institute for Experimental Animals	吉川欣亮 KIKKAWA, Yoshiaki	公益財団法人東京都医学総合研究所プロジェクトリーダー Project Leader, Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science
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	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 Professor, Animal Resource Center for Infectious Diseases, Osaka 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		

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大学院准教授 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 and Life 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	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
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ゾ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	安井 秀 YASUI, Hideshi	九州大学大学院農学研究大学院教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyushu University
河瀬眞琴 KAWASE, Makoto	東京農業大学農学部教授 Professor, Faculty of Agriculture, Tokyo University of Agriculture	山形悦秀 YAMAGATA, Yoshiyuki	九州大学大学院農学研究大学院准教授 Associate Professor, Graduate School of Agriculture, Kyushu University
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教授 Professor, Laboratory of Plant Chromosome and Gene Stock, Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University	吉村 淳 YOSHIMURA, Atsushi	九州大学特任教授 Specially Appointed Professor, Graduate School of Agriculture, Kyushu University
久保貴彦 KUBO, Takahiko	九州大学大学院農学研究大学院准教授 Associate Professor, Graduate School of Agriculture, Kyushu University		
熊丸敏博 KUMAMARU, Toshihiro	九州大学大学院農学研究大学院教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyushu University		

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

秋山芳展 AKIYAMA, Yoshinori	京都大学医生物学研究所教授 Professor, Insitute for Life and Medical Sciences, Kyoto University	塩見大輔 SHIOMI, Daisuke	立教大学理学部教授 Professor, College of Science, Rikkyo University
朝井 計 ASAI, Kei	東京農業大学生命科学部教授 Professor, Faculty of Life Sciences, Tokyo University of Agriculture	関根靖彦 SEKINE, Yasuhiko	立教大学理学部教授 Professor, College of Science, Rikkyo University
板谷光泰 ITAYA, Mitsuhiro	信州大学工学部特任教授 Specially Appointed Professor, Faculty of Engineering, Shinshu University	田中香お里 TANAKA, Kaori	岐阜大学糖鎖生命コア研究所教授 Professor, Institute for Glyco-core Research, Gifu University
大島 拓 OSHIMA, Taku	富山県立大学工学部准教授 Associate professor, Faculty of Engineering, Toyama Prefectural 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	千葉志信 CHIBA, Shinobu	京都産業大学生命科学部教授 Professor, Faculty of Life Sciences, Kyoto-Sangyo University
小椋義俊 OGURA, Yoshitoshi	久留米大学医学部教授 Professor and Chairman, School of Medicine, Kurume University	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
片山 勉 KATAYAMA, Tsutomu	九州大学大学院薬学研究大学院教授 Professor, Department of Pharmaceutical Health Care and Sciences, Kyushu University	森 英郎 MORI, Hideo	三菱商事ライフサイエンス株式会社シニアフェロー Senior Fellow, Research & Development Division, Mitsubishi Corporation Life Sciences Limited
川岸郁朗 KAWAGISHI, Ikuro	法政大学生命科学部教授 Professor, Faculty of Bioscience and Applied Chemistry, Hosei 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
佐藤 勉 SATO, Tsutomu	法政大学生命科学部教授 Professor, Faculty of Bioscience and Applied Chemistry, Hosei University		

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非常勤講師 Part-time 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 Adviser, Mishima Shinkin Bank
黒澤健司 KUROSAWA, Kenji	神奈川県立こども医療センター遺伝科部長 Director, Division of Medical Genetics, Kanagawa Children's Medical Center		

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

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		

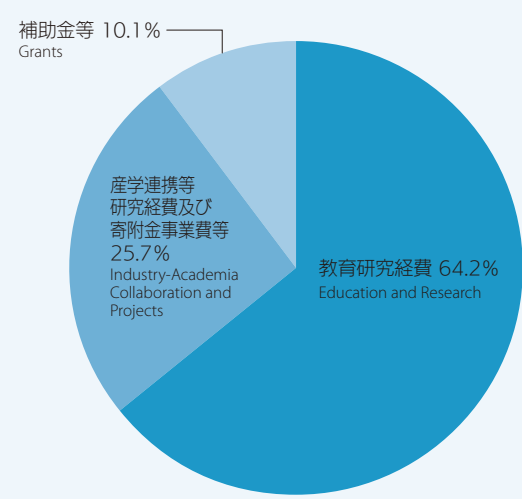
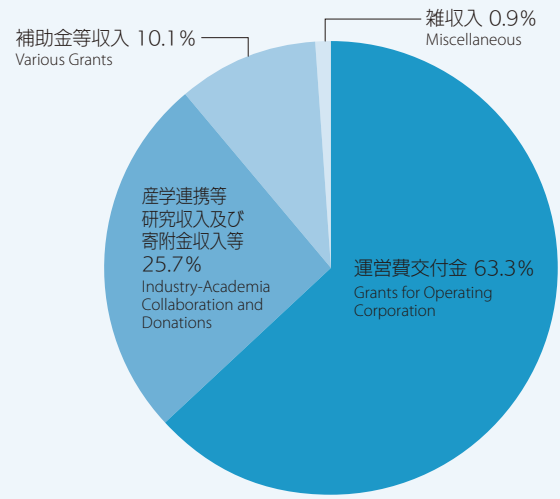
The Number of NIG Faculty and Staff | 国立遺伝学研究所教職員数

所長	1	Director - General
教授	19	Professors
准教授	11	Associate Professors
助教	21	Assistant Professors
客員教授	7	Visiting Professors
小計 (所長、客員教授を除く)	51	(excluding Director - General and Visiting Professors) Subtotal
管理部	17	Administration Staffs
技術課	12	Technicians
合計 (所長、客員教授を除く)	80	(excluding Director - General and Visiting Professors) Total

(2023年4月1日現在)

予算 Budget

2023年度 (FY2023)		(×1,000yen)	
収入 Revenue		支出 Expenditure	
区 分	金 額	区 分	金 額
運営費交付金 Grants for Operating Corporation	2,406,188	教育研究経費 Education and Research	2,441,019
補助金等収入 Various Grants	384,295	補助金等 Grants	384,295
雑収入 Miscellaneous	34,831	産学連携等研究経費及び寄附金事業費等 Industry-Academia Collaboration and Projects	978,894
産学連携等研究収入及び寄附金収入等 Industry-Academia Collaboration and Donations	978,894	合計 Total	3,804,208※
合計 Total	3,804,208※	※機構長裁量経費を除く	

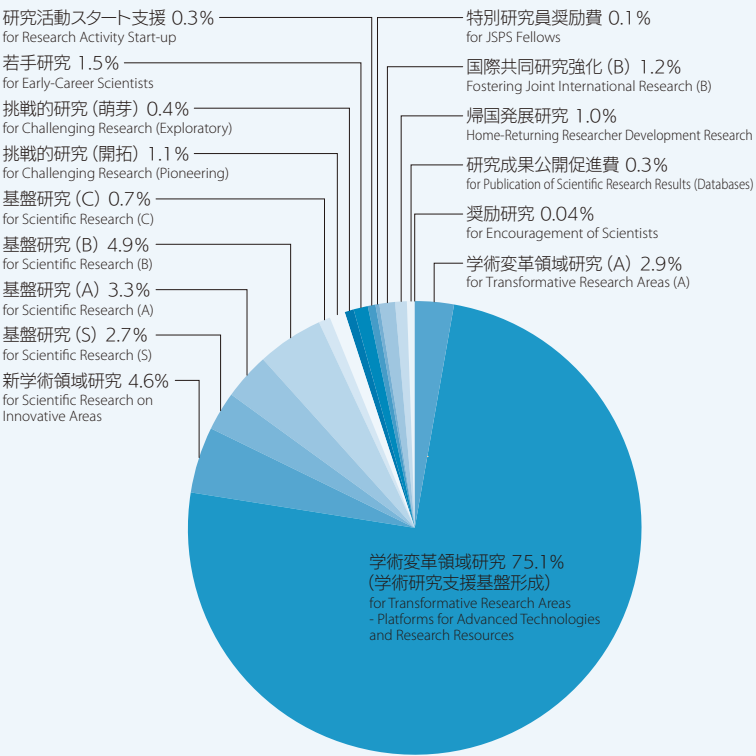


科学研究費 Grant-in-Aid for Scientific Research

2022年度 (FY2022) (×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 (学術研究支援基盤形成) for Transformative Research Areas - Platforms for Advanced Technologies and Research Resources	991,300 / 1
学術変革領域研究 (A) for Transformative Research Areas (A)	37,700 / 4
新学術領域研究 for Scientific Research on Innovative Areas	60,130 / 7
基盤研究 (S) for Scientific Research (S)	35,900 / 1
基盤研究 (A) for Scientific Research (A)	43,900 / 5
基盤研究 (B) for Scientific Research (B)	64,420 / 16
基盤研究 (C) for Scientific Research (C)	8,700 / 10
挑戦的研究 (開拓) for Challenging Research (Pioneering)	14,300 / 2
挑戦的研究 (萌芽) for Challenging Research (Exploratory)	5,900 / 3
若手研究 for Early-Career Scientists	19,600 / 16
研究活動スタート支援 for Research Activity Start-up	3,300 / 2
特別研究員奨励費 for JSPS Fellows	1,200 / 1
国際共同研究強化 (B) Fostering Joint International Research (B)	15,620 / 4
帰国発展研究 Home-Returning Researcher Development Research	13,700 / 1
研究成果公開促進費 for Publication of Scientific Research Results (Databases)	3,300 / 2
奨励研究 for Encouragement of Scientists	480 / 1
合計 Total	1,319,450 / 76

(2023年3月末現在)



内容	氏名
2022年度成茂動物科学振興賞 トンボの変態を制御する分子機構の解明	生態遺伝学研究室 日本学術振興会特別研究員PD 奥出紘太
第28回小型魚類研究会 口頭発表賞 Molecular signature of optic flow responsive neurons identified by a technique combining functional labeling and single cell RNA-seq	システム神経科学研究室 博士研究員 松田光司
第28回小型魚類研究会 ポスター賞 Intersectional genetics for investigating putative pretectal hub neurons in the optic flow processing circuit	システム神経科学研究室 大学院生 Chung Han Wang
2022年度日本植物形態学会 奨励賞 ボルボックス系列緑藻アストレフオメネの発生学的解析とゲノム解読を用いた多細胞形質の平行進化に関する研究	共生細胞進化研究室 博士研究員 山下翔大
第45回日本分子生物学会年会 MBSJ2022サイエンスピッチアワード 複製依存的ヒストン標識によるユークロマチン/ヘテロクロマチン特異的なクロマチン動態解析	ゲノムダイナミクス研究室 大学院生 南 克彦
第62回生物物理若手の会・夏の学校 現代化学賞 ヒト生細胞の局所クロマチン動態は細胞周期を通して一定である	ゲノムダイナミクス研究室 大学院生 飯田史織
第60回日本生物物理学会年会 学生発表賞 Single-nucleosome imaging reveals steady-state motion of interphase chromatin in living human cells	ゲノムダイナミクス研究室 大学院生 飯田史織
ゴードンカンファレンス 最優秀発表一等賞	生態遺伝学研究室 博士研究員 細木拓也
日本ゲノム微生物学会 若手賞	ゲノム多様性研究室 博士研究員 村上 匠
総合研究大学院大学 遺伝学専攻 森島奨励賞 Study of Spontaneous Activity in the Peripheral Structure of Developing Mouse Somatosensory System	神経回路構築研究室 元大学院生 Piu Banerjee
総合研究大学院大学 生命科学研究科 研究科長賞 Study of Spontaneous Activity in the Peripheral Structure of Developing Mouse Somatosensory System	神経回路構築研究室 元大学院生 Piu Banerjee

※所属・肩書は、受賞当時のものです

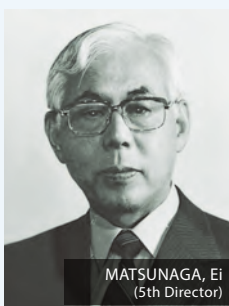
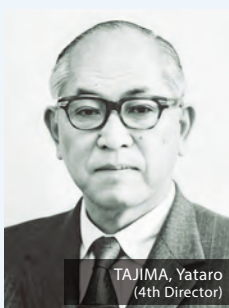
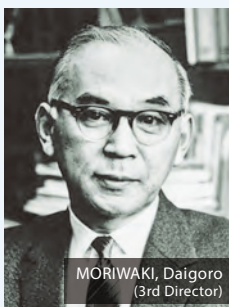
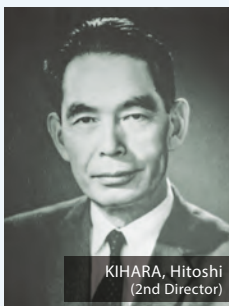
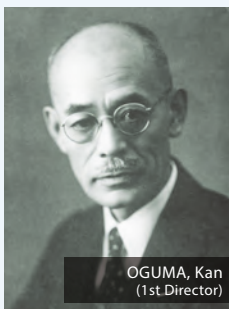
特許出願		
14件		
特許登録 2件	機構内発明者	登録番号
崩壊性単細胞性紅藻の製造方法、及び崩壊性単細胞性紅藻用培地	宮城島進也／廣岡俊亮／藤原崇之	特許第723667号 共願人 DIC株式会社
情報処理システム、情報処理方法、及びプログラム	黒川 顕／東 光一／森 宙史	US11,551,788

Journal Title	# of published	Journal Title	# of published	Journal Title	# of published
Nature	4	Nucleic Acids Res.	3	Biosens. Bioelectron.	1
Science	1	Nature Communications	8	Plant Cell	1
Nature Method	1	Microbiome	1	ISME Journal	1
Gastroenterology	1	Science Advances	2	Current Biology	2
Science Immunology	1	Developmental Cell	1	ACS Appl. Mater. Interfaces	1
Nature Metabolism	1	Microbiol. Mol. Biol. Rev.	1	Cell Reports	5
Molecular Cell	1	PNAS	10	Total # of Published Papers in NIG	173

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）



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

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

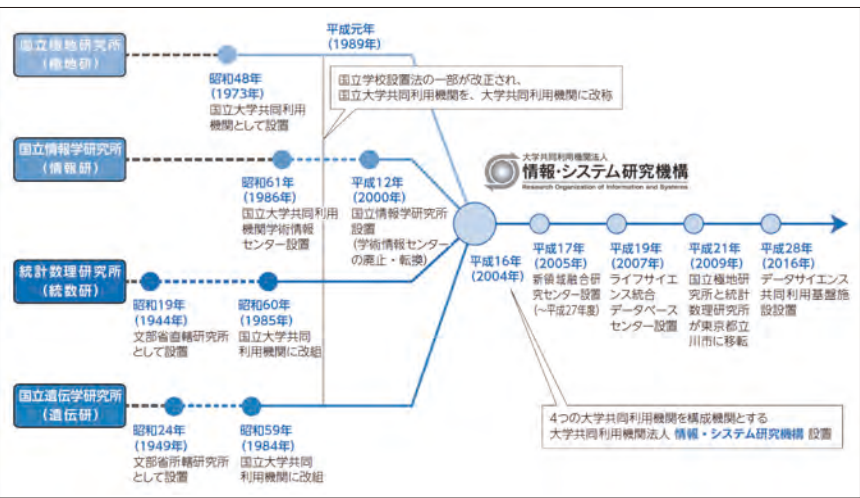
統計数理研究所
The Institute of Statistical Mathematics
〒190-8562 東京都立川市緑町 10-3
<https://www.ism.ac.jp/>

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

■ 機構の理念

情報・システム研究機構は、全国の大学等の研究者コミュニティと連携して、極域科学、情報学、統計数理、遺伝学についての国際水準の総合研究を推進する中核的研究機関を設置運営するとともに、21世紀の重要な課題である生命、地球、自然環境、人間社会など複雑な現象に関する問題を情報とシステムという視点から捉え直すことによって、分野の枠を越えて融合的な研究を行うことを目指しています。この目的を達成するために、中央に融合的な研究を推進するためのセンターを設置し、情報とシステムの観点から新たな研究パラダイムの構築と新分野の開拓を行います。また、学術研究に関わる国内外の大学等の研究機関に対して、研究の機動的効果的展開を支援するための情報基盤を提供することにより、わが国の研究レベルの高度化に貢献していきます。

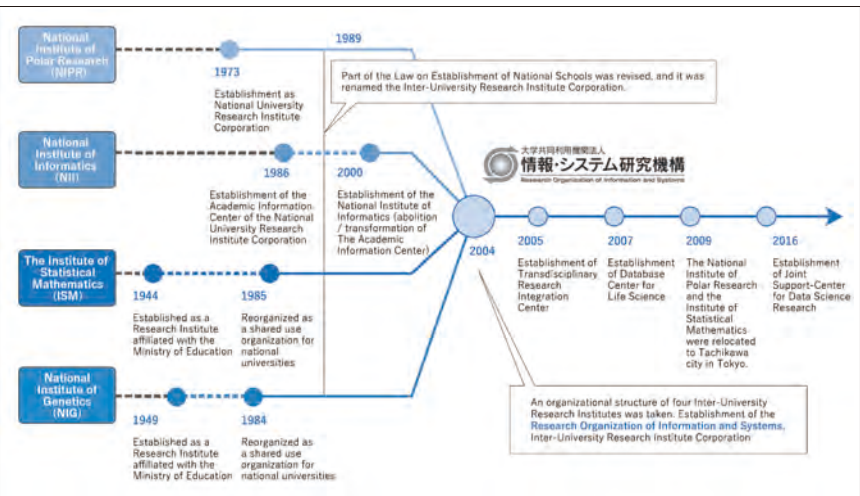
■ 沿革



■ Philosophy of the organization

At the Research Organization of Information and Systems, we collaborate with the research community of universities, etc. across the country, and establish and operate a core research institute promoting comprehensive, international-level research on polar science, information science, statistical mathematics, and genetics. In addition, we aim to conduct integrated research beyond the boundaries of academic fields by addressing problems related to complicated phenomena, such as life, the earth, the natural environment, and human society, which are important issues of the 21st century from the viewpoint of information and systems. In order to achieve this objective, we have set up a center to focus on promoting integrated research, building a new research paradigm from the viewpoint of information and systems, and cultivating new fields. In addition, by providing the infrastructure to support flexible and effective development of research to research institutes of universities and other organizations in Japan and overseas involved in academic research, we contribute to the advancement of research in Japan.

■ History



大学共同利用機関法人
情報・システム研究機構
Research Organization of Information and Systems

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 永田 敬
NAGATA, Takashi 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/>

総合研究大学院大学SOKENDAIは、全国の大学共同利用機関を教育の場として、次世代を担う博士研究者を育成するために設立された大学です。2023年4月には教育組織・教育課程を再編し、先端学術院20コース体制となりました。新たな教育課程は、素粒子・物質・生命・宇宙・情報・歴史・文化の広範な学術領域をカバーする20のコースから成り、学生は自らが専門とする学問分野の基本的な知識と教養を修得しながら、その専門に囚われることなく、主体的に学修・研究活動を行うことができます。

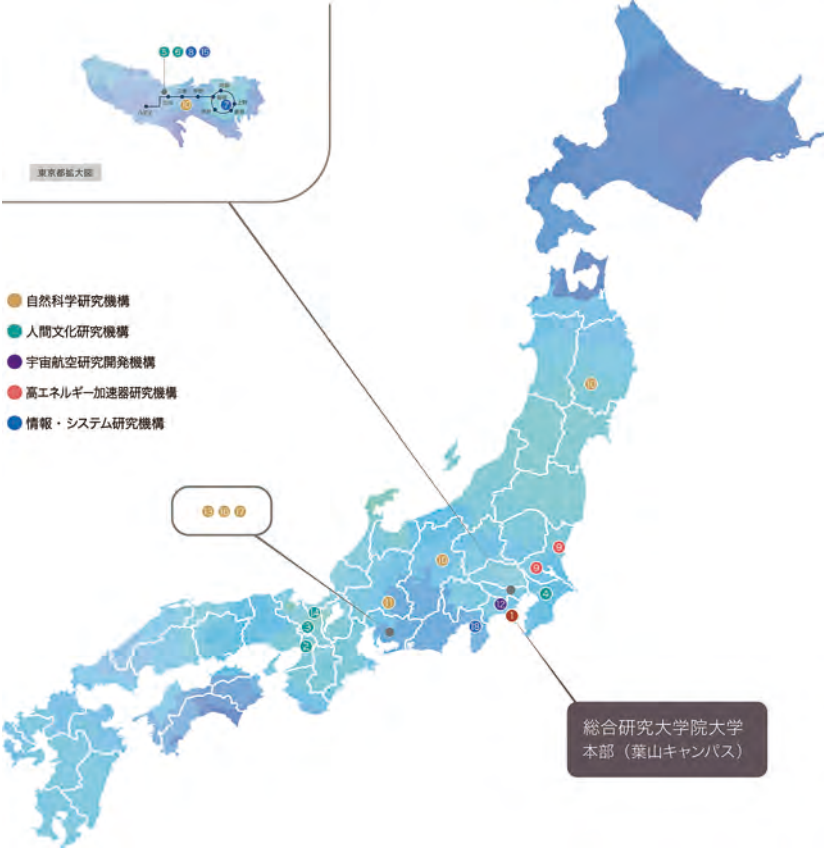
SOKENDAIは、長期的な視点に立って真に人類社会に資する学術のあり方を見据え、社会の知的基盤を支える学術の継承・発展や高度な研究開発の担い手となり、新たな知的価値を生み出すことができる博士人材の育成を目指しています。

The Graduate University for Advanced Studies, SOKENDAI, was established as Inter-University Research Institutes throughout Japan to foster the next generation of doctoral researchers. In April 2023, the educational organization and curriculum were reorganized into the Graduate Institute for Advanced Studies 20-program system. The new curriculum consists of 20 programs covering a wide range of academic fields, including elementary particles, matter, life, space, information, history, and culture. It allows students to study independently and conduct research activities without being bound by their specialty, while acquiring basic knowledge and culture in their own academic field.

SOKENDAI aims to nurture doctoral human resources who can take charge of the succession and development of academics who support the intellectual foundation of society, as well as advanced research and development, and who can create new intellectual values with a view to the ideal form of academia that truly contributes to human society from a long-term perspective.

▶ Inter-University Research Institutes participating in SOKENDAI education

総研大に参加する
大学共同利用機関



先端学術院	総合研究大学院大学が基盤とする研究機関
人間文化研究	2 国立民族学博物館 National Museum of Ethnology
日本学	3 国際日本文化研究センター International Research Center for Japanese Studies
日本歴史研究	4 国立歴史民俗博物館 National Museum of Japanese History
日本文学研究	5 国文学研究資料館 National Institute of Japanese Literature
日本語学	6 国立国語研究所 National Institute of Japanese Language and Linguistics
情報学	7 国立情報学研究所 National Institute of Informatics
統計科学	8 統計数理研究所 The Institute of Statistical Mathematics
素粒子原子核	9 素粒子原子核研究所 Institute of Particle and Nuclear Studies
加速器科学	10 加速器研究施設・共通基盤研究施設 Accelerator Laboratory / Applied Research Laboratory
天文学	11 国立天文台 National Astronomical Observatory
宇宙科学	12 核融合科学研究所 National Institute for Fusion Science
分子科学	13 宇宙科学研究所 Institute of Space and Astronautical Science
物質構造科学	14 分子科学研究所 Institute for Molecular Science
総合地球環境学	15 物質構造科学研究所 Institute of Materials Structure Science
環境科学	16 総合地球環境学研究所 Research Institute for Humanity and Nature
生命科学	17 国立極地研究所 National Institute of Polar Research
遺伝学	18 基礎生物学研究所 National Institute for Basic Biology
統合進化科学	19 生理学研究所 National Institute for Physiological Science
	20 国立遺伝学研究所 National Institute of Genetics
	21 統合進化科学研究センター Research Center for Integrative Evolutionary Sciences



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 2023年度

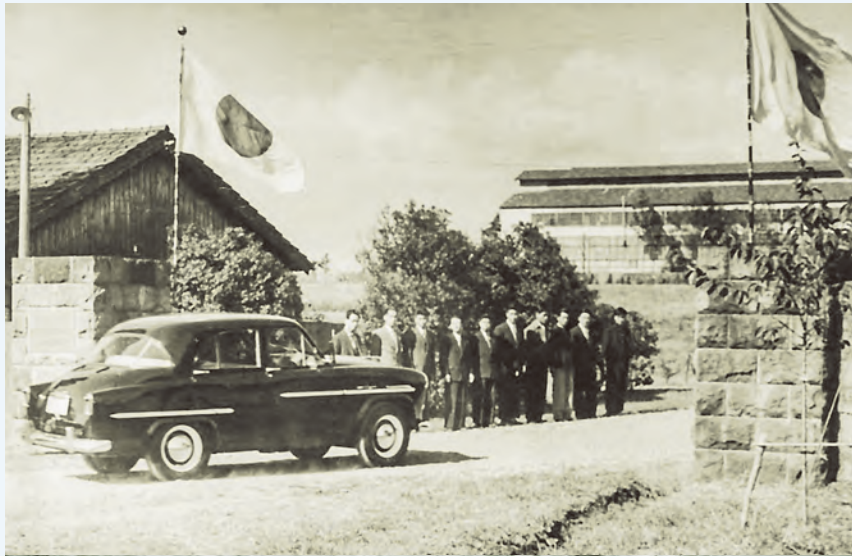
<https://www.nig.ac.jp/>

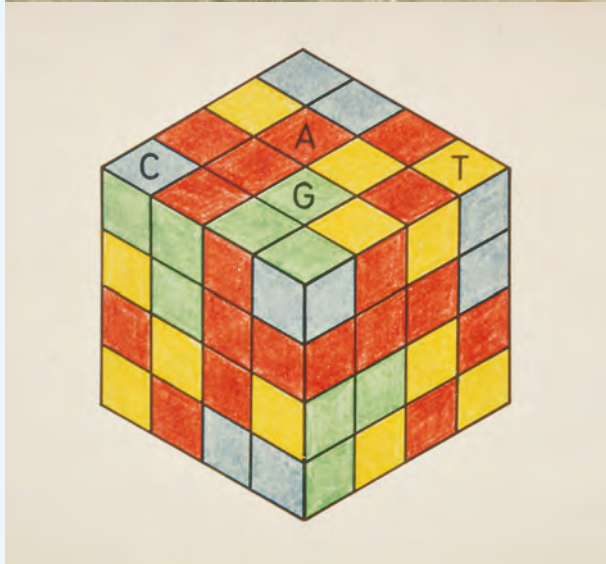
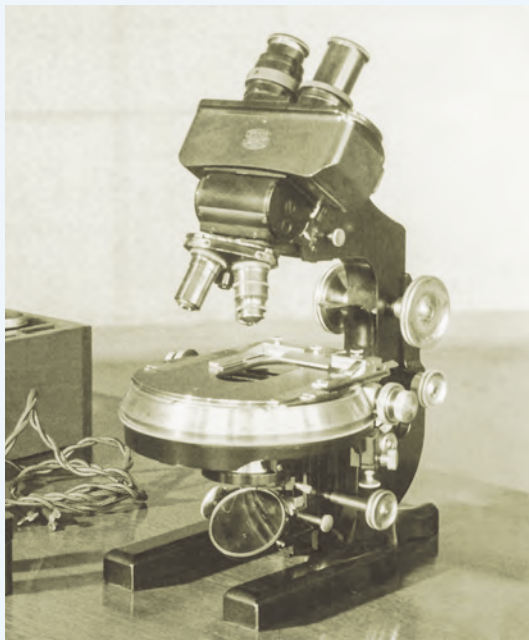
国立遺伝学研究所管理部

〒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





国立遺伝学研究所
創立三十周年記念





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

