

2018 要覧

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構

国立遺伝学研究所

National Institute of Genetics

国立大学法人 総合研究大学院大学

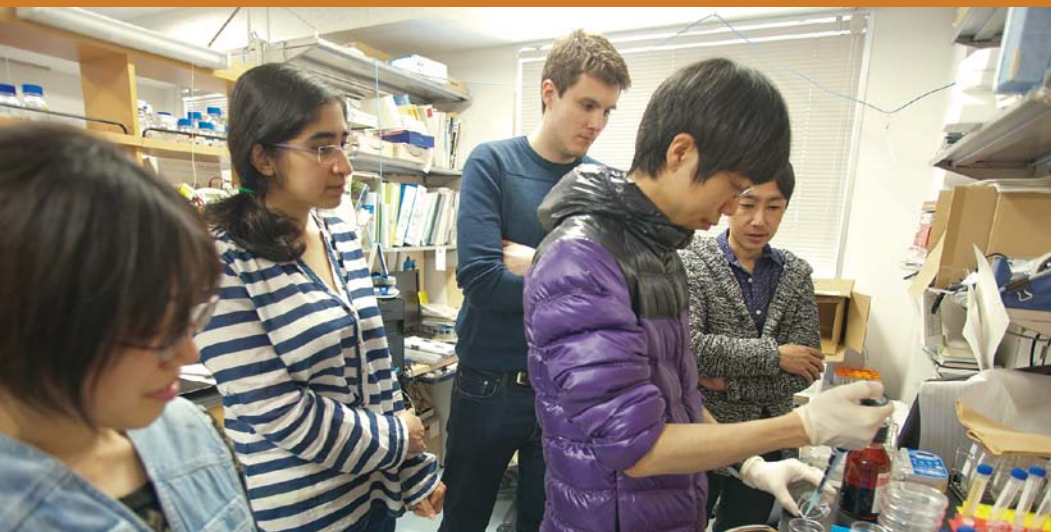
遺伝学専攻

Department of Genetics, SOKENDAI









国立遺伝学研究所は、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).

Message from the Director-General

遺伝学と「遺伝研の役割」

グレゴール・ヨハン・メンデルが修道院の庭でエンドウを交配し「遺伝の単位」を見つけたとき、誰が今日の遺伝学の隆盛を予見したでしょうか。その後、遺伝学は20世紀を通して学問として進歩し続け、ついに生命の究極の秘密に到達しました。それは、「すべての生命活動はDNAの遺伝情報が基盤となる」、すなわち「いのちは、ことばに支えられている」という秘密です。ここから遺伝学の全面的な展開が始まり、現在では生物学全体だけでなく医・薬・農・工など様々な応用科学にまで、遺伝学の果たす役割は広がっています。

国立遺伝学研究所（遺伝研）は、1949年に文部省の研究所として設立され、木村資生博士による分子進化の中立説をはじめ、数多くの研究業績を上げてきました。また、1984年には、大学共同利用機関として、学術コミュニティー全体の研究を促進する役割を引き受け、1988年には、総合研究大学院大学の遺伝学専攻を受け持って、独自の大学院教育を行うようになりました。2004年に法人化されて、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大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構を構成し、情報とシステムという観点から未来の課題にも取り組んでいます。

現在の遺伝研では、約500人の様々な職種の人達が働き、研究、研究基盤整備、教育・人材育成という仕事をしています。研究では36のグループが、大腸菌からヒトまで、分子レベルから生物集団レベルまで、理論から実験まで、遺伝学に関わる幅広い分野で独創的な研究を行い、世界的な評価を受けています。研究基盤整備では、DNAデータベース（DDBJ）、実験生物系統の分与、先端ゲノミクス事業などにより、学術コミュニティーの研究に貢献しています。また、教育・人材育成では、学生当りの教員数の多さを生かした大学院教育を行うとともに、有望な若手研究者が新しい分野を開拓する新分野創造センターを作り、将来を見すえた体制作りも進めてきました。

生物にはまだ多くの謎がありますが、遺伝情報という切り口から攻めることにより着実な成果が期待できます。私たちは、先達の努力を引き継ぎ、世界中の研究者と協力して研究を進め、その成果を人類全体の財産とすることが仕事と考えています。また、一般社会との対話を行いながら、この使命を果たしたいと考えています。

所長 桂 勲

Who could foresee the success of genetics when Gregor Johann Mendel cultivated pea plants in a monastery garden and found the unit of inheritance? After this great event, genetics, namely, the study of inheritance and variation of biological organisms, developed continuously through the 20th century and uncovered the ultimate secret of life: the activity of biological organisms is based on the genetic information of DNA, or life is supported by a simple linear code, i.e., "words". On this basis, genetics has now expanded not only to all fields of basic biology but also to many applied sciences.

The National Institute of Genetics was established at Mishima in 1949, and since has produced many outstanding scientific achievements including the neutral theory of molecular evolution by Motoo Kimura. Continuing the tradition, we are conducting research in many fields of genetics and related fields, ranging from bacteria to humans, from molecules to populations, and from theory to experiments. We consider this diversity of research is essential to the stimulating environment that fosters a community of researchers.

We 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. Science education is also a central part of our activity, and we provide graduate education as the Department of Genetics, SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies). In addition, constant dialog with non-scientists is an important part of our mission.

Genetic approaches remain critical for addressing key issues in the life sciences, and we will continue our commitment to excellence in research, service, and education.

KATSURA, Isao Director-General



Isao Katsura

Contents

目次

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

09 概 要
Outline

14 遺伝研へのアクセス
Access to the Institute

15 遺伝研マップ
Campus Map

遺伝研の研究活動

17 研究活動
Research Activities

53 国際戦略アドバイザー／客員研究部門
International Strategic Advisor / Visiting Faculty

55 産学連携・知的財産室
NIG INNOVATION

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

57 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

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

共同利用・共同研究

60 生物遺伝資源センター
Genetic Resource Center

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

62 DDBJセンター
DDBJ Center

63 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

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

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

70 国際交流
International Activities

72 研究を促進するための活動と行事
Activities and Events for Research Promotion

73 遺伝学電子博物館
Cyber Museum of Genetics

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

遺伝研データ

81 運 営
Management

85 研究教育職員・研究員・学生
Research Staff and Students

89 管理部と技術課職員
Staff of Administration Department and Technical Section

90 沿 革
History

92 2017年に発行された論文一覧
Publications in 2017

95 予 算
Budget

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

96 バイオロジカルシンポジウム
Biological Symposia

98 表彰・受賞歴
Awards and Honors

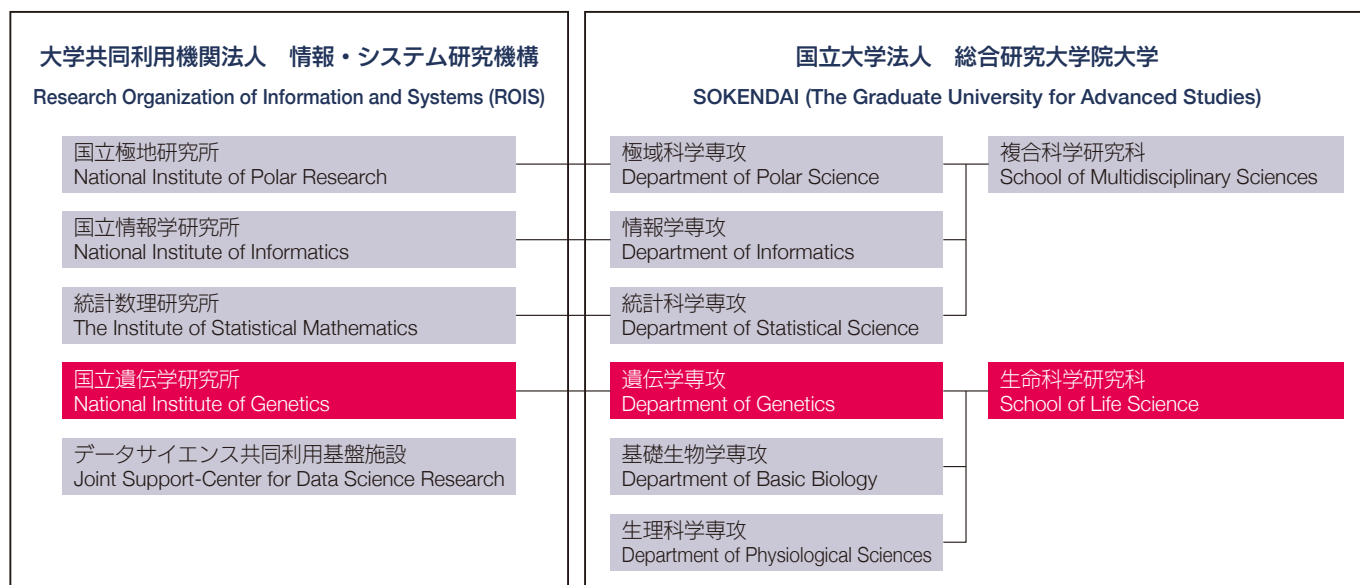
98 知的財産権
Intellectual Property Rights

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

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

Our Mission

遺伝研の活動



Outline of Departments, Research Centers and Experimental Farm

研究系・研究センター等の概要

■ 分子遺伝研究系

染色体の動態について複合的な方法を取り入れ研究を行うとともに、新たな研究手法の開発も行っている。

■ 細胞遺伝研究系

細胞内で観察される遺伝現象を分子レベルで解明することを目指して、生細胞及び無細胞系を用いた研究を行っている。

■ 個体遺伝研究系

ゼブラフィッシュ、マウスなどのモデル生物を用い、発生や行動など動物のさまざまな生命現象における遺伝子や細胞の役割についての研究を行っている。

■ 集団遺伝研究系

生物進化の歴史とその機構を解明する目的で、実験的及び理論的手法を用いて、遺伝子やゲノムのレベルから集団のレベルまで幅広く研究している。

■ 総合遺伝研究系

ヒトの高次表現型のシステム医学、脊椎動物の神経回路形成機構、および植物のエピジェネティック制御に関する総合的な研究を行っている。

■ 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。

■ 系統生物研究センター

独自に開発・収集したマウス、ゼブラフィッシュ、ショウジョウバエ、イネ、原核生物の実験系統など有用な生物遺伝資源に立脚して、特色のある先端的研究を推進している。

■ 構造遺伝学研究センター

分子から多細胞の各レベルで、遺伝学と構造生物学の境界領域で最先端の研究を行うとともに、生体内の構造を観察・解析する様々な手法を開発し、遺伝学に導入している。

■ 生命情報研究センター

生命情報学の拠点として、情報処理技術を駆使して生命現象の解明を目指した発見研究と生命科学の推進のための技術開発を行っている。

■ 実験圃場

植物遺伝資源、特にイネ属遺伝資源の収集、保存、分譲、利活用促進に関連する業務・共同研究を、系統生物研究センターと連携して推進する。

■ 放射線・アイソトープセンター

放射線や放射性同位元素を、研究利用するための共同利用施設である。¹³⁷Csを線源としたガンマー線照射装置を備えている。

□ 生物遺伝資源センター

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

□ 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。

□ DDBJセンター

DDBJ (DNA Data Bank of Japan) は論文や特許で公知にされる塩基配列データを網羅し管理公開する、米国 (NCBI) と欧州 (ENA/EBI) との協力事業である。他の生命系主要データベースや解析ツールと共にスーパーコンピュータを用いて公開している。

□ 情報基盤ユニット

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

□ マウス研究支援ユニット

研究所内のマウスを用いた研究のサポートを目的とし、胚及び精子凍結、マウススクリーニング、トランスジェニック及びノックアウトマウス作製などを行う。また外部の研究機関に対するマウス作製サービスを共同研究として行う。

□ 動物飼育実験施設

所内におけるマウス・ラットなどの実験動物の主要な飼育保管施設として、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。

■ Department of Molecular Genetics

The dynamics of chromosome have been studied using innovative and multi-disciplinary approaches, as well as development of new technology for research.

■ Department of Cell Genetics

Fundamental genetic phenomena are being studied in living cells and in cell-free systems to explain the phenomena observed at the cellular level in molecular terms.

■ Department of Developmental Genetics

We study roles of genes and cells during various biological phenomena of animals including development and behavior by using model organisms, such as zebrafish, and mouse.

■ Department of Population Genetics

We are conducting experimental and theoretical studies on the history and mechanisms of organismal evolution from the gene and genome level to the population level using various organisms, such as human, *Drosophila*, fish, and mouse.

■ Department of Integrated Genetics

By integrating various approaches in genetics, we study systems medicine on complex human traits, neural network formation of vertebrates, and epigenetic controls of plants.

■ Center for Frontier Research

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

■ Genetic Strains Research Center

This center promotes forefront researches of life science based upon unique bioresources of mice, zebrafishes, *Drosophila*, rice and microorganisms, which are developed and collected by this center.

■ Structural Biology Center

This center was founded to perform the pioneering researches in the new area between genetics and structural biology, and to develop new methods and techniques for the area.

■ Center for Information Biology

Develop the technologies and resources to make the massive data available, useful and meaningful for the domain. Also conducts some wet or dry experiments for knowledge discovery.

■ Experimental Farm

The Experimental Farm conducts the collection, conservation and distribution of plant genetic resources, especially the genus *Oryza* resources, and supports resource users in cooperation with Genetic Strains Research Center.

■ Radioisotope Center

The Radioisotope Center has facilities for biochemical experiments using radioactive tracers. Irradiation treatment of ¹³⁷Cs is also available.

□ Genetic Resource Center

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

□ Advanced Genomics Center

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

□ DDBJ Center

DDBJ (DNA Data Bank of Japan) is a member of the international collaboration with NCBI (USA) and ENA/EBI (Europe) that releases a whole catalogue of identified DNA sequences. DDBJ is hosted by a supercomputer that also provides powerful analytical tools and other databases.

□ Information and Technology 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.

□ Mouse Research Supporting Unit

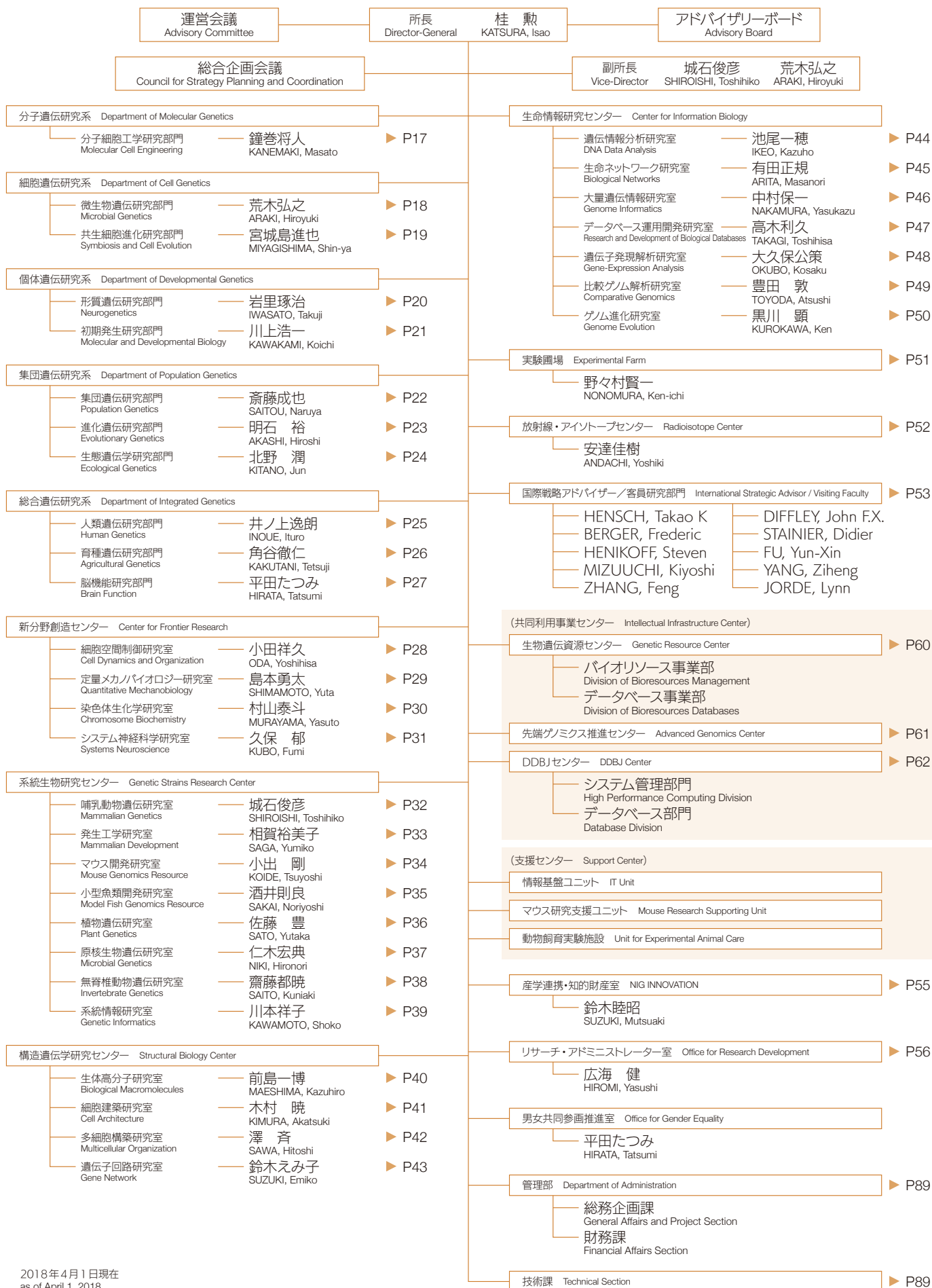
To facilitate mouse research in NIG, the unit offer service such as embryo freezing, in vitro fertilization and transgenic mouse production. We also support other academic institutes as collaborative research.

□ 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.

Organization

組織



2018年4月1日現在
as of April 1, 2018

Cutting-edge Research : A Core Institute for Life Sciences

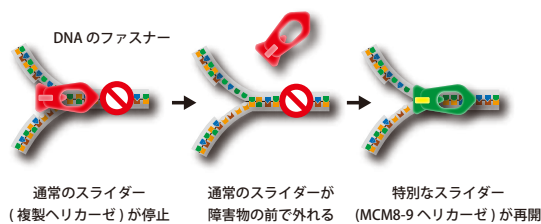
遺伝学の中核拠点としての先端研究活動

生命はゲノムに書き込まれた遺伝情報と内外環境との相互作用で作られ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



スライダーがDNAのファスナーから外れる事があるが、細胞は特別なスライダーを用いてコピーを再開する。

Although the slider protein occasionally falls off, cells can restore the DNA zipper by using a special slider protein.

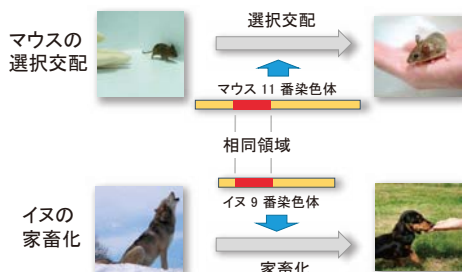
DNA複製の失敗に対するバックアップ機構

DNAを複製する際には、二本鎖DNAを開く必要があります。これは「スライダー」により服のファスナーを開く様子に似ていますが、細胞内ではスライダータンパク質が外れてしまい、複製に失敗する事があります。鐘巻教授と夏目助教は、通常のスライダーを人為破壊して「特別なスライダー」によるバックアップ機構が存在することを発見しました。

A new backup system against failure in DNA replication

Double-stranded DNA is unwound for DNA replication. This process is similar to open a cloth zipper by a 'slider'. Occasionally, the slider protein falls off from DNA, leading to failure in DNA replication. The group of Drs. Kanemaki and Natsume revealed a new backup system involving a special slider protein.

Natsume, T., Nishimura, K., Minocherhomji, S., Bhowmick, R., Hickson, I. D., and Kanemaki, M. T. (2017). Acute inactivation of the replicative helicase in human cells triggers MCM8-9-dependent DNA synthesis. *Genes Dev* 31, 816-829.



ヒトになつくマウスに関わる遺伝領域がイヌの家畜化に関わる領域と関連していることが分かりました。

Genetic loci related to tameness in mouse are syntenic to the genomic regions which were selected during dog domestication.

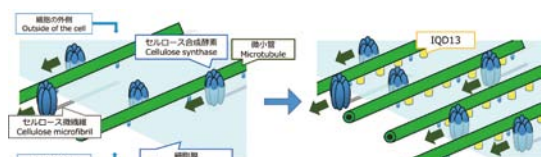
ヒトになつくマウスの遺伝のしくみを解明

イヌをはじめとした家畜動物の多くは、たとえ飼いられていなくてもあまり逃げることはなく、むしろ人に近づいてくるものさえいます。これまで、動物が自ら人に近づく行動のしくみは分かっていませんでしたが、今回小出准教授らは、野生由来マウス集団からヒトになつくマウスを新たに作出して、その遺伝的しくみを解明しました。

Characterization of genetic basis for tameness in mice

Domesticated animals including dogs exhibit high level of approaching to humans. However, the mechanism underlying the high level of approaching behavior remained to be clarified. We identified genetic loci related to the approaching behavior by using mouse stocks which were established by selective breeding for tameness from wild stock of mice.

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



IQD13を発現しない細胞 (左) と発現している細胞 (右) の表面。IQD13が微小管を増加させる。

Microtubules and cellulose synthesis in the absence (left) and presence (right) of IQD13.

植物におけるセルロース合成の制御機構

紙や綿、木材の主成分であるセルロースは植物細胞の表面で合成され、細胞壁として蓄積します。小田准教授らは新規のタンパク質 IQD13 がセルロース合成の足場として働く微小管を増加させ、道管の細胞において細胞壁の沈着パターンを制御していることを明らかにしました。

Regulatory mechanism of cellulose synthesis in plants

Cellulose, a major component of paper, cotton, and wood, is synthesized at the surface of plant cells. Oda group revealed that a novel protein, IQD13, stabilizes and amplifies the scaffold for cellulose synthesis, microtubules, thereby regulates deposition pattern of cellulose in xylem vessel cells.

Sugiyama, Y., Wakazaki, M., Toyooka, K., Fukuda, H., and Oda, Y. (2017). A novel plasma membrane-anchored protein regulates xylem cell-wall deposition through microtubule-dependent lateral inhibition of Rho GTPase domains. *Curr Biol* 27, 2522-2528.

Intellectual Infrastructure Supporting Life Sciences

生命科学を支える共同利用

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

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



生物遺伝資源（バイオリソース）事業

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

BioResource Project

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



先端ゲノミクス推進事業

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

Advanced Genomics Project

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



DDBJ（日本DNAデータバンク）事業

DDBJセンターは、NCBI（米）、ENA/EBI（欧）との協力の下で国際塩基配列データベース（INSD）ならびに次世代シーケンサー出力データアーカイブを運営しています。INSDには、日・米・欧・韓国特許データも登録されています。また、科学技術振興機構（JST）と共同で、ヒトに関する研究データ共有のための制限公開データ用データベース（JGA）も運用しています。

また、データベース構築と研究者への計算機資源の提供を目的として、スーパーコンピュータシステムの運用を行っています。

DDBJ Project

DDBJ Center maintains International Nucleotide Sequence Database (INSD) and Sequence Read Archive under collaboration with NCBI in US and ENA/EBI in Europe. INSD also includes Japan, US, European, and Korean patent data by the collaboration of Japan, US, European patent offices and KOBIC in Korea. Additionally, collaborating with JST, DDBJ center maintains a controlled access database, Japanese Genotype-phenotype Archive (JGA).

Moreover, DDBJ operates NIG supercomputer system for the construction of databases and provision of computational resources to researchers.

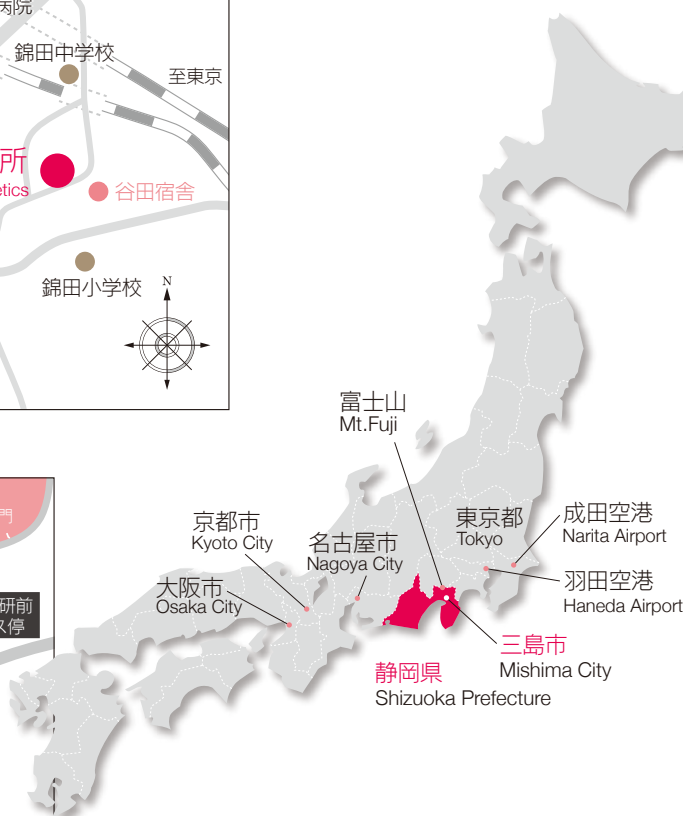
Access to the Institute

遺伝研へのアクセス

遺伝研周辺地図

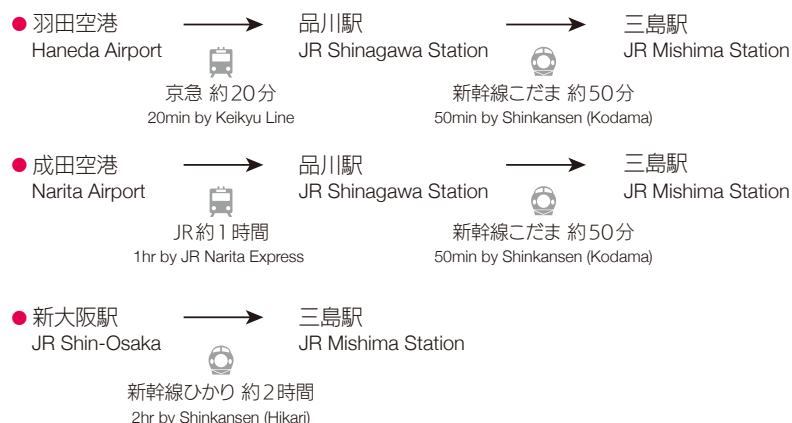


遺伝研詳細地図



三島駅までのアクセス

How to get to JR Mishima Station



三島駅から遺伝研までのアクセス

Access from JR Mishima Station to NIG

三島駅からの距離 約4km

About 4km from JR Mishima Station

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

Campus Map

遺伝研マップ



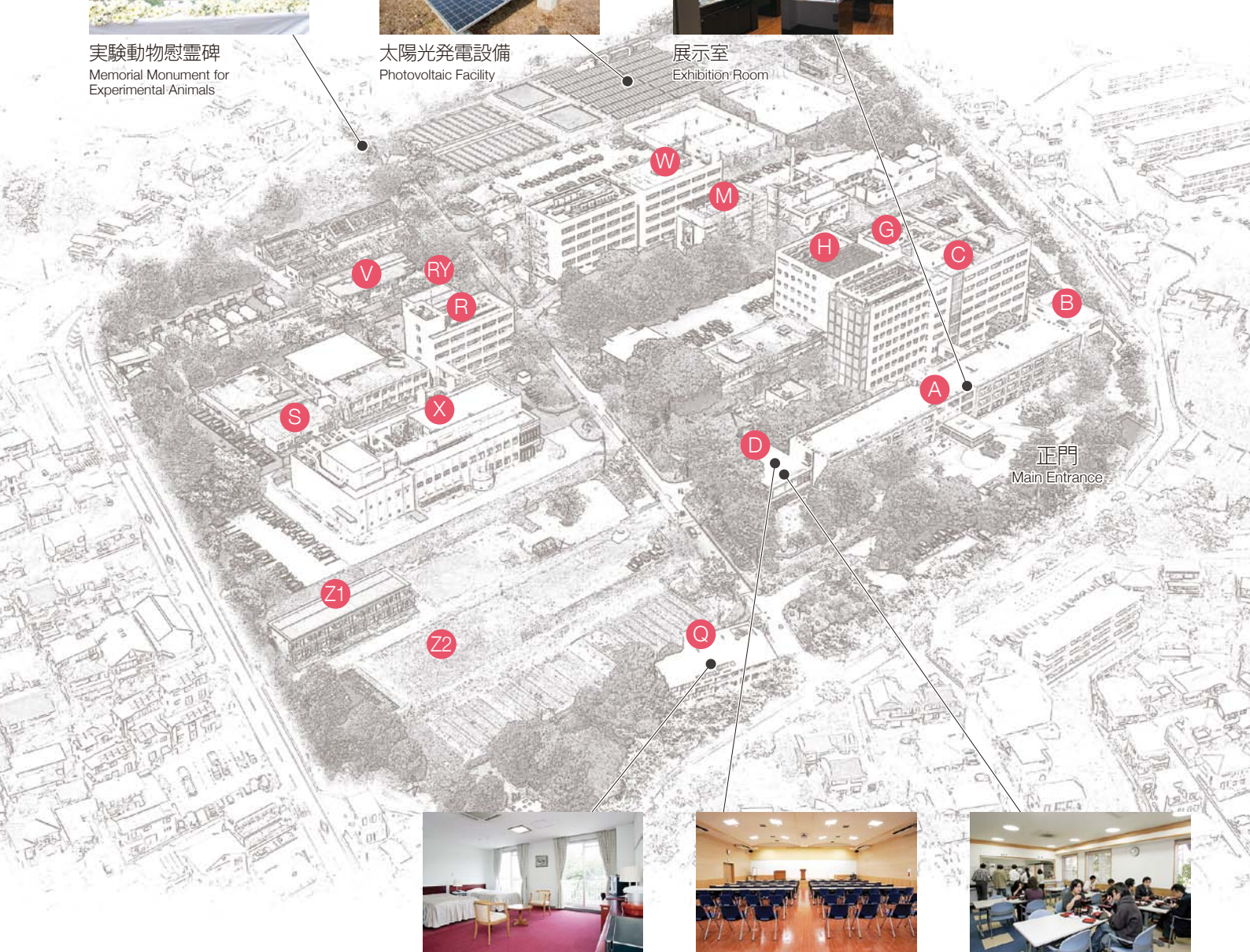
実験動物慰霊碑
Memorial Monument for
Experimental Animals



太陽光発電設備
Photovoltaic Facility



展示室
Exhibition Room



研究員宿泊施設
Guest House



講堂
Lecture Hall



食堂
Cafeteria

A 本館
Main Building

B 図書館
Library

C 研究実験棟
Laboratory Building

D 講堂棟
Lecture Hall

G 構造遺伝学研究センター
Structural Biology Center

H RI実験棟
Radioisotope Laboratory

M 電子計算機棟
Computer Building

Q 研究員宿泊施設
Guest House

R 系統生物研究センター
Genetic Strains Research Center

RY 系統生物附属プレハブ棟
Genetic Strains Research Center Annex

S 系統生物西附属棟
Genetic Strains Research Center West Building

V 実験圃場管理施設
Administration Building for Experimental Farm

W 生命情報研究センター
Center for Information Biology

X 動物飼育実験棟
Animal Research Building

Z1 所内宿舎 1号棟
Official Housing I

Z2 所内宿舎 2号棟
Official Housing II

研究所の敷地と建物

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

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

建築面積 16,912㎡
Building Area

建物延面積 41,816㎡
(Total Floor Space)

(2018年4月1日現在)

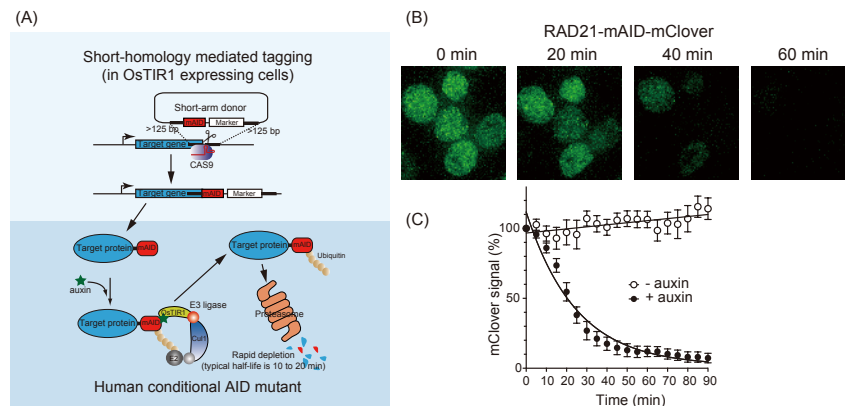
Research Activities

遺伝研の研究活動



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

ヒト細胞における新たな遺伝学を用いたDNAトランスアクションの解析



オーキシンドグロン (AID) 技術

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

The auxin-inducible degron (AID) technology

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

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

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

Selected Publications

Natsume, T., Nishimura, K., Minocherhomji, S., Bhowmick, R., Hickson, I. D., and Kanemaki, M. T. (2017). Acute inactivation of the replicative helicase in human cells triggers MCM8-9-dependent DNA synthesis. *Genes Dev* 31, 816-829.

Natsume, T., and Kanemaki, M. T. (2017). Conditional degrons for controlling protein expression at the protein level. *Annu Rev Genet* 51, 83-102.

Natsume, T., Kiyomitsu, T., Saga, Y., and Kanemaki, M. T. (2016). Rapid protein depletion in human cells by auxin-inducible degron tagging with short homology donors. *Cell Reports* 15, 210-218.

Division of Molecular Cell Engineering 分子細胞工学研究部門

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

Kanemaki Group 鐘巻研究室



KANEMAKI, Masato
Professor
鐘巻将人 教授

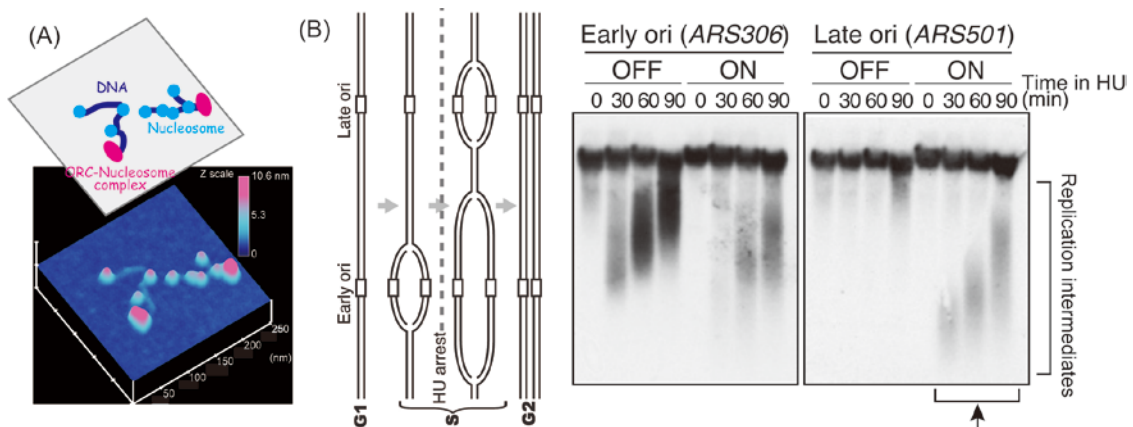


NATSUME, Toyaki
Assistant Professor
夏目豊彰 助教



Molecular mechanism of eukaryotic DNA replication in the cell cycle

真核生物染色体のDNA複製機構とその細胞周期による調節



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

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

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

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

Selected Publications

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

Hizume, K., Kominami, H., Kobayashi, K., Yamada, H. and Araki, H. (2017). Flexible DNA path in the MCM double hexamer loaded on DNA. Biochemistry 56, 2435-2445.

Itou, H., Shirakihara, Y., and Araki, H. (2015). The quaternary structure of the eukaryotic DNA replication proteins Sld7 and Sld3. Acta Crystallogr D Biol Crystallogr 71, 1649-1656.

Division of Microbial Genetics 微生物遺伝研究部門

Araki Group 荒木研究室



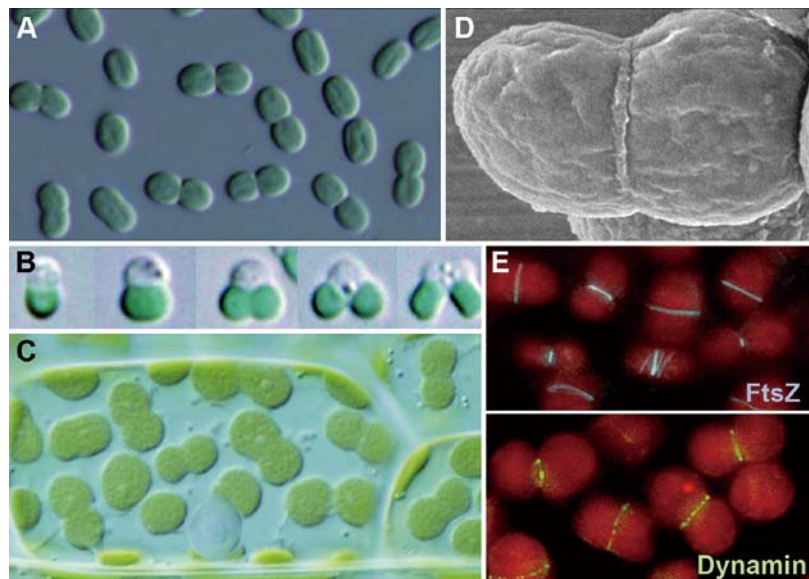
ARAKI, Hiroyuki
Professor
荒木弘之 教授

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



Evolutionary integration of two independent organisms by endosymbioses

細胞内共生による異種細胞の統合機構の解明



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

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

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

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

Selected Publications

Hirooka, S., Hirose, Y., Kanesaki, Y., Higuchi, S., Fujiwara, T., Onuma, R., Era, A., Ohbayashi, R., Uzuka, A., Nozaki, H., Yoshikawa, H., and Miyagishima, S. (2017). Acidophilic green algal genome provides insights into adaptation to an acidic environment. *Proc Natl Acad Sci USA* 114, 8304-8313.

Sumiya, N., Fujiwara, T., Era, A., and Miyagishima, S. (2016). Chloroplast division checkpoint in eukaryotic algae. *Proc Natl Acad Sci USA* 113, 7629-7638.

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

Division of Symbiosis and Cell Evolution 共生細胞進化研究部門

Miyagishima Group 宮城島研究室



MIYAGISHIMA, Shin-ya
Professor
宮城島進也 教授



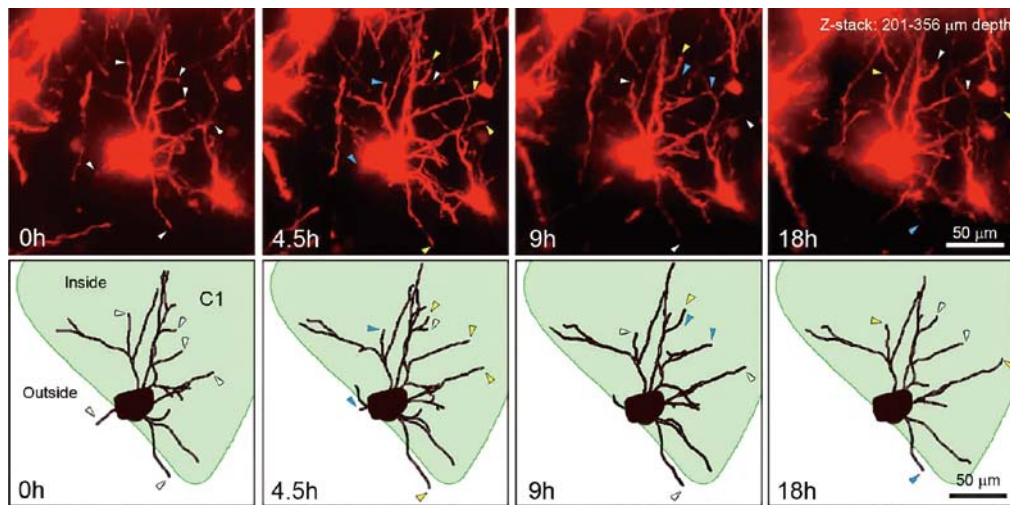
FUJIWARA, Takayuki
Assistant Professor
藤原崇之 助教

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



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



新生児の脳の中で神経回路が発達する過程を、二光子顕微鏡を用いて直接観察することに成功した。マウス大脳皮質の中の単一の神経細胞を明るく蛍光標識（赤色）し、生後5日目、4.5、9、18時間後の時点でイメージングしたところ、樹状突起の枝が激しく伸縮しながら、正しい結合相手の軸索（緑色）に向かって広がっていく様子が観察された。

A process of neuronal circuit development in the neonatal brain was observed using two-photon microscopy. Dendrites of cortical neurons (red) were highly motile and expanded towards proper presynaptic targets (thalamocortical axons: green). Images of a single neuron in the mouse somatosensory cortex at 0h, 4.5h, 9h and 18h after postnatal day 5 are shown.

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

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

Selected Publications

Mizuno, H., Ikezoe, K., Nakazawa, S., Sato, T., Kitamura, K., and Iwasato, T. (2018). Patchwork-Type Spontaneous Activity in Neonatal Barrel Cortex Layer 4 Transmitted via Thalamocortical Projections. *Cell Rep* 22, 123-135.

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

Mizuno, H., Luo, W., Tarusawa, E., Saito, Y. M., Sato, T., Yoshimura, Y., Itohara, S., and Iwasato, T. (2014). NMDAR-regulated dynamics of layer 4 neuronal dendrites during thalamocortical reorganization in neonates. *Neuron* 82, 365-379.

Division of Neurogenetics 形質遺伝研究部門

Iwasato Group 岩里研究室



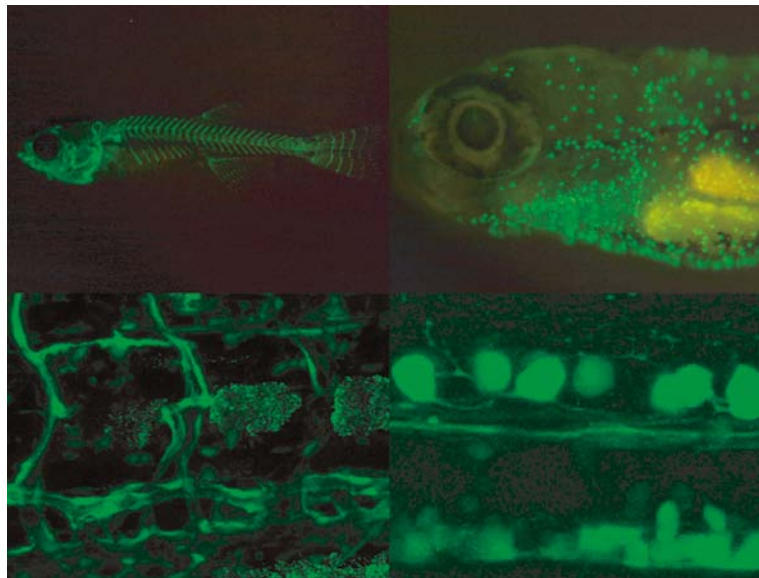
IWASATO, Takuji
Professor
岩里琢治 教授

<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



遺伝子トラップ・エンハンサートラップ法による細胞・組織・器官特異的GFP発現。(左上) 骨格、(右上) 表皮上の細胞、(左下) 血管、(右下) 感覚神経。

GFP expression in specific cells, tissues and organs by gene trapping and enhancer trapping. (upper, left) skeleton, (upper, right) cells on the skin, (lower, left) blood vessels, (lower, right) sensory neurons.

私たちはゼブラフィッシュを用いて、世界で初めて高効率なトランスポゾン転移システムを開発し、それを用いて、遺伝子導入動物作製法、遺伝子ノックアウト法、Gal4-UAS法を開発してきました。これらの方法を駆使して世界最大規模のトランスジェニックフィッシュリソースを構築し、特定の細胞や器官の可視化や機能操作を実現させました。これらの研究リソースを基に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、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の解明を目指しています。

We developed the highly efficient transposon transposition system in zebrafish, and developed powerful genetic methods, including the transgenesis, gene trap, enhancer trap, 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 for the applications in developmental biology and neuroscience. We are studying the structure and function of specific neuronal circuits that regulate locomotion, learning and memory. Also, we visualize neuronal activity during behavior by calcium imaging to identify functional neuronal circuits.

Selected Publications

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

Kawakami, K., Asakawa, K., Hibi, M., Itoh, M., Muto, A., and Wada, H. (2016). Gal4 driver transgenic zebrafish: powerful tools to study developmental biology, organogenesis, and neuroscience. *Adv Genet* 95, 65-87.

Kawakami, K., Largaespada, D. A., and Ivics, Z. (2017). Transposons as tools for functional genomics in vertebrate models. *Trends Genet* 33, 784-801.

Division of Molecular and Developmental Biology 初期発生研究部門

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

Kawakami Group 川上研究室



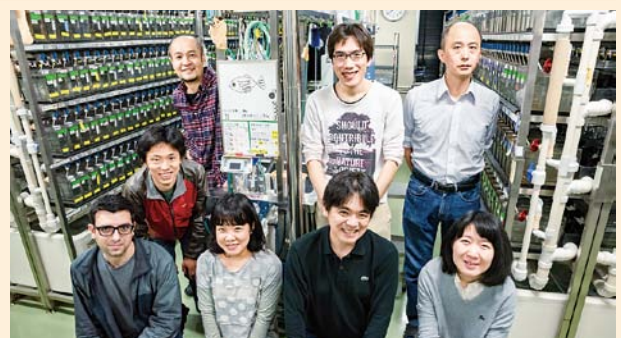
KAWAKAMI, Koichi
川上浩一 教授



ASAKAWA, Kazuhide
Assistant Professor
浅川和秀 助教

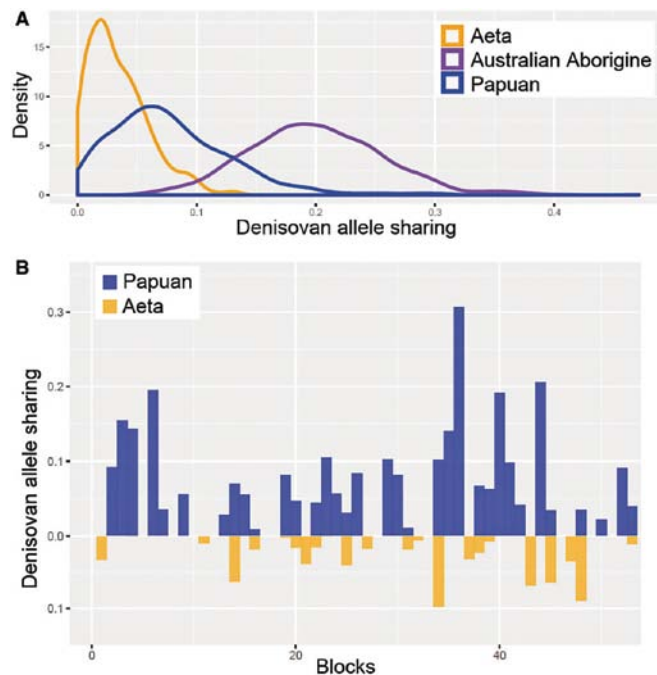


MUTO, Akira
Assistant Professor
武藤 彩 助教



Genome evolution of organisms with special reference to human

ヒトを中心とした生物のゲノム進化



デニソワ人ゲノムから現代人への遺伝子移行パターン。
Jinam et al. (2017) より。

Patterns of gene introgression from Denisovan to modern humans. From Jinam et al. (2017).

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

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

Selected Publications

Jinam, T. A., Phipps, M. E., Aghakhanian, F., Majumder, P. P., Datar, F., Stoneking, M., Sawai, H., Nishida, N., Tokunaga, K., Kawamura, S., Omoto, K., and Saitou, N. (2017). Discerning the origins of the Negritos, First Sundaland People: deep divergence and archaic admixture. *Genome Biol Evol* 9, 2013–2022.

Saber, M. M., and Saitou, N. (2017). Silencing effect of Hominoid highly conserved noncoding sequences on embryonic brain development. *Genome Biol Evol* 9, 2122–2133.

Saitou, N. and Jinam, T. A. (2017). Language diversity of the Japanese Archipelago and its relationship with human DNA diversity. *Man in India* 95, 205–228.

Division of Population Genetics 集団遺伝研究部門

Saitou Group 斎藤研究室



SAITOU, Naruya
Professor
斎藤成也 教授



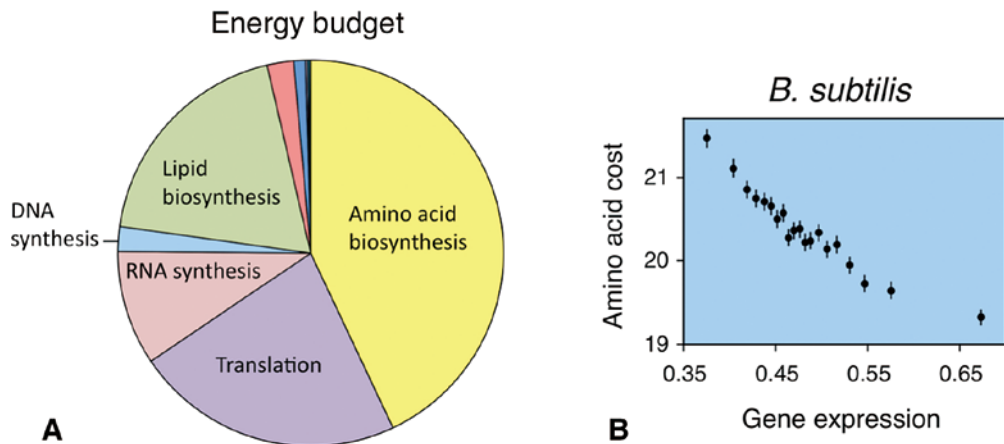
JINAM, Timothy A.
Assistant Professor
ジナム ティモシー A. 助教

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



Population genetics and genome evolution

集団遺伝とゲノム進化



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

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

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

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

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

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

Selected Publications

Matsumoto, T., John, A., Baeza-Centurion, P., Li, B., and Akashi, H. (2016). Codon usage selection can bias estimation of the fraction of adaptive amino acid fixations. *Mol Biol Evol* 33, 1580-1589.

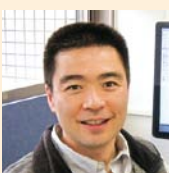
Matsumoto, T., Akashi, H., and Yang, Z. (2015). Evaluation of ancestral sequence reconstruction methods to infer nonstationary patterns of nucleotide substitution. *Genetics* 200, 873-890.

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

Division of Evolutionary Genetics 進化遺伝研究部門

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

Akashi Group 明石研究室



AKASHI, Hiroshi
Professor
明石 裕 教授



MATSUMOTO, Tomotaka
Assistant Professor
松本知高 助教



Genetics of adaptive radiation

適応放散の遺伝機構



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

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

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

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

Selected Publications

Matsumoto, T., Yoshida, K., and Kitano, J. (2017). Contribution of gene flow to the evolution of recombination suppression in sex chromosomes. *J Theor Biol* 431, 25-31.

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

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

Division of Ecological Genetics 生態遺伝学研究部門

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

Kitano Group 北野研究室



KITANO, Jun
Professor
北野 潤 教授

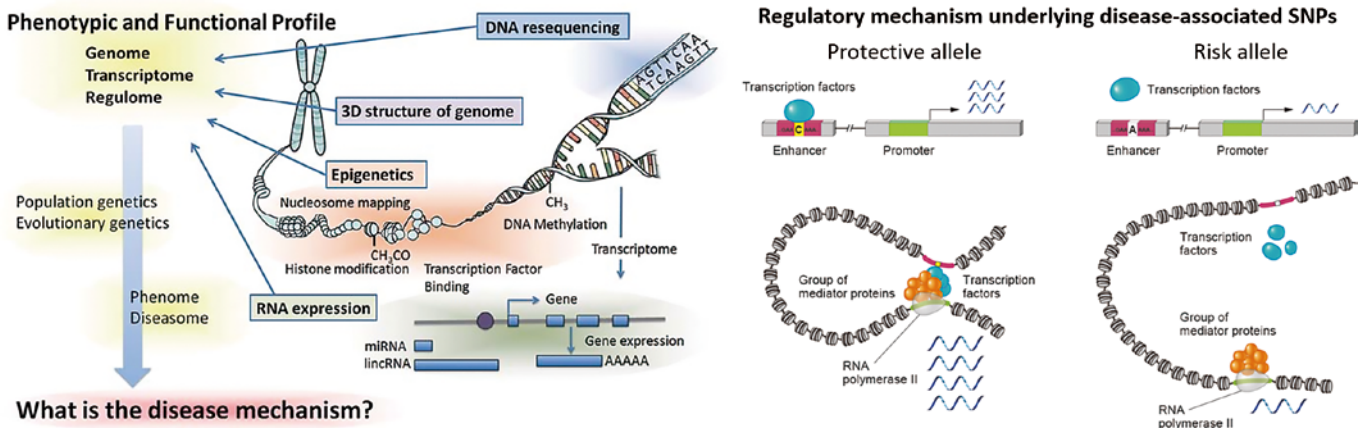


ISHIKAWA, Asano
Assistant Professor
石川麻乃 助教



Genomic medicine with next generation sequencing technology

次世代シーケンサーを駆使したゲノム医学研究



What is the disease mechanism?

疾患メカニズムの解明にはゲノム配列だけでなく、遺伝子を含む全ての転写産物とそれらを制御する領域および因子を合わせて理解する必要があります。次世代シーケンサーを使ったこれらの解析により、疾患メカニズムを明らかにすることを目指しています。

The basic unit of heredity as disease causality might well be the regulatory region and not only the gene. The integrated functional properties based on a Next generation sequencer will open the way to understand the disease mechanisms.

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

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

Selected Publications

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

Romero, V., Hosomichi, K., Nakaoka, H., Shibata, H., and Inoue, I. (2017). Structure and evolution of the filaggrin gene repeated region in primates. *BMC Evol Biol* 17, 10.

Nakaoka, H., Gurumurthy, A., Hayano, T., Ahmadloo, S., Omer, W. H., Yoshihara, K., Yamamoto, A., Kurose, K., Enomoto, T., Akira, S., Hosomichi, K., and Inoue, I. (2016). Allelic imbalance in regulation of ANRIL through chromatin interaction at 9p21 endometriosis risk locus. *PLoS Genet* 12, e1005893.

Division of Human Genetics 人類遺伝研究部門

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

Inoue Group 井ノ上研究室



INOUE, Ituro
Professor
井ノ上逸朗 教授

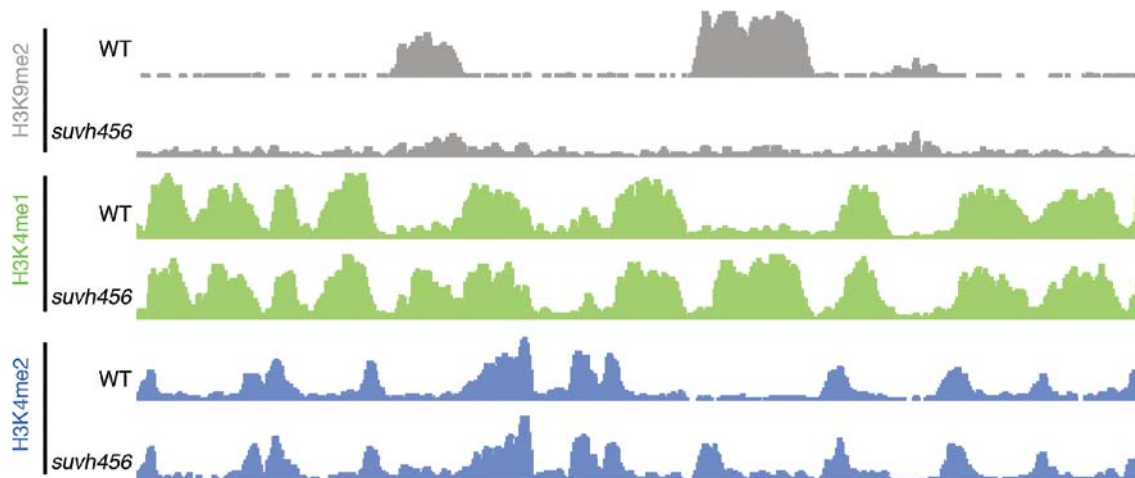


NAKAOKA, Hirofumi
Assistant Professor
中岡博史 助教



Genetics of epigenetics

エピジェネティクスの遺伝学



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

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

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

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

Selected Publications

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

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

Fu, Y., Kawabe, A., Etcheverry, M., Ito, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Colot, V., Tarutani, Y., and Kakutani, T. (2013). Mobilization of a plant transposon by expression of the transposon-encoded anti-silencing factor. *EMBO J* 32, 2407-2417.

Division of Agricultural Genetics 育種遺伝研究部門

Kakutani Group 角谷研究室



KAKUTANI, Tetsuji
Professor
角谷徹仁 教授



TARUTANI, Yoshiaki
Assistant Professor
樽谷芳明 助教



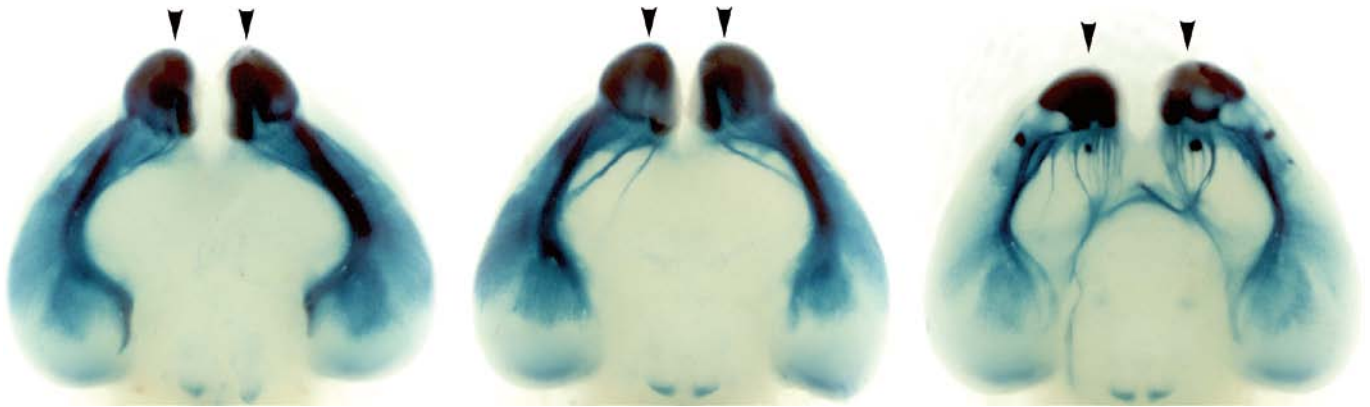
INAGAKI, Soichi
Assistant Professor
稲垣宗一 助教



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

Approaching brain function through studying development of nervous systems

神経発生から眺める脳機能



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

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

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

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

Selected Publications

Yamauchi, K., Yamazaki, M., Abe, M., Sakimura, K., Lickert, H., Kawasaki, T., Murakami, F., and Hirata, T. (2017). Netrin-1 derived from the ventricular zone, but not the floor plate, directs hindbrain commissural axons to the ventral midline. *Sci Rep* 7, 11992.

Zhu, Y., Matsumoto, T., Nagasawa, T., Mackay, F., and Murakami, F. (2015). Chemokine signaling controls integrity of radial glial scaffold in developing spinal cord and consequential proper position of boundary cap cells. *J Neurosci* 35, 9211-9224.

Mita, S., de Monasterio-Schrader, P., Fünfschilling, U., Kawasaki, T., Mizuno, H., Iwasato, T., Nave, K. A., Werner, H. B., and Hirata, T. (2015). Transcallosal projections require glycoprotein M6-Dependent neurite growth and guidance. *Cereb Cortex* 25, 4111-4125.

Division of Brain Function 脳機能研究部門

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

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



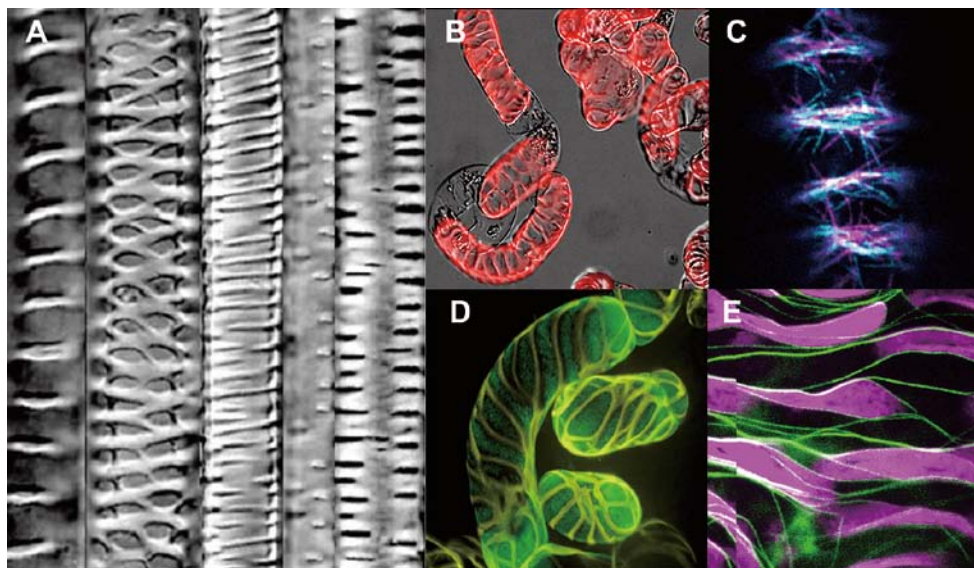
ZHU, Yan
Assistant Professor

トウー ヤン 助教



Molecular basis of plant cell morphogenesis

植物細胞の形態形成：空間を制御する分子システムの理解



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

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

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

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

Selected Publications

Sasaki, T., Fukuda, H., and Oda, Y. (2017). CORTICAL MICROTUBULE DISORDERING1 is required for secondary cell wall patterning in xylem vessels. *Plant Cell* 29, 3123-3139.

Sugiyama, Y., Wakazaki, M., Toyooka, K., Fukuda, H., and Oda, Y. (2017). A novel plasma membrane-anchored protein regulates xylem cell-wall deposition through microtubule-dependent lateral inhibition of Rho GTPase domains. *Curr Biol* 27, 2522-2528.

Oda, Y., Iida, Y., Nagashima, Y., Sugiyama, Y., and Fukuda, H. (2015). Novel coiled-coil proteins regulate exocyst association with cortical microtubules in xylem cells via the Conserved Oligomeric Golgi-complex 2 protein. *Plant Cell Physiol* 56, 277-286.

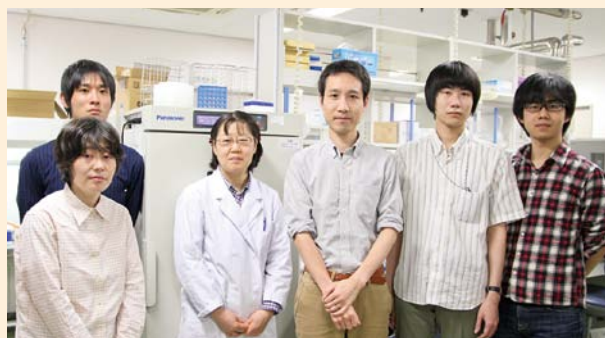
Cell Dynamics and Organization Laboratory 細胞空間制御研究室

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

Oda Group 小田研究室

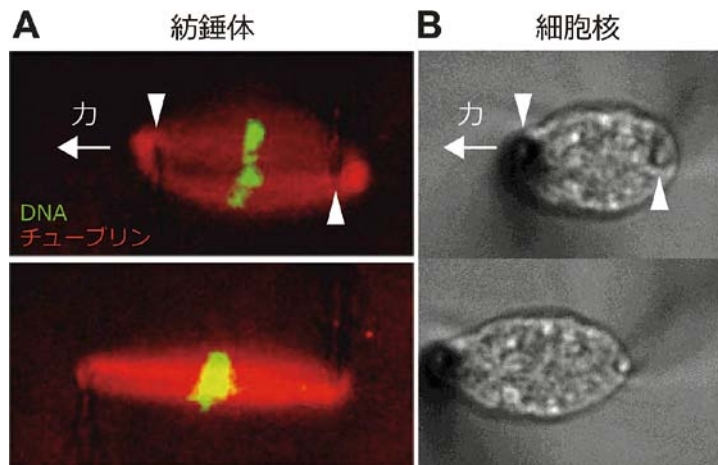


ODA, Yoshihisa
Associate Professor
小田祥久 准教授



Cellular mechanochemistry regulating eukaryotic chromosome dynamics

真核生物の染色体動態を制御する細胞のメカノケミストリー



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

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

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

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

Selected Publications

Tagaki, J., and Shimamoto, Y. (2017). High-quality frozen extracts of *Xenopus laevis* eggs reveal size-dependent control of metaphase spindle micromechanics. *Mol Biol Cell* 28, 2170-2177.

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

Shimamoto, Y., Maeda, Y. T., Ishiwata, S., Libchaber, A. J., and Kapoor, T. M. (2011). Insights into the micromechanical properties of the metaphase spindle. *Cell* 145, 1062-1074.

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

Shimamoto Group 島本研究室



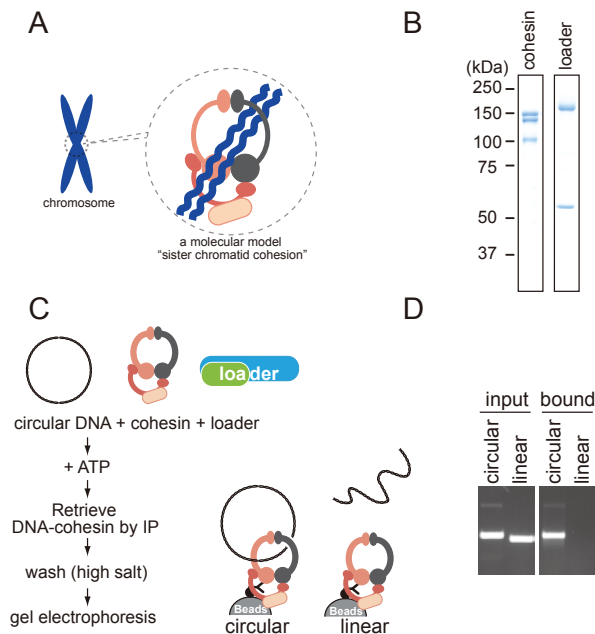
SHIMAMOTO, Yuta
Associate Professor
島本勇太 准教授

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



Revealing molecular function of SMC complexes in chromosome structural control

SMC 複合体による染色体構造形成機構の解明



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

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

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

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

Selected Publications

Murayama, Y., Samora, C. P., Kurokawa, Y., Iwasaki, H., and Uhlmann, F. (2018). Establishment of DNA-DNA interactions by the cohesin ring. *Cell* 172, 465-477.

Murayama, Y., and Uhlmann, F. (2015). DNA entry into and exit out of the cohesin ring by an interlocking gate mechanism. *Cell* 163, 1628-1640.

Murayama, Y., and Uhlmann, F. (2014). Biochemical reconstitution of topological DNA binding by the cohesin ring. *Nature* 505, 367-371.

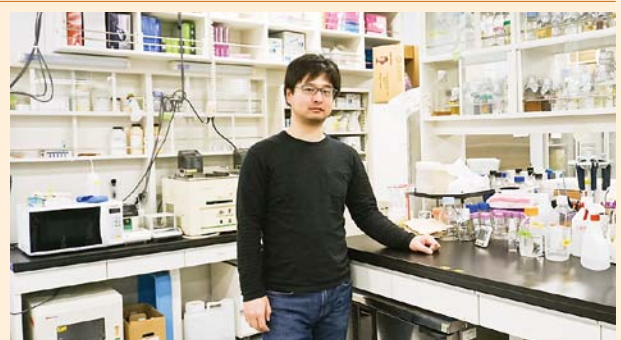
Chromosome Biochemistry Laboratory 染色体生化学研究室

Murayama Group 村山研究室



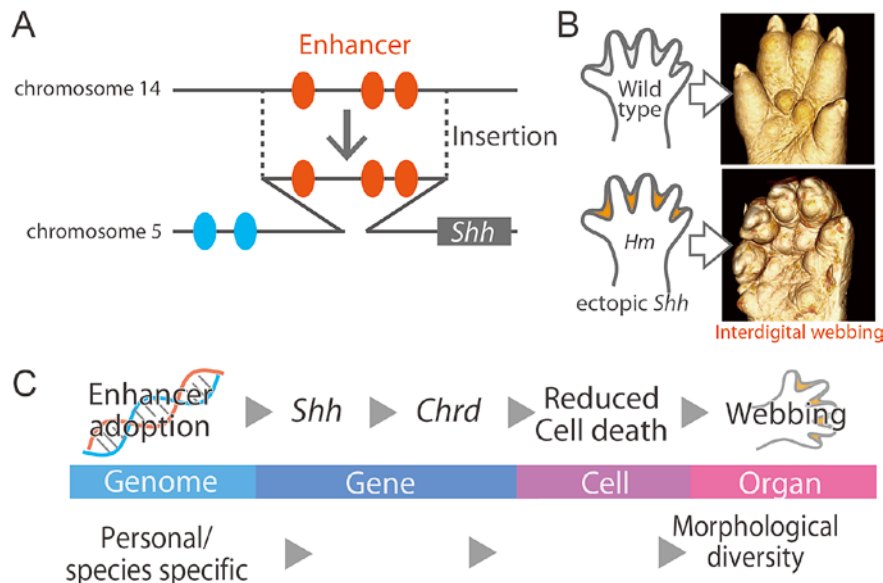
MURAYAMA, Yasuto
Associate Professor
村山泰斗 准教授

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



Integrative genetics of mouse complex traits

マウス高次形質の統合的遺伝解析



エンハンサー獲得による手の形態変化:
(A) 合指を示すマウス変異体 Hammer toe (*Hm*) の原因変異が、染色体の構造変化であることを明らかにしました。(B) X線マイクロCTスキャンによる新生仔の手の画像。複数のエンハンサーを含む DNA 断片の挿入によって、形態形成に働く *Shh* 遺伝子が指間部での発現を獲得し、それによって指間部に皮膜が形成されました。(C) エンハンサーの獲得というゲノムの変化が組織形態を変化させるプロセスを明らかにしました。

Enhancer adoption changes limb morphology:
(A) *Hm* has an insertion into the upstream region of *Shh* gene. Inserted fragment includes three interdigital enhancers. (B) X-ray micro-CT images of limb (P0). *Shh* is ectopically expressed in the interdigital region, and causes interdigital webbing in *Hm*. (C) We revealed the process that the morphological alteration in *Hm* was caused by the enhancer adoption.

当研究室では、マウス近交系統や突然変異体の表現型に着目した“順遺伝学”と遺伝子改変マウスを用いた“逆遺伝学”の両方法論を駆使して、形態形成やエネルギー代謝などの高次生命現象を制御する遺伝メカニズムの統合的理解をめざしています。また、生物遺伝資源事業として、野生マウス由来系統を含めたゲノム多型情報や表現型情報の収集と整備を行うとともに、亜種間コンソミック系統など、マウス機能ゲノム学のためのバイオリソースの開発を進めています。

In order to understand genetic basis underlying complex traits, such as morphology and energy metabolism, we are conducting genetic analyses based upon both of “Forward Genetics” using existing mouse mutants and “Reverse Genetics” using genetically engineered mice. In parallel, we are also compiling information of the genome diversity of inbred mouse strains, and developing new inter-subspecific consomic strains, in which every chromosome of a classical inbred strain C57BL/6J is replaced by the counterpart of a wild mouse-derived MSM/Ms strain. These bioresources are freely available for research community.

Selected Publications

Mouri, K., Sagai, T., Maeno, A., Amano, T., Toyoda, A., and Shiroishi, T. (2017). Enhancer adoption caused by genomic insertion elicits interdigital *Shh* expression and syndactyly in mouse. *Proc Natl Acad Sci USA*, doi: 10.1073/pnas.1713339115.

Amano, T., Sagai, T., Seki, R., and Shiroishi, T. (2017). Two types of etiological mutation in the limb-specific enhancer of *Shh*. *G3 (Bethesda)* 7, 2991-2998.

Sagai, T., Amano, T., Maeno, A., Kimura, T., Nakamoto, M., Takehana, Y., Naruse, K., Okada, N., Kiyonari, H., and Shiroishi, T. (2017). Evolution of *Shh* endoderm enhancers during morphological transition from ventral lungs to dorsal gas bladder. *Nat Commun* 8, 14300.

Mammalian Genetics Laboratory 哺乳動物遺伝研究室

Shiroishi Group 城石研究室



SHIROISHI, Toshihiko
Professor
城石俊彦 教授



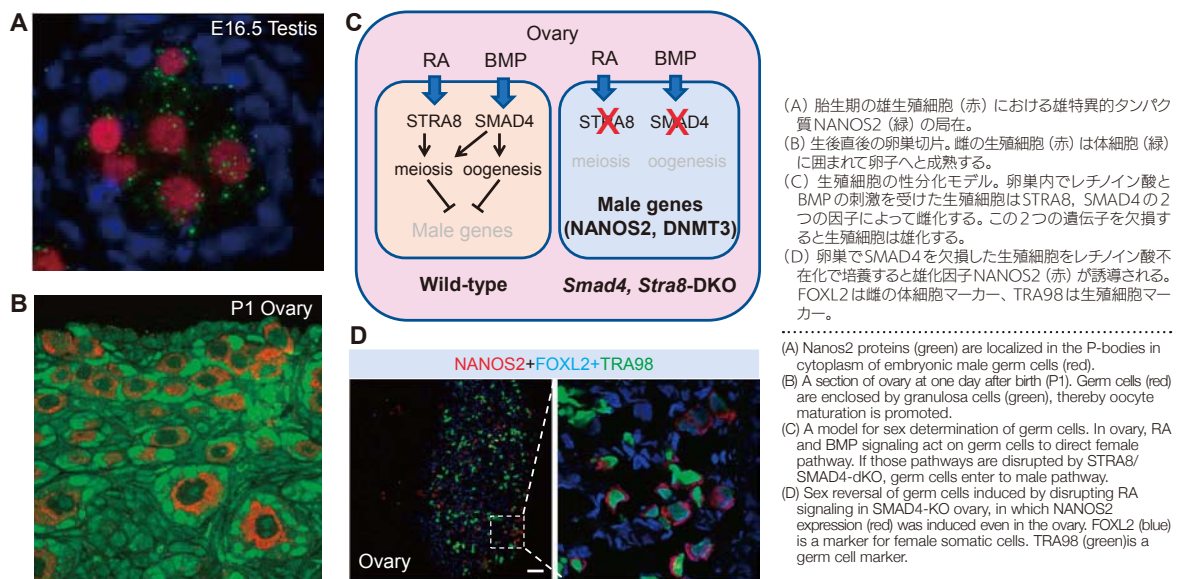
TAKADA, Toyoyuki
Assistant Professor
高田豊行 助教

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



Developmental genetic studies using gene engineering technology in mice

マウス発生工学を用いた発生分化機構の解析



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

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

Selected Publications

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

Wu, Q., Fukuda, K., Kato, Y., Zhou, Z., Deng, C. X., and Saga, Y. (2016). Sexual fate change of XX germ cells caused by the deletion of SMAD4 and STRA8 independent of somatic sex reprogramming. PLoS Biol 14, e1002553.

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

Mammalian Development Laboratory 発生工学研究室

Saga Group 相賀研究室



SAGA, Yumiko
Professor
相賀裕美子 教授



KATO, Yuzuru
Assistant Professor
加藤 譲 助教



AJIMA, Rieko
Assistant Professor
安島理恵子 助教



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

Behavioral genetics using wild-derived mouse strains

野生由来マウスを用いた行動遺伝学

野生マウスから選択交配でヒトになつくマウス樹立

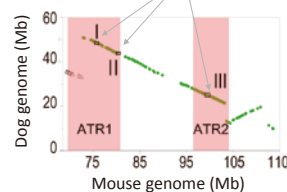


イヌゲノムとの比較解析

高い能動的従順性を示すイスとマウス



イスとマウスで従順性に関わる候補領域



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

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

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

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

Selected Publications

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

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

Takahashi, A., Lee, R. X., Iwasato, T., Itohara, S., Arima, H., Bettler, B., Miczek, K. A., and Koide, T. (2015). Glutamate input in the dorsal raphe nucleus as a determinant of escalated aggression in male mice. *J Neurosci* 35, 6452-6463.

Mouse Genomics Resource Laboratory マウス開発研究室

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

Koide Group 小出研究室



KOIDE, Tsuyoshi
Associate Professor
小出 剛 准教授

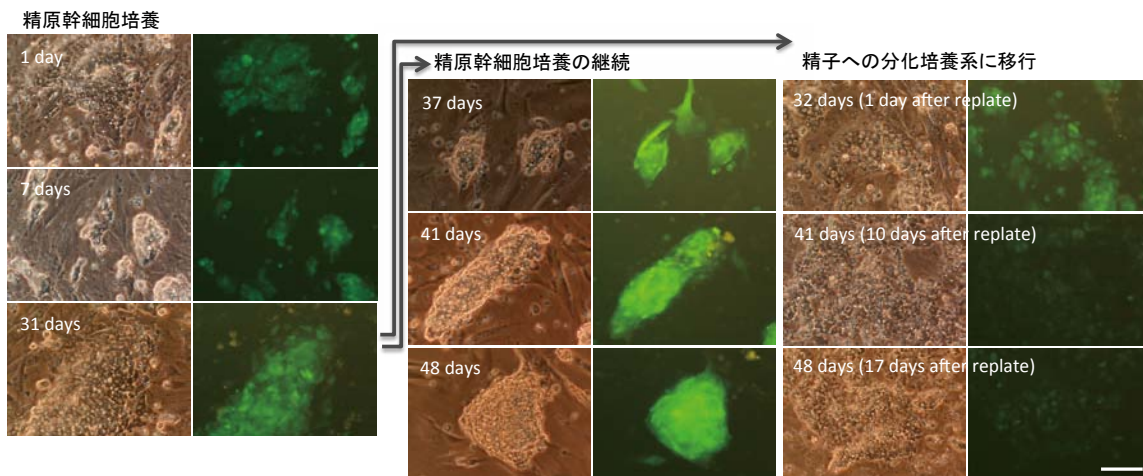


TAKANAMI, Keiko
Assistant Professor
高浪景子 助教



Analyses of regulatory mechanisms in zebrafish germ cells

ゼブラフィッシュを用いた生殖細胞制御機構の解析



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

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

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

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

Selected Publications

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

Kawasaki, T., Siegfried, K. R., and Sakai, N. (2016). Differentiation of zebrafish spermatogonial stem cells to functional sperm in culture. *Development* 143, 566-574.

Saito, K., Sakai, C., Kawasaki, T., and Sakai, N. (2014). Telomere distribution pattern and synapsis initiation during spermatogenesis in zebrafish. *Dev Dyn* 243, 1448-1456.

Model Fish Genomics Resource Laboratory 小型魚類開発研究室

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

Sakai Group 酒井研究室



SAKAI, Noriyoshi
Associate Professor
酒井則良 准教授

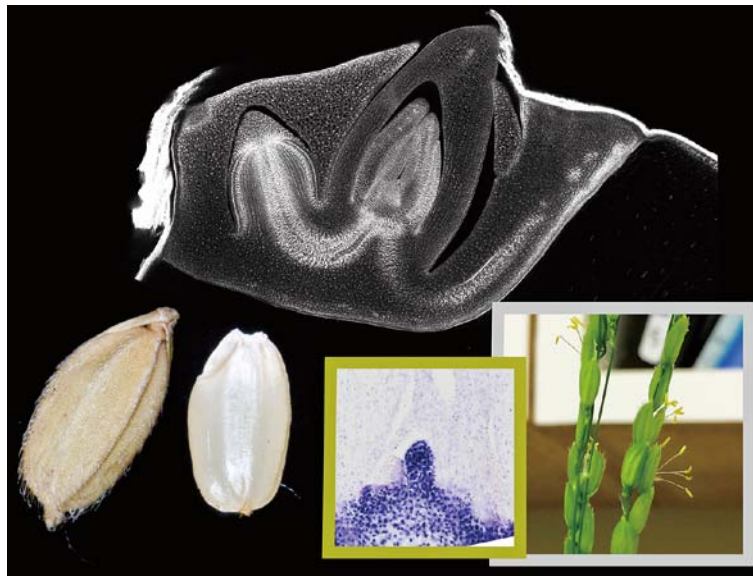


KAWASAKI, Toshihiro
Assistant Professor
河崎敏広 助教



Molecular genetics of plant embryogenesis

イネ分子遺伝学による植物初期発生機構の解明



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

Upper panel: mature rice embryo observed by confocal laser scanning microscope.
Lower panels from left: rice grain, brown rice, immunohistochemical staining of a marker of undifferentiated stem cells in the shoot apical meristem in rice (OSH1), rice flowers.

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

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

Selected Publications

Suzuki, M., Sato, Y., Wu, S., Kang, B. H., and McCarty, D. R. (2015). Conserved functions of the MATE transporter BIG EMBRYO 1 in regulation of lateral organ size and initiation rate. *Plant Cell* 27, 2288-2300.

Ishiwata, A., Ozawa, M., Nagasaki, H., Kato, M., Noda, Y., Yamaguchi, T., Nosaka, M., Shimizu-Sato, S., Nagasaki, A., Maekawa, M., Hirano, H. Y., and Sato, Y. (2013). Two WUSCHEL-related homeobox Genes, narrow leaf2 and narrow leaf3, control leaf width in rice. *Plant Cell Physiol* 54, 779-792.

Nosaka, M., Itoh, J., Nagato, Y., Ono, A., Ishiwata, A., and Sato, Y. (2012). Role of transposon-derived small RNAs in the interplay between genomes and parasitic DNA in rice. *PLoS Genet* 8, e1002953.

Plant Genetics Laboratory 植物遺伝研究室

Sato Group 佐藤研究室



SATO, Yutaka
Professor
佐藤 豊 教授



SUZUKI, Toshiya
Assistant Professor
鈴木俊哉 助教



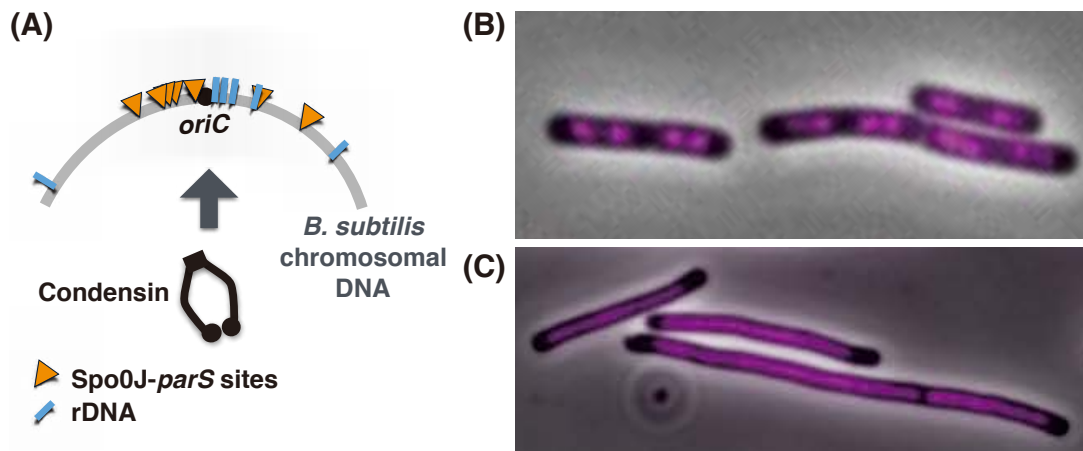
TAKAHASHI (NOSAKA), Misuzu
Assistant Professor
高橋(野坂)実鈴 助教

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



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



(A) 枯草菌コンデンシン複合体は複製起点近傍のSpo0J-*parS*サイトとrDNAにローディングされる。(B) 枯草菌野生株の顕微鏡像。(C) 枯草菌 *spo0J* 遺伝子とrDNAの二重欠失株の顕微鏡像。染色体DNAをDAPI染色し、マゼンタの擬似カラーを付けた。*spo0J* 遺伝子とrDNAの二重欠失株ではコンデンシンが染色体に結合することが出来ず、染色体がフィラメント状になる。

(A) *Bacillus subtilis* condensin complex is loaded to Spo0J-*parS* site and rDNA located close to *oriC*. (B) Image of *B. subtilis* wild-type strain. (C) Image of double deletion mutant of *spo0J* and rDNA. Chromosomal DNA was stained with DAPI and pseudocolored with magenta. Since condensin complex cannot be loaded to the chromosome in the double deletion mutant, chromosomal DNA appears to be filamentous.

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。これまでに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。蛍光タンパク質によるDNAやタンパク質のイメージングにより、細胞増殖の過程で新しい現象を発見してきました。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おり、現在、温度変化に応答した同調的な細胞分裂の遺伝制御に注目しています。

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 yeasts are suitable model organisms to understand the fundamental mechanisms on cell proliferation. Our laboratory studies the mechanisms behind chromosome and plasmid DNA dynamics in the cell or the mechanism underlies cell shape formation. Genetic methods as well as cell-biological methods were used to observe those intracellular events. We have made several novel observations in cell proliferation mechanism by using fluorescent-based protein or DNA imaging. Especially *S. japonicus* yeast suits for those cell biological analyses, and studies of hyphal growth and cell cycle add special value on this organism. Novel genetic system has been elucidated by recent our works.

Selected Publications

Yano, K., and Niki, H. (2017). Multiple cis-acting rDNAs contribute to nucleoid separation and recruit the bacterial condensin Smc-ScpAB. *Cell Rep* 21, 1347-1360.

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

Seike, T., and Niki, H. (2017). Mating response and construction of heterothallic strains of the fission yeast *Schizosaccharomyces octosporus*. *FEMS Yeast Res* 17, doi: 10.1093/femsyr/fox045.

Microbial Genetics Laboratory 原核生物遺伝研究室

Niki Group 仁木研究室



NIKI, Hironori
Professor
仁木宏典 教授



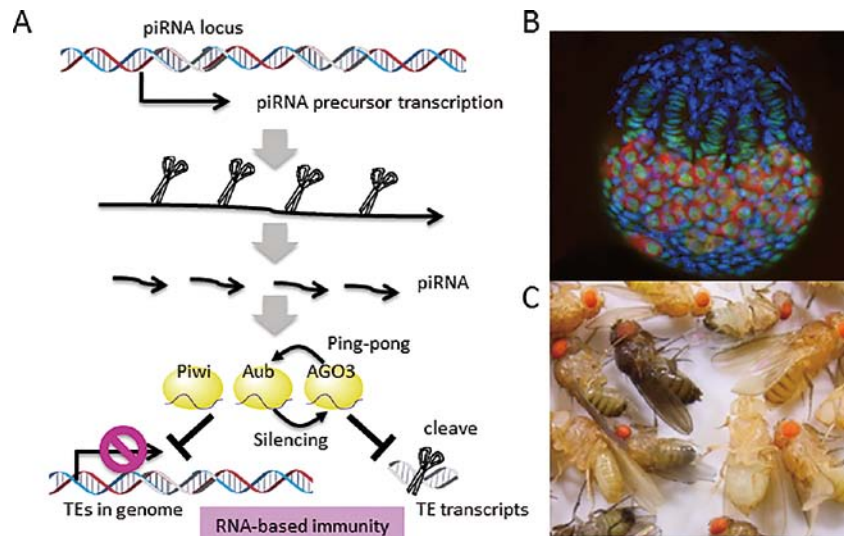
AOKI, Keita
Assistant Professor
青木敬太 助教

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



The mechanisms of transposon regulation in *Drosophila*

ショウジョウバエにおけるトランスポゾン制御のメカニズム



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

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

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

Selected Publications

Iwasaki, Y. W., Murano, K., Ishizu, H., Shibuya, A., Iyoda, Y., Siomi, M. C., Siomi, H., and Saito, K. (2016). Piwi modulates chromatin accessibility by regulating multiple factors including histone H1 to repress transposons. *Mol Cell* 63, 408-419.

Shibata, N., Kashima, M., Ishiko, T., Nishimura, O., Rouhana, L., Misaki, K., Yonemura, S., Saito, K., Siomi, H., Siomi, M. C., and Agata, K. (2016). Inheritance of a nuclear PIWI from pluripotent stem cells by somatic descendants ensures differentiation by silencing transposons in planarian. *Dev Cell* 37, 226-237.

Ohtani, H., Iwasaki, Y. W., Shibuya, A., Siomi, H., Siomi, M. C., and Saito, K. (2013). DmGTSF1 is necessary for Piwi-piRISC-mediated transcriptional transposon silencing in *Drosophila*. *Genes Dev* 27, 1656-1661.

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

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

Saito Group 齋藤研究室



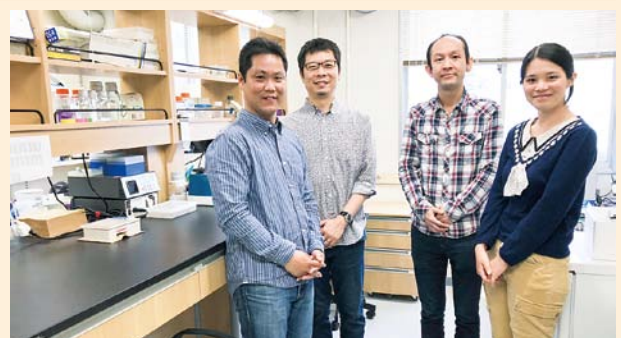
SAITO, Kuniaki
Professor
齋藤都暁 教授



KONDO, Shu
Assistant Professor
近藤 周 助教



MIYOSHI, Keita
Assistant Professor
三好啓太 助教



Research on utilization of biological resource and database

遺伝資源情報の利用とデータベースに関する研究



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

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

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

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

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

Selected Publications

Katayama, T., Wilkinson, M. D., Aoki-Kinoshita, K. F., Kawashima, S., Yamamoto, Y., Yamaguchi, A., Okamoto, S., Kawano, S., Kim, J. D., Wang, Y., Wu, H., Kano, Y., Ono, H., Bono, H., Kocbek, S., Aerts, J., Akune, Y., Antezana, E., Arakawa, K., Aranda, B., Baran, J., Bolleman, J., Bonnal, R. J., Buttigieg, P. L., Campbell, M. P., Chen, Y. A., Chiba, H., Cock, P. J., Cohen, K. B., Constantin, A., Duck, G., Dumontier, M., Fujisawa, T., Fujiwara, T., Goto, N., Hoehndorf, R., Igarashi, Y., Itaya, H., Ito, M., Iwasaki, W., Kalaš, M., Katoda, T., Kim, T., Kokubu, A., Komiyama, Y., Kotera, M., Laibe, C., Lapp, H., Lütke, T., Marshall, M. S., Mori, T., Mori, H., Morita, M., Murakami, K., Nakao, M., Narimatsu, H., Nishide, H., Nishimura, Y., Nystrom-Persson, J., Ogishima, S., Okamura, Y.,

Okuda, S., Oshita, K., Packer, N. H., Prins, P., Ranzinger, R., Rocca-Serra, P., Sansone, S., Sawaki, H., Shin, S. H., Splendiani, A., Strozzi, F., Tadaka, S., Toukach, P., Uchiyama, I., Umezaki, M., Vos, R., Whetzel, P. L., Yamada, I., Yamasaki, C., Yamashita, R., York, W. S., Zmasek, C. M., Kawamoto, S., and Takagi, T. (2014). BioHackathon series in 2011 and 2012: penetration of ontology and linked data in life science domains. J biomed semantics 5, 5.

Kawamoto, S., and Bono, H. (2008). Portal services of life science database project in Japan. Tanpakushitsu kakusan koso 53, 281-287.

Genetic Informatics Laboratory 系統情報研究室

Kawamoto Group 川本研究室

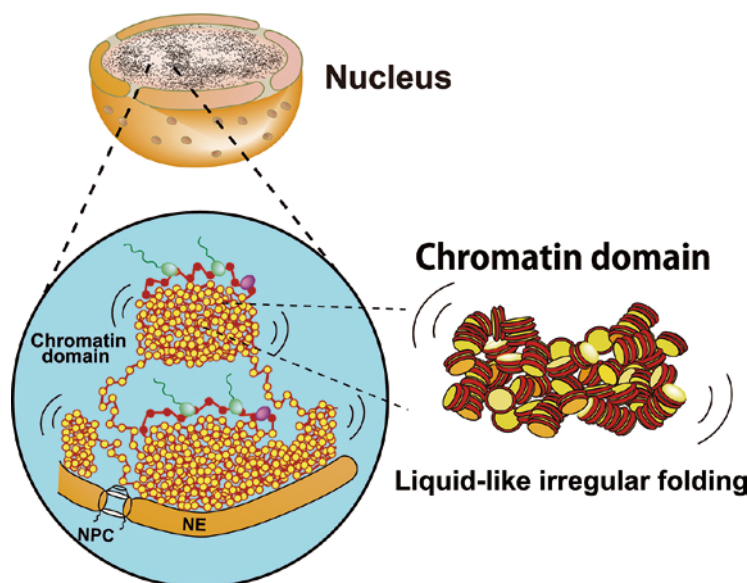


KAWAMOTO, Shoko
Associate Professor
川本祥子 准教授

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


3D-organization and dynamics of human genome chromatin

ゲノムクロマチンの折り畳み構造とダイナミクス



ヌクレオソーム線維（10-nm線維）は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

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

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

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

Selected Publications

Maeshima, K., Matsuda, T., Shindo, Y., Imamura, H., Tamura, S., Imai, R., Kawakami, S., Nagashima, R., Soga, T., Noji, H., Oka, K., and Nagai, T. (2018). A transient rise in free Mg(2+) ions released from ATP-Mg hydrolysis contributes to mitotic chromosome condensation. *Curr Biol* 28, 444-451.

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

Nozaki, T., Imai, R., Tanbo, M., Nagashima, R., Tamura, S., Tani, T., Joti, Y., Tomita, M., Hibino, K., Kanemaki, M. T., Wendt, K. S., Okada, Y., Nagai, T., and Maeshima, K. (2017). Dynamic organization of chromatin domains revealed by super-resolution live-cell imaging. *Mol Cell* 67, 282-293.

Biological Macromolecules Laboratory 生体高分子研究室

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



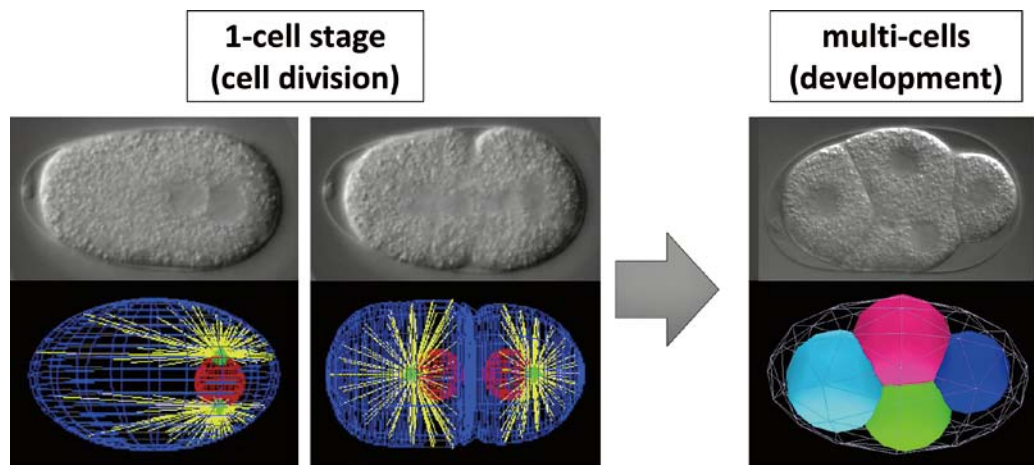
HIBINO, Kayo
Assistant Professor
日比野佳代 助教



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

Understanding cell architecture through quantitative microscopy and structural calculations

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



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

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

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

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

Selected Publications

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

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

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

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



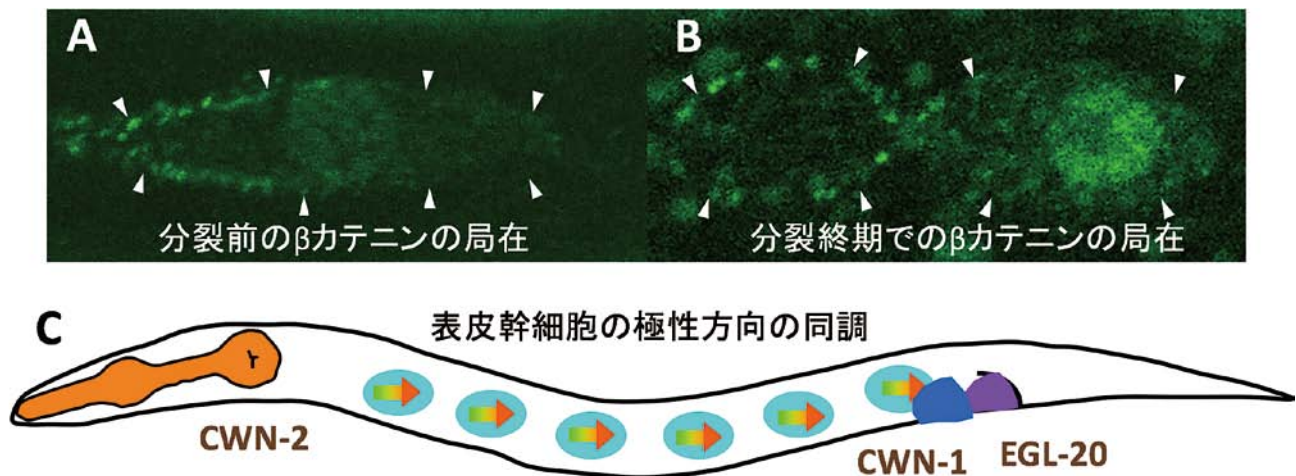
TORISAWA, Takayuki
Assistant Professor
鳥澤嵩征 助教
(6月1日着任予定)

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



Generation of cellular diversity by asymmetric cell division

非対称分裂による細胞多様性創出機構



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

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

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

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

Selected Publications

Sugioka, K., Fielmich, L. E., Mizumoto, K., Bowerman, B., van den Heuvel, S., Kimura, A., and Sawa, H. (2018). Tumor suppressor APC is an attenuator of spindle-pulling forces during *C. elegans* asymmetric cell division. *Proc Natl Acad Sci USA*, doi: 10.1073/pnas.1712052115.

Sugioka, K., Mizumoto, K., and Sawa, H. (2011). Wnt regulates spindle asymmetry to generate asymmetric nuclear β-catenin *C. elegans*. *Cell* 146, 942-954.

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

Multicellular Organization Laboratory 多細胞構築研究室

Sawa Group 澤 研究室



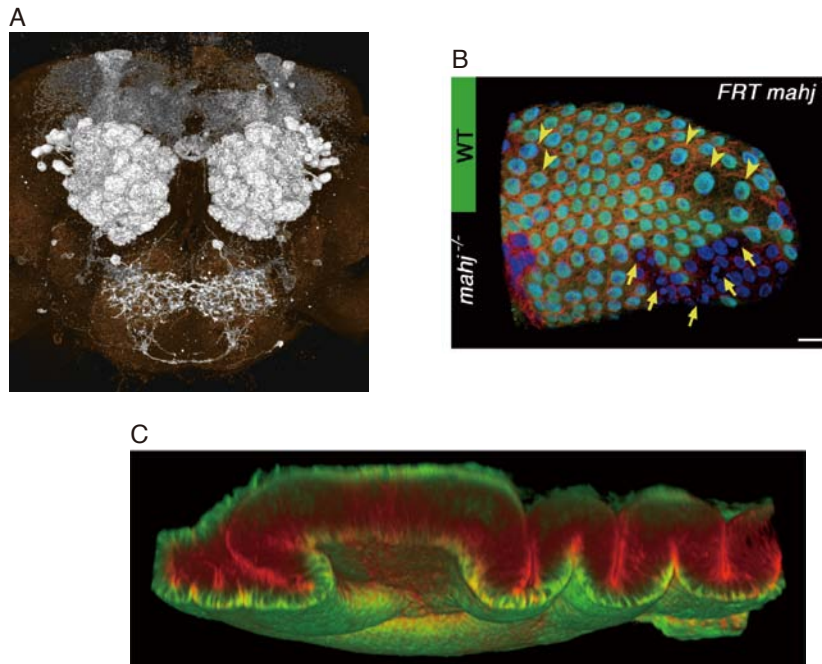
SAWA, Hitoshi
Professor
澤 斉 教授

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



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

ショウジョウバエ分子遺伝学を用いた細胞機能–構造連関の研究



(A) 特定のニューロンを遺伝学的に標識したショウジョウバエ脳。(B) 分裂終了期の濾胞上皮で誘導された、細胞競合による *mahj*^{-/-} クローン (青い核) の細胞死 (矢印) と野生型クローン (水色の核) の補償的細胞肥大 (矢頭)。(C) 腫瘍形成のモデルとなる成虫原基上皮組織。

(A) Genetically labeled neurons in a *Drosophila* brain. (B) Cell competition-dependent apoptosis (arrows) in *mahj*^{-/-} clones (blue nuclei) and compensatory cellular hypertrophy (arrowheads) in wild-type clones (pale blue nuclei), induced in post-mitotic follicular epithelium. (C) Imaginal disc epithelium, a model for studies on tumorigenesis.

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

Our laboratory is interested in relation of cellular fine structures and their functions in tissue organization. We are studying the molecular networks on cellular fine structures involved in various cell activities by molecular genetics and various imaging techniques, using a model animal, *Drosophila melanogaster*. Currently we are addressing the following issues; 1. Development and function of neural networks, 2. homeostasis of tissue organization and its impairment causing tumor generation.

Selected Publications

Tamori, Y., Suzuki, E., and Deng, W. M. (2016). Epithelial tumors originate in tumor hotspots, a tissue-intrinsic microenvironment. *PLoS Biol* 14, e1002537.

Tamori, Y., and Deng, W. M. (2014). Compensatory cellular hypertrophy: the other strategy for tissue homeostasis. *Trends Cell Biol* 24, 230-237.

Kurusu, M., Katsuki, T., Zinn, K., and Suzuki, E. (2012). Developmental changes in expression, subcellular distribution, and function of *Drosophila* N-cadherin, guided by a cellintrinsic program during neuronal differentiation. *Dev Biol* 366, 204-217.

Gene Network Laboratory 遺伝子回路研究室

Suzuki Group 鈴木研究室



SUZUKI, Emiko
Associate Professor
鈴木えみ子 准教授

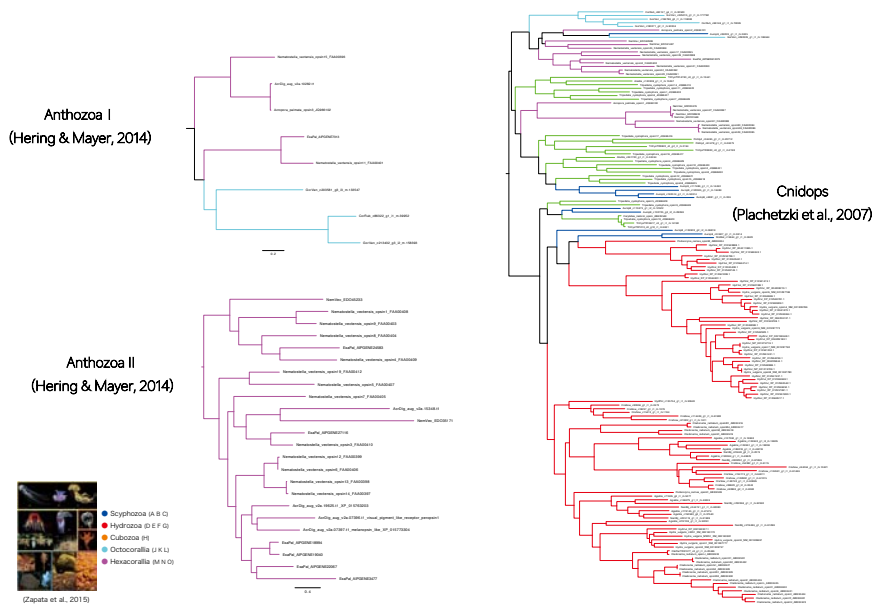


TAMORI, Yoichiro
Assistant Professor
田守洋一郎 助教

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


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

Kinjo, S., Kiyomoto, M., Yamamoto, T., Ikeo, K., and Yaguchi, S. HpBase: a genome database of a sea urchin, *Hemicentrotus pulcherrimus*. Development, Growth & Differentiation. in press.

Hashimoto, S., Tabuchi, Y., Yurino, H., Hirohashi, Y., Deshimaru, S., Asano, T., Mariya, T., Oshima, K., Takamura, Y., Ukita, Y., Ametani, A., Kondo, N., Monma, N., Takeda, T., Misu, S., Okayama, T., Ikeo, K., Saito, T., Kaneko, S., Suzuki, Y., Hattori, M., Matsushima, K., and Torigoe, T. (2017). Comprehensive single-cell transcriptome analysis reveals heterogeneity in endometrioid adenocarcinoma tissues. *Sci Rep* 7, 14225.

Gojobori, T., Ikeo, K., Katayama, Y., Kawabata, T., Kinjo, A. R., Kinoshita, K., Kwon, Y., Migita, O., Mizutani, H., Muraoka, M., Nagata, K., Omori, S., Sugawara, H., Yamada, D., and Yura, K. (2016). VaProS: a database-integration approach for protein/genome information retrieval. *J Struct Funct Genomics* 17, 69-81.

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

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

Ikeo Group 池尾研究室

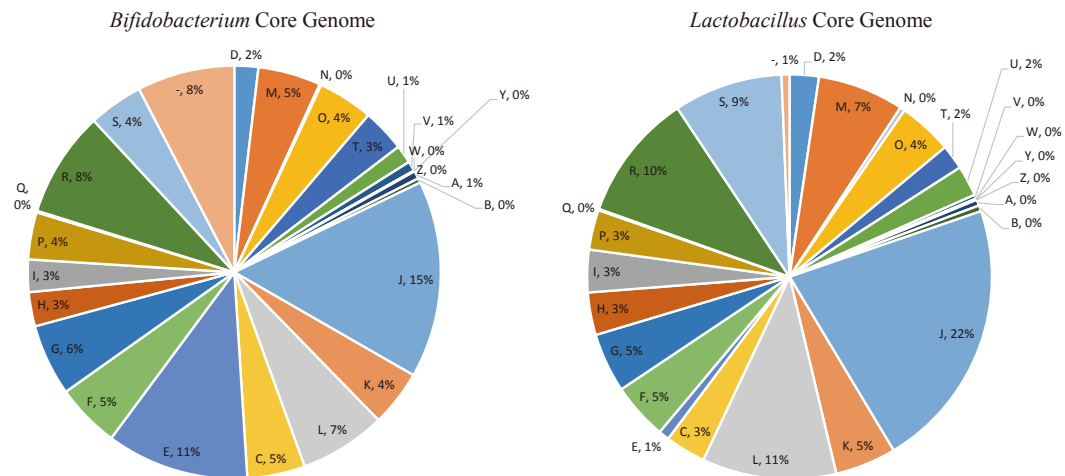


IKEO, Kazuho
Associate Professor
池尾一穂 准教授



Finding the link between metabolic variation and evolution

生物界における代謝の多様性と進化の関係を解き明かす



ビフィズス菌と乳酸菌のゲノム比較解析。ビフィズス菌（左）は乳酸菌（右）に比べてアミノ酸代謝の遺伝子が多い（図中ラベルE）。アルファベットはCOGデータベースのカテゴリを示す。

Comparative genomics of *Bifidobacterium* and *Lactobacillus*. *Bifidobacterium* (left) contains more genes for amino acid metabolism (Label E) than *Lactobacillus* does. Alphabet letters indicate COG database categories.

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

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

Selected Publications

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

Satti, M., Tanizawa, Y., Endo, A., and Arita, M. (2017). Comparative Analysis of probiotic genus *Bifidobacterium* and *Lactobacillus* based on a new definition of core genome. *GIW/BIOINFO2017*, Seoul, Korea (to appear in JBCB).

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

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

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

Arita Group 有田研究室



ARITA, Masanori
Professor
有田正規 教授

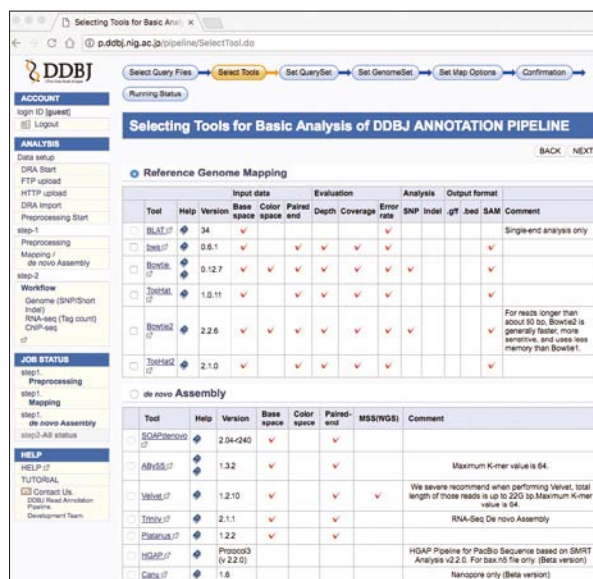


KAWASHIMA, Takeshi
Assistant Professor
川島武士 助教



Promotion of DDBJ as an infrastructure database for lifescience

生物研究の基盤データベースとしてのDDBJ事業の推進



NGS自動配列解析システム「DDBJ Read Annotation Pipeline」のreference mappingのツール選択画面

A screenshot of reference mapping tools on a NGS automatic analytical system

高速シーケンサの技術革新と共に、塩基配列のデータベースは大規模化が進んでいます。このことによりデータ処理が難しくなり、配列注釈不足や特徴情報の記載誤りも問題となっています。中村研究室は、日本DNAデータバンク（DDBJ）業務担当研究室として、データベース運用の高度化と配列注釈の質向上に取り組みます。特に、①次世代シーケンサ（NGS）の大量データ配列解析、②クラウド型データ解析システム構築、③ゲノム配列注釈の評価尺度研究を中心に、ゲノム配列のアノテーション・キュレーション処理の効率化を目指します。

Ultra high-throughput sequencing technologies allow biologists to obtain larger amounts of nucleotide sequence data. Reliable database operation and high-quality annotation supply are essential. As the core part of DNA Data Bank of Japan (DDBJ), Nakamura laboratory attempts 1) to develop advanced database management systems, and 2) to improve quality of annotations in DDBJ databases. We have been constructing an automatic analytical system “DDBJ Read Annotation Pipeline” in NIG supercomputers, and “To-goAnnotation” system as the integrated support tool for manual curations. Structural and functional annotations by automatic and manual processing are evaluated by using proposed statistical methods.

Selected Publications

Kodama, Y., Mashima, J., Kosuge, T., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Nakamura, Y., and Takagi, T. (2018). DNA Data Bank of Japan: 30th anniversary. *Nucleic Acids Res* 46, D30-D35.

Shimizu, T., Tanizawa, Y., Mochizuki, T., Nagasaki, H., Yoshioka, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Kaminuma, E., and Nakamura, Y. (2017). Draft sequencing of the heterozygous diploid genome of Satsuma (Citrus unshiu Marc.) using a hybrid assembly approach. *Front Genet* 8, 180.

Tanizawa, Y., Fujisawa, T., and Nakamura, Y. (2017). DFAST: a flexible prokaryotic genome annotation pipeline for faster genome publication. *Bioinformatics*, doi: 10.1093/bioinformatics/btx713.

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



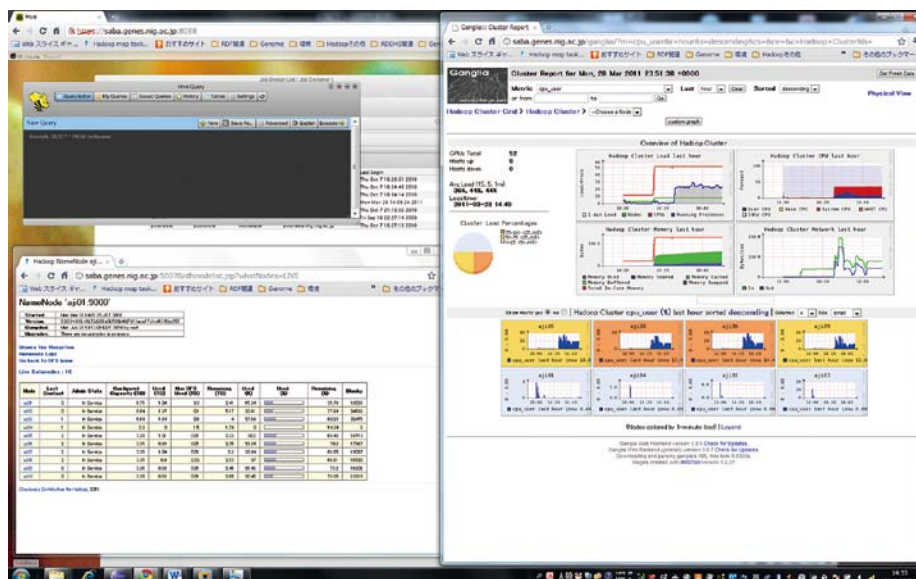
KAMINUMA, Eli
Assistant Professor
神沼英里 助教



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

Studies on a large-scale data processing of biomedical knowledge

ゲノム情報・バイオメディカル知識の大規模データ処理手法の研究



Hadoopを利用した分散データ処理のテスト
Distributed data processing test using Hadoop

遺伝研スーパーコンピュータシステムを利用したゲノム情報処理への並列分散コンピューティング技術、広域分散処理技術の適用研究を行っています。

急激に容量が増大する各種遺伝子情報解析データを処理するための技術として、ビッグデータをハンドリングするための各種並列分散処理技術の適用研究を行っています。また、従来共有メモリ型大型計算機で処理していた各種大規模DBデータを、データ量の増大に対応が容易なコストパフォーマンスの高い分散メモリ型クラスタ計算機上で高速処理するための研究を行っています。

An application study is being conducted involving parallel-distributed computing technology and wide-area distributed processing technology to process genome information.

This study involves various types of parallel distributed processing technologies, that are designed to handle big data for processing genetic information analysis data. Research aimed at high-speed processing of various types of data in large-scale databases is also being carrying out. This study is using a distributed memory cluster computer that can easily accommodate the increase in data volume and offers high cost performance.

Selected Publications

Kodama, Y., Mashima, J., Kosuge, T., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Nakamura, Y., and Takagi, T. (2018). DNA data bank of Japan: 30th anniversary. *Nucleic Acids Res* 46, D30-D35.

Mashima, J., Kodama, Y., Fujisawa, T., Katayama, T., Okuda, Y., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Nakamura, Y., and Takagi, T. (2017). DNA data bank of Japan. *Nucleic Acids Res* 45, D25-D31.

Cochrane, G., Karsch-Mizrachi, I., Takagi, T., and International Nucleotide Sequence Database Collaboration. (2016). The international nucleotide sequence database collaboration. *Nucleic Acids Res* 44, D48-D50.

Laboratory for Research and Development of Biological Databases データベース運用開発研究室

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

Takagi Group 高木研究室

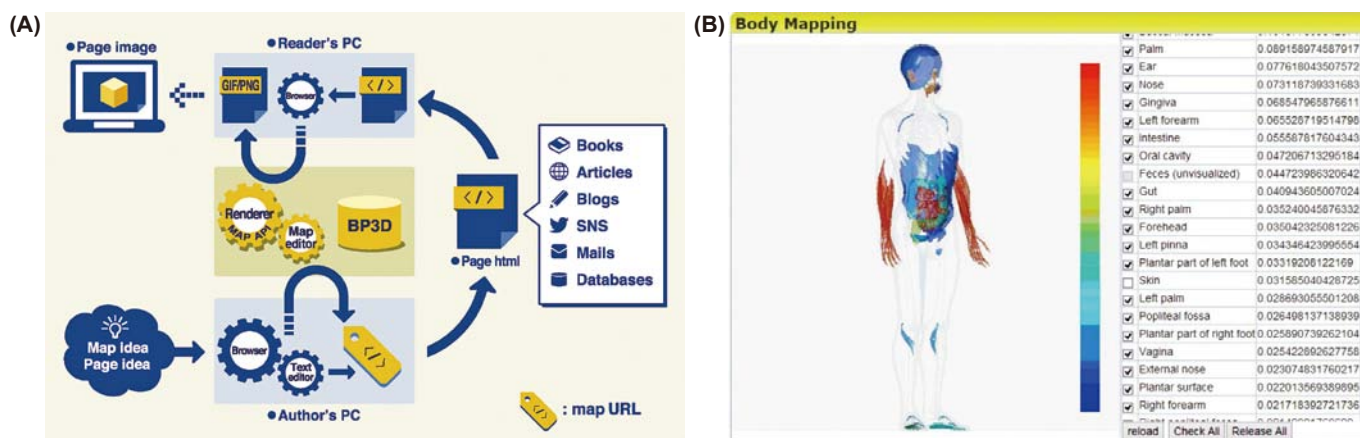


TAKAGI, Toshihisa
Professor
高木利久 教授



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 <http://microbedb.jp/MDb/>.

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

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

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

Selected Publications

Mitsuhashi, N., Fujieda, K., Tamura, T., Kawamoto, S., Takagi, T., and Okubo, K. (2009). BodyParts3D: 3D structure database for anatomical concepts. *Nucleic Acids Res* 37 (Database issue), D782-785.

Ogasawara, O., Mashima, J., Kodama, Y., Kaminuma, E., Nakamura, Y., Okubo, K., and Takagi, T. (2013). DDBJ new system and service refactoring. *Nucleic Acids Res* 41 (Database issue), D25-29.

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

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

Okubo Group 大久保研究室



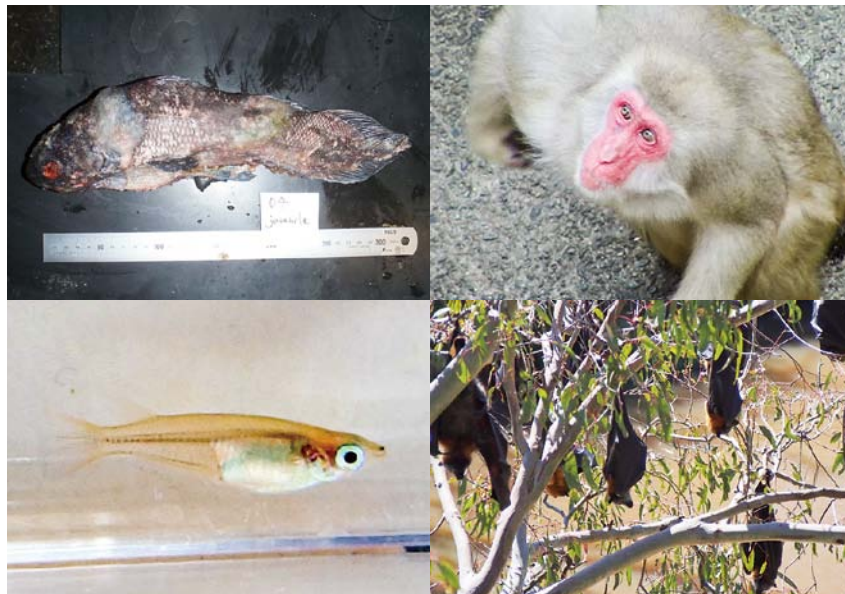
OKUBO, Kousaku
Professor
大久保公策 教授

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



Comparative genomics through ultra-large scale sequencing

大規模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たち。
上左：解剖前のシーラカンス稚魚 上右：ニホンザル 下左：セレンシスメダカ 下右：オオコオモリ的一种
Picture 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地などの極限環境に棲息する生物まで、高精度なゲノム配列決定を通じてゲノムの多様性を明らかにすることにより生命現象の原理原則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進めており、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 based on actively reading and analyzing various genomes of interest using cutting-edge DNA sequencing and analysis technology. Currently, we are analyzing personalized genomes of primates in addition to the organisms those living in the extreme environmental conditions. Figures show examples of such activities.

Selected Publications

Session, A. M., Uno, Y., Kwon, T., Chapman, J. A., Toyoda, A., Takahashi, S., Fukui, A., Hikosaka, A., Suzuki, A., Kondo, M., van Heeringen, S. J., Quigley, I., Heinz, S., Ogino, H., Ochi, H., Helsten, U., Lyons, J. B., Simakov, O., Putnam, N., Stites, J., Kuroki, Y., Tanaka, T., Michiue, T., Watanabe, M., Bogdanovic, O., Lister, R., Georgiou, G., Paranjape, S. S., van Kruijsbergen, I., Shu, S., Carlson, J., Kinoshita, T., Ohta, Y., Mawaribuchi, S., Jenkins, J., Grimwood, J., Schmutz, J., Mitros, T., Mozaffari, S. V., Suzuki, Y., Haramoto, Y., Yamamoto, T. S., Takagi, C., Heald, R., Miller, K., Haudenschild, C., Kitzman, J., Nakayama, T., Izutsu, Y., Robert, J., Fortriede, J., Burns, K., Lotay, V., Karimi, K., Yasuoka, Y., Dichmann, D. S., Flajnik, M. F., Houston, D. W., Shendure, J., DuPasquier, L., Vize, P. D., Zorn, A. M., Ito, M., Marcotte, E. M., Wallingford, J. B., Ito, Y., Asashima, M., Ueno, N., Matsuda, Y., Veenstra, G. J., Fujiyama, A., Harland, R. M., Taira, M., and Rokhsar, D. S. (2016). Genome evolution in the allotetraploid frog *Xenopus laevis*. *Nature* 538, 336-343.

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

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

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

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

Toyoda Group 豊田研究室



TOYODA, Atsushi
Project Professor

豊田 敦 特任教授



Unveiling microbial community dynamics

微生物ゲノム進化と群集ダイナミクスの解明



陸上蛇紋岩熱水系からの微生物サンプリング、メタゲノム解析。

Exploring microbial diversity in a continental serpentinite-hosted hydrothermal system.

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

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

Selected Publications

Yonezawa, T., Segawa, T., Mori, H., Campos, P. F., Hongoh, Y., Endo, H., Akiyoshi, A., Manabe, M., Kohno, N., Nishida, S., Wu, J., Jin, H., Kishino, H., Kurokawa, K., Yoshifumi, N., Tanabe, H., Mukoyama, H., Yoshida, K., Rasoamiramanana, A., Yamagishi, S., Hayashi, Y., Yoshida, A., Koike, H., Akishinonmiya, F., Willerslev, E., and Hasegawa, M. (2017). Phylogenomics and morphology of extinct paleognaths reveal the origin and evolution of the ratites. *Curr Biol* 27, 68-77.

Matsuki, T., Yahagi, K., Mori, H., Matsumoto, H., Hara, T., Tajima, S., Ogawa, E., Kodama, H., Yamamoto, K., Yamada, T., Matsumoto, S., and Kurokawa, K. (2016). A key genetic factor for fucosyllactose utilization affects infant gut microbiota development. *Nat Commun* 7, 11939.

Okai, S., Usui, F., Yokota, S., Hori-I, Y., Hasegawa, M., Nakamura, T., Okada, S., Yamamoto, K., Nishiyama, E., Mori, H., Yamada, T., Kurokawa, K., Matsumoto, S., Nanno, M., Naito, T., Kato, T., Miyauchi, E., Ohno, H., and Shinkura, R. (2016). High-affinity monoclonal IgA regulates gut microbiota and prevents colitis in mice. *Nat Microbiol* 1, 16103.

Genome Evolution Laboratory ゲノム進化研究室

Kurokawa Group 黒川研究室



KUROKAWA, Ken
Professor
黒川 顕 教授



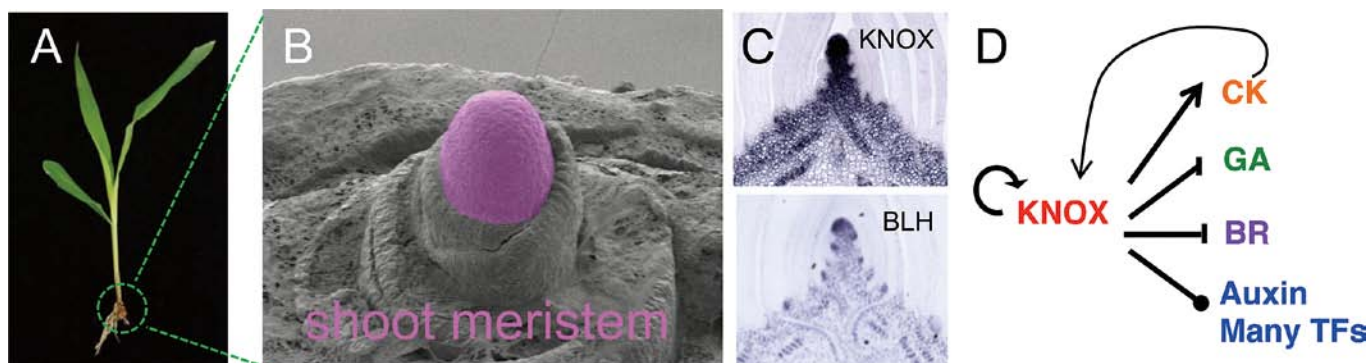
MORI, Hiroshi
Assistant Professor
森 宙史 助教

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



Molecular cytogenetics of plant germ-cell development

植物の生殖細胞発生過程の分子細胞遺伝学



植物のシュート幹細胞を維持するKNOX-BLH転写因子複合体。(A) トウモロコシの芽生え(緑丸は茎頂)。(B) 幹細胞を持つ茎頂メリステム(マゼンタ)。(C) KNOX・BLH転写因子の免疫染色。これらは複合体を形成し、メリステムの幹細胞を未分化な状態に維持する。(D) KNOXの直接の下流遺伝子経路。

KNOX-BLH transcription factor complex maintains shoot stem cells in flowering plants. (A) The shoot apex in maize is indicated with a green circle. (B) Plant stem cell population, the shoot meristem (magenta). (C) Immunostaining of two transcription factors, KNOX and BLH. They form a heterodimer in shoot meristems to maintain stem cell indeterminacy. (D) Current view of KNOX downstream pathways.

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

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

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

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

Selected Publications

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

Tsuda, K., Abraham-Juarez, M. J., Maeno, A., Dong, Z., Aromdee, D., Meeley, R., Shiroishi, T., Nonomura, K. I., and Hake, S. (2017). KNOTTED1 cofactors, BLH12 and BLH14, regulate internode patterning and vein anastomosis in maize. *Plant Cell* 29, 1105-1118.

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

Experimental Farm 実験圃場

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

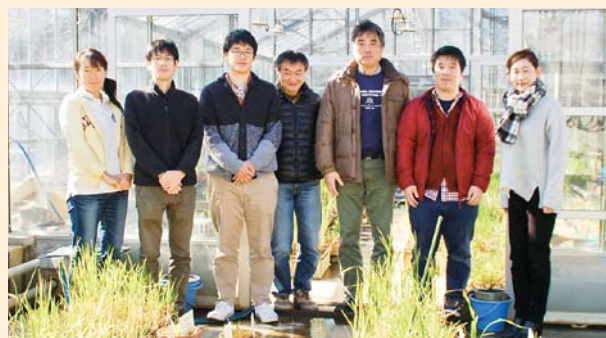
Nonomura Group 野々村研究室



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

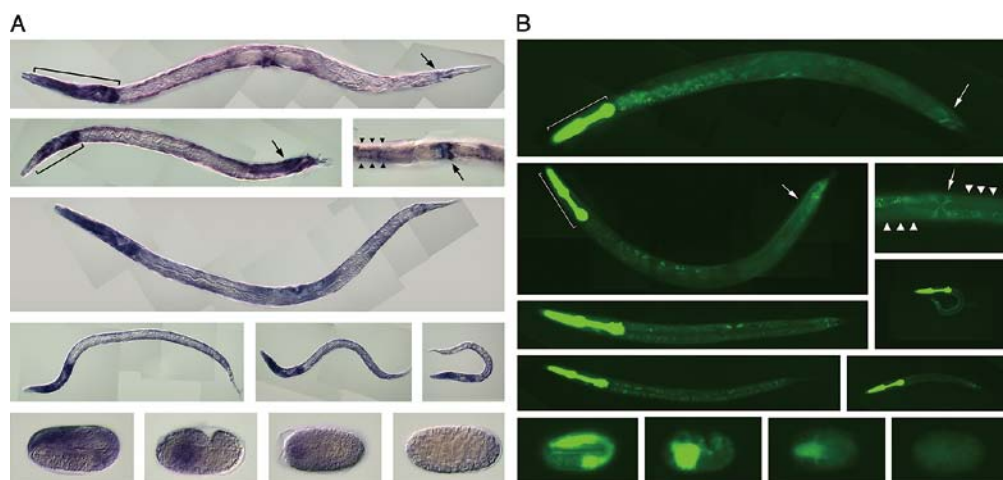


TSUDA, Katsutoshi
Assistant Professor
津田勝利 助教



Reverse genetic analysis of gene regulatory system in *C. elegans*

逆遺伝学による線虫遺伝子制御システムの解析



(A) 開発した whole-mount *in situ* hybridization 法による全発生時期を通じた *mir-1* miRNA 発現パターン。(B) *mir-1* 遺伝子プロモーターによる GFP 発現パターン。これらの一一致は、*mir-1* miRNA が転写後生成過程での発現調節を受けないことを示す。

(A) The expression patterns of *mir-1* miRNA detected by a whole-mount *in situ* hybridization method that we developed. (B) The expression patterns of a *mir-1* promoter::GFP reporter transgene. The coincidence between the expression patterns indicates the absence of post-transcriptional regulation of the miRNA during biogenesis.

線虫 *Caenorhabditis elegans* は、多細胞動物で最初にゲノム配列が決定され、発現遺伝子が網羅された生物です。遺伝子配列より遺伝子機能を探る逆遺伝学に必須である遺伝子発現細胞の検出や、遺伝子改変体の作製も容易に行えます。こうした特徴を生かして、遺伝子制御システムの解明を目指しています。遺伝子発現の転写後調節因子である microRNA を研究対象に、機能解析に役立つ新規方法を開発し、発現調節を受ける標的遺伝子の特定と、その調節がもたらす生理機能の解析を進めています。

Caenorhabditis elegans is the first multicellular organism whose entire genome sequence has been determined, and its transcriptome has been extensively investigated. In addition, easy ways are available to determine gene expression patterns and to generate gene-modified strains, which are necessary for reverse genetic analysis. Based on these features, we aim at elucidating gene regulatory system. We study microRNAs (miRNAs), 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 miRNAs.

Selected Publications

Andachi, Y., and Kohara, Y. (2018). MicroRNA detection by whole-mount *in situ* hybridization in *C. elegans*. *Methods Mol Biol* 1680, 75-86.

Andachi, Y., and Kohara, Y. (2016). A whole-mount *in situ* hybridization method for microRNA detection in *Caenorhabditis elegans*. *RNA* 22, 1099-1106.

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



ANDACHI, Yoshiaki
Assistant Professor
安達佳樹 助教



Critical periods of brain development

脳発達における臨界期

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

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

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


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

HENSCH, Takao K

International Strategic Advisor
(Professor, Center for Brain Science, Harvard University)

ヘンシュ, タカオ K

国際戦略アドバイザー
(ハーバード大学脳科学センター教授)

Chromatin dynamics and evolution

クロマチン動態と進化

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

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

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


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

BERGER, Frederic

International Strategic Advisor
(Senior group leader, Gregor Mendel Institute)

ベルシエ, フレデリック

国際戦略アドバイザー
(グレゴール・メンデル研究所シニアグループリーダー)

Epigenetics and chromatin

エピジェネティクスとクロマチン

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

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

Division of Nucleic Acid Chemistry 核酸化学客員研究部門


<http://research.fhcrc.org/henikoff/en.html>

HENIKOFF, Steven

Visiting Professor
(Member, Fred Hutchinson Cancer Research Center)

ヘニコフ, スティーブン

客員教授
(フレッド・ハッチンソンがん研究センターメンバー)

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

反応拡散メカニズムによるバクテリア細胞分裂過程の空間的制御

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

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

Division of Nucleic Acid Chemistry 核酸化学客員研究部門


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

MIZUUCHI, Kiyoshi

Visiting Professor
(Distinguished Investigator, NIDDKD, NIH)

水内 清

客員教授
(米国国立保健研究所卓越研究者)

Development of technologies for genome editing and optogenetics

ゲノム編集と光遺伝学のための新規技術開発

私たちは、健康・疾患状態の脳機能を研究するため、ゲノム編集、光遺伝学のテクノロジー開発・応用を行っています。これらの新規技術が、私たちの脳疾患とその治療に対する理解を深めてくれることを期待しています。

Our group is developing and applying molecular and optical technologies for probing brain function in health and disease. We hope that these new approaches will improve our understanding and treatment of brain diseases.

Division of Cytoplasmic Genetics 細胞質遺伝客員研究部門


<http://zlab.mit.edu>

ZHANG, Feng

Visiting Associate Professor
(Assistant Professor, McGovern Institute for Brain Research at MIT)

チャン, フェン

客員准教授
(マサチューセッツ工科大学マクガヴァン脳研究所助教授)

DNA Replication: Mechanism, Regulation and Misregulation

DNA複製：メカニズム、制御、破綻

酵母と哺乳動物細胞の遺伝学的・細胞生物学的手法と精製タンパク質からの再構成系を用いて、細胞周期ごとにどのようにゲノムが効率よく完全に複製されるのかを理解することを目標としています。

We aim to understand how our genomes are replicated efficiently and completely in each cell cycle using biochemical reconstitution with purified proteins alongside genetics and cell biology in yeast and mammalian cells.

Division of Cytoplasmic Genetics 細胞質遺伝客員研究部門



<http://www.crick.ac.uk/john-diffley>

DIFFLEY, John F.X.

Visiting Professor
(Associate Research Director, The Francis Crick Institute)

ディフリー, ジョン F.X.

客員教授
(フランシスクリック研究所アソシエイトリサーチディレクター)

Organogenesis in vertebrates

脊椎動物の器官形成

私たちは、中胚葉由来（心臓・血管系）および内胚葉由来（膵臓・肺・肝臓）の臓器の器官形成研究を行っています。私たちの目的のひとつは、脊椎動物の器官形成を単一細胞レベルで理解することです。

We investigate questions related to organogenesis of mesodermal (heart, vasculature) and endodermal (pancreas, lung, liver) organs using zebrafish and mouse. One goal of our studies is to gain understanding of vertebrate organ development at the single-cell level.

Division of Physiological Genetics 生理遺伝客員研究部門



<http://www.mpi-hlr.de/index.php?id=18&L=1>

STAINIER, Didier

Visiting Professor
(Director, MAX Planck Institute)

スタニア, ディディエ

客員教授
(マックスプランク研究所ディレクター)

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.

Division of Theoretical Genetics 理論遺伝客員研究部門



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

FU, Yun-Xin

Visiting Professor
(Professor, School of Public Health, University of Texas Health Science Center at Houston)

フー, ユンシン

客員教授
(テキサス大学ヒューストン健康科学センター公衆衛生学部教授)

Developing methods for evolutionary analyses of DNA and protein sequences

DNA及びタンパク質配列の進化を解析するための方法論の開発

種間系統樹を作成するための統計モデル・メソッドの開発、および特に適応進化に注目した分子進化メカニズムの研究を行っています。また集団遺伝学の理論的研究も行っています。

I am interested in developing statistical models/methods for reconstructing species phylogenies and in understanding the mechanisms of molecular evolution, especially adaptive evolution. I am also interested in theoretical population genetics.

Division of Theoretical Genetics 理論遺伝客員研究部門



<http://abacus.gene.ucl.ac.uk/ziheng/>

YANG, Ziheng

Visiting Professor
(Professor, University College London)

ヤン, ジーヘン

客員教授
(ユニヴァーシティ・カレッジ・ロンドン教授)

Human genetic variation and disease

ヒトゲノム変異と病気

私どもの研究室はさまざまな疾患遺伝子について研究してきました。それらはメンデル型遺伝病から複合疾患にいたります。同時に mobile element の病気への関与および集団遺伝学的観点からの研究を行っています。

We study human genetic variation to make inferences about human evolutionary history and to understand the ways in which genes contribute to disease.

Division of Applied Genetics 応用遺伝客員研究部門



<http://www.genetics.utah.edu/lynne-b-jorde/>

JORDE, Lynn

Visiting Professor
(Professor, University of Utah School of Medicine)

ジョーデ, リン

客員教授
(ユタ大学医学部教授)

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



(2017年度実績)

知的財産 Intellectual Property	件数 QUANTITY
特許出願 Patent application	5件
特許登録 Patent registration	2件
ライセンス、有償MTA契約 License agreement	13件
MTA Material Transfer Agreement	1,053件

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

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

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

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

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

Selected Publications

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

鈴木睦昭 (2014). 学術研究分野における名古屋議定書の国内措置検討の課題 植物科学最前線 5, 67-73.

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

NIG INNOVATION

産学連携・知的財産室



SUZUKI, Mutsuaki
Director
鈴木睦昭 室長

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



Strengthening and support of research

研究力の強化・支援



リサーチ・アドミニストレーター室（ORD）は、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の活動をしています。

ワークショップ企画や異分野交流の仲介、論文発表やプレゼンテーションについての議論や助言、研究費申請のサポート、国際連携活動などを通じ、研究者が新しいアイデアに挑戦するための手助けをします。このような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。研究所の広報活動、IR（Institutional Research）活動や遺伝研で開発された科学プレゼンテーションカリキュラム（遺伝研メソッド）の普及・啓発活動も担当しています。

Office for Research Development (ORD) offers various help to those involved in research. Our activities include organizing workshops, mediating collaborative research, discussion and advice on manuscripts and scientific presentations, grant-application support, and arrangements of international cooperation. Synergizing with the superb research environment and the interactive atmosphere of NIG, we aim to contribute to the strengthening of research activity of the scientific community. ORD also takes part in the public relationship, IR (Institutional Research) of the institute, as well as activities to disseminate the scientific presentation curriculum (NIG Method) developed at NIG.

Writings and Talks

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

来栖光彦, 磯野靖子, 岡本基, 小川洋子, 笹山浩二, 蓮池岳司, 横尾成子 (2017). 大学への貢献を可視化: 共同利用・共同研究の改善に向けた取り組み. RA協議会第3回年次大会 (2017.8.29-30).

広海 健 (2017). 研究発表の新機軸: 「遺伝研メソッド」による研究力強化とグローバル化支援. 総研大全学的英語教育事業セミナー (2017.12.26).

Office for Research Development

リサーチ・アドミニストレーター室



HIROMI, Yasushi
Director
広海 健 室長



KURUSU, Mitsuhiko
Chief URA
来栖光彦 主任URA

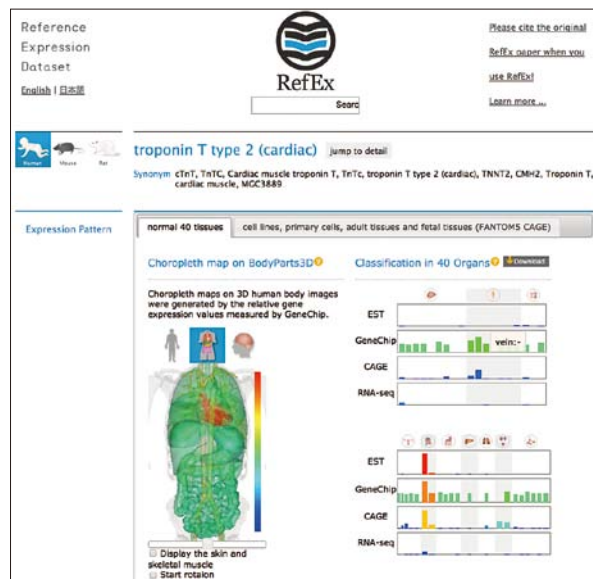


SEINO, Hiroaki
Assistant Professor
清野浩明 助教

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


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



遺伝子発現解析の基準となるデータを快適に検索可能なウェブツール「RefEx」(<http://refex.dbcls.jp/>)。遺伝子発現状況の詳細の画面で、遺伝子発現量を人体3Dモデルと測定手法別で一覧可能。

RefEx is a web tool for a comfortable search of reference data for gene expression analysis (<http://refex.dbcls.jp/>). Relative expression levels of troponin T types 2 gene among various tissues measured by four different methods are shown in the right panels. In the left expression levels are reflected on 3-D human model.

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

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

Selected Publications

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

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

Naito, Y., Hino, K., Bono, H., and Ui-Tei, K. (2015). CRISPRdirect: software for designing CRISPR/Cas guide RNA with reduced off-target sites. *Bioinformatics* 31, 1120-1123.

Database Center for Life Science (DBCLS)

ライフサイエンス統合データベースセンター

Members at NIG 遺伝研で研究しているメンバー

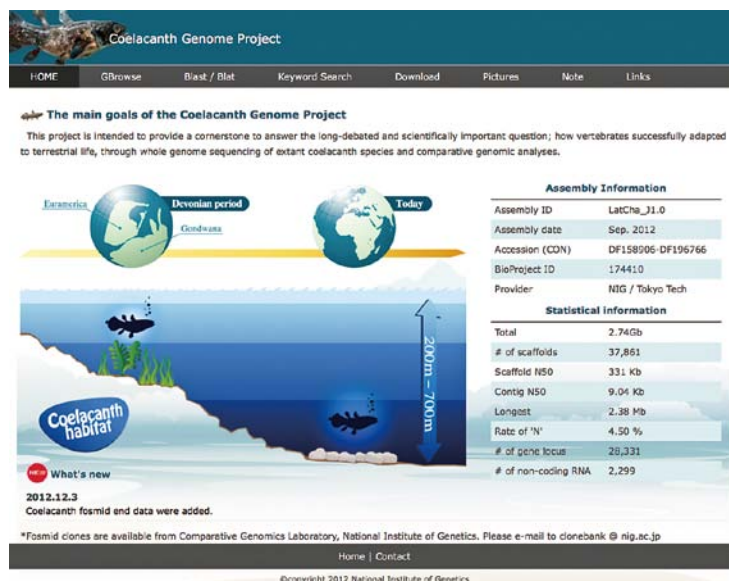
BONO, Hidemasa Project Associate Professor	ONO, Hiromasa Project Assistant Professor
坊農秀雅 特任准教授	小野浩雅 特任助教
NAITO, Yuki Project Assistant Professor	NAKAZATO, Takeru Project Assistant Professor
内藤雄樹 特任助教	仲里猛留 特任助教
OHTA, Tazro Researcher	
大田達郎 研究員	

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

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

Center for Genome Informatics (CGI)

ゲノムデータ解析支援センター



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

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

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

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

Selected Publications

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

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

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

Center for Genome Informatics (CGI)

ゲノムデータ解析支援センター

Members at NIG 遺伝研で研究しているメンバー

NOGUCHI, Hideki Head

野口英樹 センター長

KONDO, Shinji Project Associate Professor

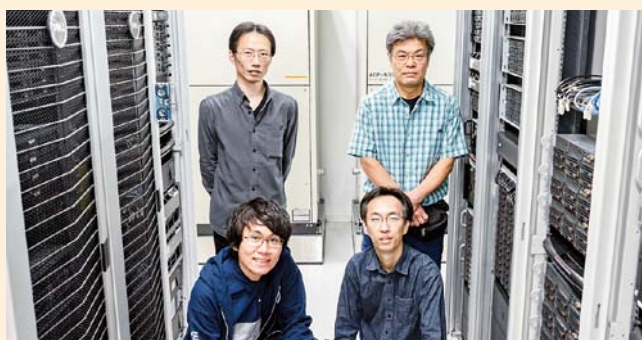
近藤伸二 特任准教授

FUKUTA, Kentaro Postdoc

福多賢太郎 博士研究員

TERAUCHI, Makoto Postdoc

寺内 真 博士研究員

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



Intellectual Infrastructure and Collaborative Research

共同利用・共同研究

Genetic Resource Center

生物遺伝資源センター

生物遺伝資源センターは、バイオリソース事業部とデータベース事業部の2部門で以下の内容の事業を進めています。バイオリソース事業部では、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、ヒドラなどの生物種について、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ともに、野生種系統の解析や情報整備も行い、それらの安定維持と国内外の大学や研究機関への分譲サービスを行っています。またデータベース事業部では、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下記公開サイトから世界中に発信しています。特に、大腸菌／枯草菌、イネ、ショウジョウバエ、ゼブラフィッシュでは、日本医療研究開発機構（AMED）のナショナルバイオリソースプロジェクト（NBRP）に参画し、各生物種の中核またはサブ機関として活動しています。さらにデータベース事業部は、NBRPの情報センターとしての役割も果たしており、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 two divisions of “Bioresource Division” and “Database Division”. The Bioresource Division takes responsibility for development, preservation and distribution of forefront bioresources of various organisms including *E. coli*/B. subtilis, Rice, Mouse, *Drosophila*, Zebrafish, *C. elegans* and *Hydra*, and of collected wild species of those organisms. The Database division makes the above information available to the public through web sites shown below. The BRC/NIG participates actively in the “National Bioresource Project (NBRP)” under the organization of Japan Agency for Medical Research and Development (AMED), in the Cabinet Office of Government of Japan, and takes a role for management of *E. coli*/B. subtilis, Rice, *Drosophila* and Zebrafish as central or sub-central organization for each organism in the project. Furthermore, the Database Division also contributes to NBRP as the national center of bioresource information, by taking responsibility for development and management of the relevant databases.

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

ホーム	遺伝研について	研究	大学院	研究支援事業	モデル生物リソース	人材・キャリア	社会に向けての活動
Mouse - Mouse Genetic Resources  - Mouse Genome Database  - Mouse Phenotype Database  - Japan Mouse/Rat Strains (JMSR)  - Microsatellite Data Base of Japan (MMDBJ) 		Drosophila - Drosophila Strains (NIG-FLY)  - Segmentation Antibodies 		C. Elegans - Gene Expression Database (NEXTDB)  - cDNA library 		E. Coli - Strain/Vector/Antibody  - Genome Database (PEC)  - TEC Database 	
Zebrafish - zTRAP  - Knock Out Fish Project 		Rice (Oryzabase) 		S. Japonicus (JapoNet) 		Bacillus subtilis 	
Hydra 		Coelacanth 		Xenopus laevis 		NBRP – National BioResource Project 	
SHIGEN – Shared Information of Genetic Resources 		RRC – Research Resource Circulation 					

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.

Genetic Resource Center 生物遺伝資源センター



NIKI, Hironori
Head, Genetic Resource Center
Division Head, Division of Bioresources Management

仁木宏典
センター長（兼）バイオリソース事業部長（兼）



KAWAMOTO, Shoko
Division Head, Division of Bioresources Databases

川本祥子
データベース事業部長（兼）

□バイオリソース事業部 Division of Bioresources Management

SHIROISHI, Toshihiko Professor

城石俊彦 教授（兼）

KAWAKAMI, Koichi Professor

川上浩一 教授（兼）

SAITO, Kuniaki Professor

齋藤都暁 教授（兼）

SATO, Yutaka Professor

佐藤 豊 教授（兼）

KOHARA, Yuji Project Professor

小原雄治 特任教授（兼）

SAKAI, Noriyoshi Associate Professor

酒井則良 准教授（兼）

IKEO, Kazuho Associate Professor

池尾一穂 准教授（兼）

NONOMURA, Ken-ichi Associate Professor

野々村賢一 准教授（兼）

TAKADA, Toyoyuki Assistant Professor

高田豊行 助教（兼）

ASAKAWA, Kazuhide Assistant Professor

浅川和秀 助教（兼）

MUTO, Akira Assistant Professor

武藤 彩 助教（兼）

KAWASAKI, Toshihiro Assistant Professor

河崎敏広 助教（兼）

KONDO, Shu Assistant Professor

近藤 周 助教（兼）

MIYOSHI, Keita Assistant Professor

三好啓太 助教（兼）

AOKI, Keita Assistant Professor

青木敬太 助教（兼）

SUZUKI, Toshiya Assistant Professor

鈴木俊哉 助教（兼）

TAKAHASHI, Misuzu Assistant Professor

高橋美鈴 助教（兼）

TSUDA, Katsutoshi Assistant Professor

津田勝利 助教（兼）

Advanced Genomics Center

先端ゲノミクス推進センター

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

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

■ 先端ゲノミクス推進センターの活動

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

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



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

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

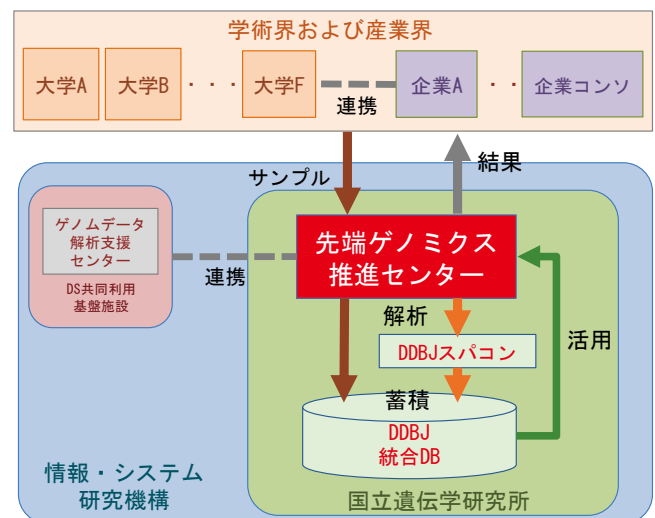
- 動物：ヒト、ラット、マウス、チンパンジー、ニホンザル、クジラ、イヌ、コウモリ、スナグサ、ワラビー、アフリカツメガエル、シーラカンス、メダカ、線虫、ショウジョウバエ、アゲハ、カイコ、クワコ、クマシなど
- 植物：イネ、シロイヌナズナ、アサガオ、ナンヨウアブラギリ、トマト、ヒメツリガネゴケ、サンゴ共生褐虫藻、緑藻類、紅藻類、微細藻類など
- 微生物：ヒト常在菌、病原菌、光合成菌、極限領域生息細菌類、シロアリ共生細菌類、難培養細菌
- メタゲノム：ヒト（腸内、皮膚、口腔）、海洋、河川、湖沼、土壌、温泉、活性汚泥、工業廃水

Advanced Genomics Center 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)

KOHARA, Yuji Project Professor
小原雄治 特任教授 (兼)
FUJIYAMA, Asao Project Professor
藤山秋佐夫 特任教授 (兼)
TOYODA, Atsushi Project Professor
豊田 敦 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)
KONDO, Shinji Project Associate Professor
近藤伸二 特任准教授 (兼)

MORI, Hiroshi Assistant Professor
森 宙史 助教 (兼)

DDBJ Center

DDBJセンター

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

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

DDBJへ登録する研究者は国内が殆どで、アジア諸国や中近東の研究者も少し含まれます。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。

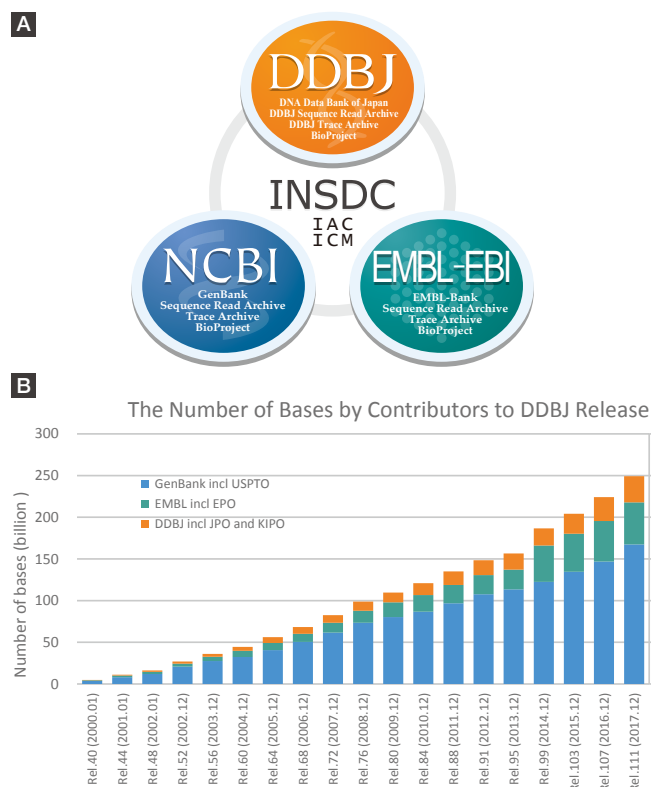
センターでは国内研究者向けにスーパーコンピュータ (スパコン) の無償貸出もおこなっています。毎年500名以上の登録者がスパコンを利用した生命科学研究を実施しています。

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 500 registered users conduct life science research on our supercomputer system.

DDBJ Center DDBJセンター



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



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



NAKAMURA, Yasukazu
Division Head, Database Division
中村保一
データベース部門長 (兼)

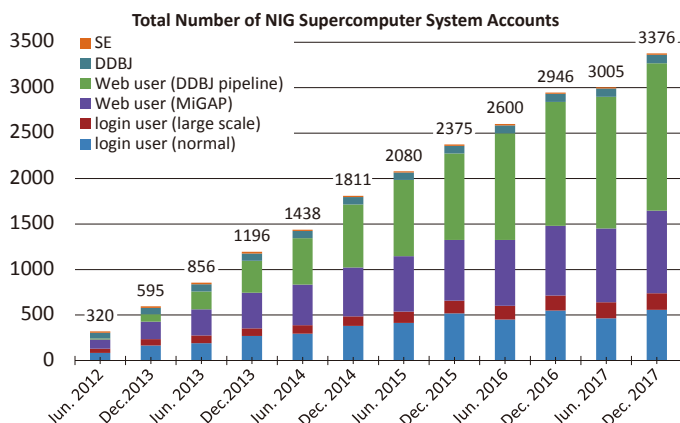
□DDBJセンター DDBJ Center

TAKAGI, Toshihisa
高木利久 (兼)
OKUBO, Kousaku
大久保公策 (兼)

KAMINUMA, Eli
神沼英里 (兼)
KAWASHIMA, Takeshi
川島武士 (兼)

NIG Supercomputer System

国立遺伝学研究所スーパーコンピュータシステム



遺伝研は、国際塩基配列データベース（INSD）構築および大学共同利用機関としての計算機資源の研究者への提供を目的として、スーパーコンピュータシステムの運用を行っています。

2013年から、個人に由来する遺伝学的データと匿名化された表現型情報の制限公開データベース（JGA）構築のための計算インフラの提供を開始しています。

遺伝研スパコンは生命系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。現行システムは2012年より運用を開始し、2014年の中間増強と2018年3月の大規模なストレージの増強を経て、大規模なデータ解析を可能とするための大型の高速ストレージシステム（Lustre ファイルシステム）10PBを持ち、これが最新鋭の分散メモリ型計算機システム（thin 計算ノード）と共有メモリ型計算機システム（Medium 計算ノード、Fat 計算ノード）から利用可能となっています。さらに INSD および JGA のデータを保存するための大容量ストレージ35.5PB（20.5PB ディスク + 15PB テープ）を備えています。（下表参照）

ユーザ登録は随時受け付けており、ログインサービスの他、次世代シーケンサーの解析パイプライン（DDBJ Read Annotation Pipeline）および微生物ゲノムアノテーションパイプライン（MiGAP）が利用可能となっています。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 with the aim of contributing to the development of the International Nucleotide Sequence Database (INSD) and providing computational resources to researchers, as an Inter-University Research Institute. In 2013 NIG began providing computational infrastructure for the development of a restricted-access database (JGA) of genetic data derived from individuals and anonymized phenotypic information.

The key features of the NIG Supercomputer System are that it serves an analysis environment specializing in the life sciences together with the comprehensive set of public DNA sequence data. The current system starting its operation in 2012, through an enhancement in 2014 and an extensive storage enhancement in March 2018, has 10 PB of a large-scale high-speed storage system (Lustre file System) which is available from state-of-the-art distributed memory type computer system (thin calculation node) and shared memory type computer system (Medium calculation node, Fat calculation node). It also has a massive volume storage of 35.5 PB (20.5 PB disk + 15 PB tape) for storing INSD and JGA data. (See table below)

Users can register at any time, and in addition to login services, they can make use of a next-generation sequence analysis pipeline (DDBJ read pipeline), as well as the Microbial Genome Annotation Pipeline (MiGAP). For details, please visit the NIG Supercomputer System web site (<https://sc.ddbj.nig.ac.jp/>) [This URL belongs to the Japanese version of the NIG Supercomputer System web site.].

項目 Items	機器仕様・用途概要 Specifications	導入数量 Amount of hardware
1 Thin 計算ノード Thin node	Memory 64GByte CPU Xeon E5-2670×2 16 Core Memory 64GByte CPU Xeon E5-2680v2×2 20 Core	352 node (64 台に GPGPU 搭載) 202 node (64 台に GPGPU, 32 台に Xeon Phi 搭載)
2 Medium 計算ノード Medium node	Memory 2TByte CPU Xeon E7-4870 ×10 80 Core	10 node
3 Fat 計算ノード Fat node	Memory 10TB CPU Intel Xeon E7-8837 768 Core	1 node
4 大容量ストレージ Large scale storage system	DDBJ データベース構築および関連プロジェクト用 For the construction of DDBJ databases and related projects.	35.5 PB (Disk: 20.5PB, Tape: 15PB)
5 ディスク装置 (高速領域) High performance storage	並列ファイルシステム Lustre により全計算ノードからの高速並列アクセスが可能なディスク領域。ホーム/scratch 領域に利用 Every computing node can access the high performance storage via Lustre file system. This storage used as home area or job scratch area	10 PByte

表1 2012年、2014年、2018年導入計算機システム概要 Table1 Computing system installed in 2012, 2014, and 2018.

Platform for Advanced Genome Science (PAGS)

先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム（略称：先進ゲノム支援）

生命の理解のためには大量かつ高精度のDNA配列解析が以前にも増して重要になっていますが、これを推進するには実験・情報解析の両面での大規模かつ最先端の解析システムの整備と共有が必須です。「先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム（先進ゲノム支援）」は文部科学省科学研究費助成事業の新学術領域研究『学術研究支援基盤形成』に2014年から6年間の予定で採択されたもので、最先端のゲノム解析及び情報解析のシステムを整備し、科研費課題から公募により選定された課題（毎年100件程度）の支援等を通じて我が国のゲノム科学ひいては生命科学のピーク作りとす野拡大を進めます。

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

■ 大規模配列解析拠点ネットワーク支援活動

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

■ 高度情報解析支援ネットワーク活動

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

これらの支援活動を推進するために、国立遺伝学研究所を中核機関とし、参加する班員が所属する主な機関を連携機関とするネットワークを形成し、分担して支援及びその高度化にあたります（図B）。研究支援代表者の下、現在研究支援分担者22名、連携研究支援者25名、総勢48名の班員が全国16の大学・研究機関（部局数は25）から参加しています。

In order to understand life, massive and highly accurate DNA sequence analysis has become more important than before. To meet this situation, it is essential to develop a large-scale and state-of-the-art genome analysis system and to share it with the research community. Platform for Advanced Genome Science (PAGS) was adopted for this purpose for six years from 2014 as a platform in Grant-in-Aid for Scientific Research (KAKENHI) on Innovative Areas — Platforms for Advanced Technologies and Research Resources funded by MEXT. We provide such a genome analysis system for researchers who are granted KAKENHI and selected by the selection committee.

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

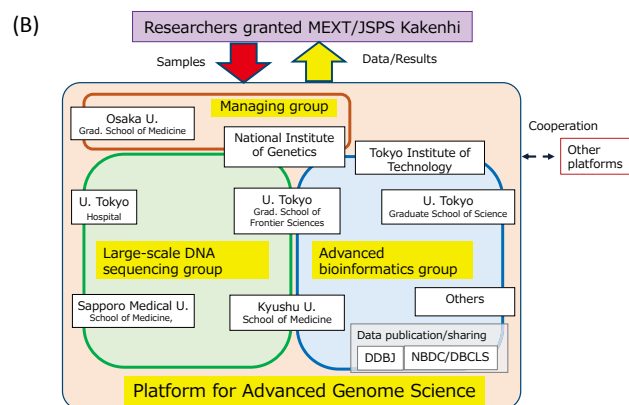
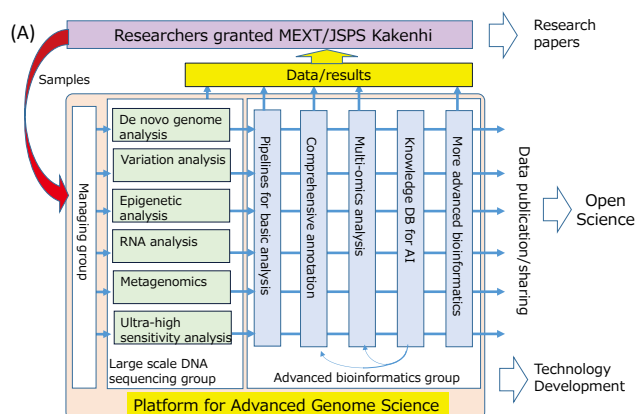
■ Large-scale DNA sequence analysis

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

■ Advanced bioinformatics analysis

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

To promote the PAGS activity, the National Institute of Genetics as the core institution of PAGS has established a network for cooperation with the institutions to which the participating members belong to promote the PAGS activity. Currently 48 members in total are participating in PAGS from 16 universities and research institutes (25 departments).



Members at NIG 遺伝研で活動する参加班員

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



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

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

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

□ 高度情報解析 Advanced bioinformatics group

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

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

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

参加研究機関

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

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、2017年度も計103件の共同研究と計18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 collaborative research between NIG and universities or other institutes. In order to offer collaborative research opportunities to researchers, NIG has been conducting "Collaborative Research" and "Research Meeting" between researchers inside and outside of NIG.

As shown in the next page, many collaborative researches are held every year. In 2017, 103 Collaborative Researches and 18 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.

Developmental genetic studies on the morphogenesis and meristem function of rice

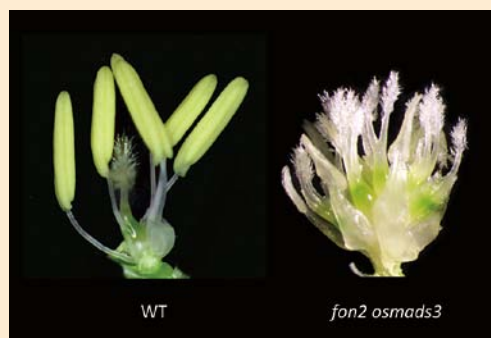
イネの形態形成とメリステム機能に関する発生遺伝学的研究

東京大学
大学院理学系研究科
安居佑季子 学振PD
平野博之 教授

School of Science
The University of Tokyo
YASUI, Yukiko, Postdoctoral Fellow (JSPS)
HIRANO, Hiro-Yuki, Professor

花メリステムにおける幹細胞の有限性の制御機構の解明は、植物発生学の中でも重要な課題の1つである。私たちは、幹細胞の維持が不全となった *fon2* 変異を昂進する原因遺伝子として *OsMADS3* を同定した。この成果をもとに発生遺伝学的研究を進め、*FON2* と *OsMADS3* がイネの花メリステムの有限性とその維持に重要な役割を担っていることを明らかにした。

We revealed that *FON2*, a negative regulator of stem cells, and *OsMADS3*, an organ identity gene, play a crucial role in regulating the determinacy and maintenance of the floral stem cells in rice.



有限性が損なわれた *fon2 osmads3* 二重変異体 (右)
Loss-of-determinacy in the *fon2 osmads3* mutant (right)

▶ Joint Research Meeting

研究会



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

Based on the application from researchers 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

- 1A2017 ヒストンH3K36メチル化酵素による転写とDNA損傷修復の分子共役
2A2017 オミクスとオーキシンデグロン法を組み合わせたクロマチン研究法の開発
3A2017 ヒト細胞におけるDNAポリメラーゼ機能のゲノムワイド解析
4A2017 老化細胞が分泌するcell free DNAの解析
5A2017 オーキシンデグロン法を用いた複製クランプPCNAの新規機能の解析
6A2017 真核生物染色体分配複合体の構造と機能解析
7A2017 光合成能を喪失させた“藻類”における分裂制御メカニズムの解明に向けて
8A2017 ミトコンドリアとリソソームの相互作用における分子メカニズムの解明
9A2017 EphA4シグナルがAB産生過程に及ぼす影響の解析
10A2017 Single-cell manipulation of cerebellar granule cells
11A2017 Intensive Shelf Screen for the Identification of Novel Hindbrain Labeling Zebrafish Transgenic Lines
12A2017 ゼブラフィッシュ触鬚の神経支配
13A2017 シナプス可塑性操作による動物行動操作
14A2017 Using zebrafish to investigate and interfere with activity dependent myelination in vivo
15A2017 Atlas registration of transgene expression

16A2017 Study on development and anatomy of liver in Gal4 transgenic zebrafish lines
17A2017 ゼブラフィッシュ造血幹細胞ニッチの主要構成細胞であるストロマ細胞を特異的に標識するエンハンサートラップシステムの探索
18A2017 Optogenetic dissection of neuron-glia interactions in behavioral circuits

19A2017 Identification of Interneuron Subtypes in the Zebrafish Spinal Cord

20A2017 Identification of Pronephros-specific Enhancer-Trap Lines of Zebrafish
21A2017 インターフェロンラムダ遺伝子族の進化機能解析
22A2017 オーストリック民族の起源・民族移動過程の検証：インドシナ半島・島嶼部間の少数民族を中心に
23A2017 ゲノムデータに基づく分子進化のほぼ中立モデルの理論的研究
24A2017 イトヨの脳における浸透圧調節を司る最重要因子の同定
25A2017 タンガニイカ湖産鱈食魚の利きに関わる遺伝子の同定
26A2017 スラウエシ島のメダカにおける性染色体ターンオーバーの進化的役割
27A2017 薬物代謝酵素カルボキシルエステラーゼの消化器癌における発現調節機構の解明
28A2017 NICU入院児におけるグルコシルコリドレセプター遺伝子メチル化の解析
29A2017 増幅遺伝子のゲノムDNAコピー数減少の分子機構解明
30A2017 HLA-omicsに基づく薬剤副作用予防診断システムの構築
31A2017 Transcriptome Profiling of Tobacco induced Oral Squamous Cell Carcinoma of South India using Next Generation Sequencing
32A2017 高温ストレス活性型レトロトランスポソンのエピジェネティックな転移制御機構の解析
33A2017 ニューロン移動停止の動的解析
34A2017 造血系細胞における神経軸索ガイダンス因子Sema6bの機能解析
35A2017 マイクロフォーカスX線CTを用いた昆虫の気管および筋肉の比較発生学的研究
36A2017 Gsdm遺伝子ファミリーのmutantマウスを用いた炎症性大腸がんに関する研究
37A2017 マウス実験腎炎における腎糸球体半月体形成の遺伝的影響
38A2017 種内多様性を有する頭蓋顔面形態の遺伝学的解析
39A2017 NGLY1欠損症の病態解明を目指した、JF1マウスにおける修飾遺伝子座の同定
40A2017 micro-CTイメージングを用いたマウス骨形態の遺伝学的解析
41A2017 イネの花序形態の制御機構の解明
42A2017 日本産野生マウス由来コンソミック系統を用いた、マウス肺腫瘍発生関連遺伝子のマッピング
43A2017 毛周期の繰り返し回数をカウントするマウス長周期生物時計遺伝子の同定
44A2017 減数分裂の誘導機構に関する研究
45A2017 Notchシグナルの調節因子Tm2d3の機能
46A2017 心筋分化機構の解析
47A2017 雄性生殖細胞の分化過程におけるPramef12の機能解析
48A2017 マウスの集団内順位が過剰な攻撃行動に及ぼす影響
49A2017 野生由来コンソミックマウス系統群を用いたアルコール嗜好性の遺伝子メカニズム解析
50A2017 マウス順向遺伝学を用いた情動伝染にかかわる遺伝子の探索
51A2017 Prkar1b変異マウスの行動学的解析
52A2017 聴覚過敏モデルマウスの聴覚機能の行動実験による解析
53A2017 琵琶湖固有魚ホンモロコシ生殖細胞の未分化維持、*in vitro*分化培養の開発
54A2017 ゼブラフィッシュにおける性転換の起源となる未分化生殖細胞の同定と分離培養
55A2017 低線量放射線被曝がシロサケ孵化稚魚に及ぼす遺伝的影響
56A2017 イネにおける種子休眠・発芽制御の分子メカニズムの解明
57A2017 植物免疫制御ペプチドによるイネの成長制御に関する分子遺伝学的解析
58A2017 イネ科植物の維管束細胞分化における転写制御ネットワークの解析
59A2017 外生乳酸菌による植物成長促進機構の解明と局所微生物相変化についての遺伝学的検証
60A2017 大腸菌染色体の新奇分配因子CrfCダイナミンホモログのタイムラプス動態解析
61A2017 バクテリアアクチンによる細胞極性制御機構の解析
62A2017 3種から構成される人工生態系の長期培養における大腸菌の進化：全ゲノムDNA配列と形質の解析
63A2017 DNA二本鎖切断修復に関与するRecN SMC様タンパク質の機能解析
64A2017 チェックポイントタンパク質Rad9の分裂期キナーゼによるリン酸化の普遍的意義

研究代表者

- 千葉大学 大学院理学研究科 浦 聖恵
大阪大学 大学院理学研究科 小布施力史
東北大学 学際科学フロンティア研究所 大学保一
がん研究会がん研究所 がん生物部 高橋暁子
九州大学 大学院理学研究院 高橋達郎
東京理科大学 大学院基礎工学研究科 西野達哉
京都大学 地球環境学堂 神川龍馬
琉球大学 研究基盤センター 八木沢芙美
東京大学 大学院薬学系研究科 富田泰輔
The University of Texas at Austin, Dept. Neuroscience Hiroshi Nishiyama
Centre for Integrative Neuroscience, Aristides Arrenberg
University Tuebingen
鹿児島大学 大学院理工学研究科 池永隆徳
青山学院大学 理工学部 平田晋三
The Institute of Anatomy, University of Bonn, Germany Changsheng Liu
National Institute of Child Health and Human Development, Harold Burgess
Section on Behavioral
University of Yangon Zoology Department Moe Thida Htway
パスツール研究所 発生・幹細胞生物学部門 村山英未

University of California, UC Berkeley, Shih-Wei Chou
Department of Molecular and Cellular Biology
Karlsruhe Institute of Technology, Uwe Strähle
Institute of Toxicology and Genetics
University of Michigan Weibin Zhou
東海大学 マイクロ・ナノ研究開発センター 上田真保子
天理大学 国際学部 奥島美夏
九州大学 大学院理学研究院 館田英典
静岡大学 理学部 日下部 誠
富山大学 大学院医学薬学研究部(医学) 竹内勇一
琉球大学 熱帯生物圏研究センター 山平寿智
順天堂大学 医学部附属静岡病院外科 折田 創
順天堂大学 医学部附属静岡病院小児科 寒竹正人
鹿児島大学 医歯学総合研究科分子腫瘍学分野 古川龍彦
金沢大学 医薬保健研究域医学系 細道一善
University of Madras A. K. Munirajan

北海道大学 大学院理学研究院 伊藤秀臣
中部大学 生命健康科学部 榎原 明
東京大学 医科学研究所先端医療研究センター 福山朋房
京都大学 大学院農学研究科 大出高弘
順天堂大学 医学部附属静岡病院外科 折田 創
順天堂大学 医学部附属静岡病院腎臓内科 清水芳男
慶應義塾大学 商学部 新屋みのり
理化学研究所 グローバル研究クラスター 鈴木 匡
理化学研究所 バイオリソースセンター 田村 勝
東京大学 大学院理学系研究科 平野博之
香川大学 総合生命科学研究センター 宮下信泉
長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部 山本博章
熊本大学 発生医学研究所 発生制御部門 石黒啓一郎
国際医療福祉大学 医学部 北川元生
広島大学 大学院医歯薬保健学研究院 小久保博樹
長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部 中村肇伸
早稲田大学 人間科学学術院 掛山正心
東京都医学総合研究所 依存性薬物プロジェクト 笠井慎也
麻布大学 獣医学部 菊水健史
京都大学 医学研究科 庫本高志
長岡技術科学大学 生物機能工学専攻 霜田 靖
立命館大学 薬学部 高田達之
静岡大学 理学部 徳元俊伸
東北大学 大学院農学研究科 中嶋正道
静岡大学 理学部 木崎暁子
奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科 西條雄介
奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科 出村 拓
愛媛大学 理工学研究科(理学系) 井上雅裕
九州大学 大学院薬学研究院 片山 勉
立教大学 理学部 塩見大輔
愛媛大学 大学院理工学研究科 中島敏幸
学習院大学 理学部 菱田 卓
京都大学 放射線生物研究センター 古谷寛治

研究課題

- 65A2017 ショウジョウバエ成虫脳のグリアサブタイプ特異的に発現する遺伝子の機能解析
 66A2017 生細胞内における高次クロマチン構造の解析
 67A2017 HP1 による動的クロマチン構造変換の制御
 68A2017 微小重力環境におけるオルガネラ恒常性についての解析
 69A2017 シナプス前終末でのミトコンドリア減少によって引き起こされる神経軸索変性のメカニズム
 70A2017 細胞内オルガネラゾーンの解析
 71A2017 細胞内小胞輸送に関与するショウジョウバエ分子変異体の機能形態解析
 72A2017 ヒメイカ神経系の電子顕微鏡解析
 73A2017 The mechanism of intercellular-endosomes-mediated cell-to-cell transport in *Drosophila*
 74A2017 セントロメアのクロマチン解析
 75A2017 RNAiによるサンゴ褐虫藻の細胞内共生関連遺伝子の機能解析
 76A2017 ドメインレベルのオゾンログ解析に基づくタンパク質のドメイン構造の進化解析
 77A2017 比較ゲノム解析によるピフィス菌の機能性の解明
 78A2017 ハプロタイプを区別したゲノムアセンブラの開発
 79A2017 デメキン原因遺伝子の同定
 80A2017 リピート配列の新規解析方法
 81A2017 比較ゲノム解析手法による Type III アクネ菌ゲノムの解析
 82A2017 セントロメア特異的なヒストン修飾の分子機構
 83A2017 イネの栽培化関連遺伝子の機能解析
 84A2017 イネにおける葉の表皮構造の遺伝的制御機構の解析
 85A2017 イネ花粉突然変異体 *waf1* の解析
 86A2017 イネの形づくりと分裂組織の維持に関する遺伝学的研究
 87A2017 植物の生殖細胞系列におけるレトロトランスポゾン LORE1a の転写機構の解析
 88A2017 日本産ゲンジおよびヘイケボタルのゲノム解析と遺伝子の地域間比較による多様性解析
 118A2017 Genetic Profiling of Iron Age Human Remains from the Altay Mountains, Kazakhstan
 119A2017 冠動脈病変の重症化に関与する遺伝子候補の同定
 120A2017 Investigation of the effects of microRNA arm-switching in zebrafish
 121A2017 Transgenic Gal4 fish lines Shelf-Screen

研究代表者

- 杏林大学 医学部 栗崎 健
 早稲田大学 理工学術院 胡桃坂仁志
 基礎生物学研究所 クロマチン制御研究部門 中山潤一
 東京女子医科大学 看護学部 榊 建二郎
 首都大学東京 理工学研究科 安藤香奈絵
 立教大学 理学部 後藤 聡
 東邦大学 理学部 菅根雅紀
 北海道大学 大学院理学院 田中暢明
 Institute of Molecular Medicine, Jui-Chou Hsu
 National Tsing Hua University
 大阪大学 大学院生命機能研究科 深川竜郎
 筑波大学 生命環境系 湯山育子
 基礎生物学研究所 ゲノム情報研究室 内山郁夫
 東京農業大学 生物産業学部 遠藤明仁
 東京工業大学 生命理工学院 伊藤武彦
 大阪大学 蛋白質研究所 大森義裕
 東京医科歯科大学 大学院脳神経病態学分野 尾崎 心
 岡山大学 大学院医歯薬学総合研究科 富田秀太
 大阪大学 大学院生命機能研究科 堀 哲也
 神戸大学 大学院農学研究科 石井尊生
 東京大学 大学院農学生命科学研究科 伊藤純一
 秋田県立大学 生物資源科学部 上田健治
 東京大学 大学院理学系研究科 田中若奈
 新潟大学 自然科学系 深井英吾
 鹿児島大学 学術研究院理工学域理学系 加藤太一郎
 Astana Medical University, Ayken Askapuli
 Department of Molecular Biology and Medical Genetics
 神戸大学 大学院医学研究科 塩見雅志
 Sao Paulo State University (UNESP), Brazil Danilo Pinhal
 IIM-CSIC Josep Rotllant
 (Spanish National Council for Scientific Research)

共同研究 (B)

研究課題

- 89B2017 ゼブラフィッシュ鱗における幹細胞の同定と解析
 90B2017 Somatic mutation detection in primary central nervous systems lymphoma
 91B2017 ノックアウトマウスを用いた新生仔の生理学的機能性における母乳中ケモカインの役割の検討
 92B2017 Identifying essential genes for early embryogenesis in rice and maize by comparative genomics approach
 93B2017 シナプスの可塑性における Wg シグナルの役割
 94B2017 イネの花粉成熟過程における薬タペト細胞のプログラム細胞死・オートファジー・活性酸素シグナル制御機構の解明

研究代表者

- 北里大学 一般教育部 和田浩則
 The Institutes of Biomedical Sciences, Shanxi University Hua YOU
 Affiliated Hospital of The Academy of Military Medical Sciences
 静岡大学 学術院農学専攻 茶山和敏
 University of Florida Horticultural Sciences Masaharu Suzuki
 Department
 東京工業大学 生命理工学院 鈴木崇之
 東京理科大学 理工学部 朽津和幸

国際共同研究

研究課題

- 95I2017 Genetic and Translational Modeling of Pediatric Fusion Gene-Positive Sarcomas in Zebrafish
 96I2017 Sex determination in zebrafish: a screen for transgenics expressed in transitioning gonads
 97I2017 Understanding the physics and cell biology of animal reflectors
 98I2017 Genomics of parallel evolution in Japanese and European sticklebacks
 99I2017 Control of DNA dynamics: Interplay between DNA compaction and gene expression

研究代表者

- University of Texas Southwestern Medical Center James F. Amatrua
 University of Oregon John H. Postlethwait
 University of Geneva Rita Mateus
 University of Oslo Mark Ravinet
 INSERM / Univ. Lyon, FRANCE LESTERLIN, Christian

研究会

研究課題

- 100R2017 生物種間における遺伝情報の水平移動
 101R2017 哺乳類脳の機能的神経回路の構築メカニズム
 102R2017 ビッグデータ時代の分子進化学研究と人材育成
 103R2017 日本列島(ヤポネシア)人のゲノム歴史学
 104R2017 進化遺伝学における実験的研究と理論的研究の融合
 105R2017 生態と分子をつなぐトゲウオ研究の最前線
 106R2017 生物リズム若手研究者の集い2017
 107R2017 Evo-devo 青年の会 第10回研究会
 108R2017 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
 109R2017 Second Meeting of the Plant Epigenetics Consortium
 110R2017 ラットとマウスで拓く新しい比較実験動物学

研究代表者

- 広島大学 大学院理学研究科 守口和基
 鹿児島大学 大学院医歯薬学総合研究科 田川義晃
 長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部 池村淑道
 北海道大学 大学院情報科学研究科 長田直樹
 国立遺伝学研究所 進化遺伝研究部門 松本知高
 岐阜経済大学 経済学部 森 誠一
 京都大学 大学院生命科学研究科 遠藤 求
 東京大学 大学院理学系研究科 古賀皓之
 国立遺伝学研究所 人類遺伝研究部門 井ノ上逸明
 University of Tsukuba Diana Buzas
 京都大学 医学研究科 庫本高志

研究課題

111R2017 イネ分子遺伝学の方向性
 112R2017 植物RNA研究ネットワーク 第7回シンポジウム
 113R2017 染色体構築と安定化を担う分子機構
 114R2017 単細胞システム細胞内装置の構造と機能
 115R2017 エピジェネティクスの基盤となるクロマチン・細胞核の動的構造変換
 116R2017 細菌の構造と代謝の根幹解析研究会
 117R2017 第2回 生命科学データベースの利用価値向上のためのアノテーションマラソン

研究代表者

東京大学 大学院農学生命科学研究科 伊藤純一
 奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科 大谷美沙都
 群馬大学 先端科学研究指導者育成ユニット 柴田淳史
 京都大学 ウイルス再生医科学研究所 森 博幸
 基礎生物学研究所 クロマチン制御研究部門 中山潤一
 東京農業大学 生命科学部 朝井 計
 ライフサイエンス統合データベースセンター 仲里猛留

Joint Research with the Private Sector

共同研究先

研究課題（研究題目）

研究代表者

契約期間

協和発酵キリン株式会社 株式会社ブリヂストン 株式会社モノクローナル抗体研究所 三菱ケミカル株式会社 田辺三菱製薬株式会社 Genome Research Limited	トランスポソンの哺乳動物細胞への応用に関する研究 パラゴムノキの遺伝子データベース構築 モノクローナル抗体によるクロマチン修飾解析法の評価 メタゲノム情報による微生物叢の機能解析技術に関する研究 創薬ツールとしての遺伝子改変魚の作製 Synthetic growth and lethal screenings with the loss of MCM8/9 using CRISPR/Cas9	初期発生研究部門 教授 川上浩一 大量遺伝情報研究室 教授 中村保一 先端ゲノミクス推進センター 特任教授 藤山秋佐夫 ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕 初期発生研究部門 教授 川上浩一 分子細胞工学研究部門 教授 鐘巻将人	教授 川上浩一 教授 中村保一 特任教授 藤山秋佐夫 教授 黒川 顕 教授 川上浩一 教授 鐘巻将人	'10.01.01~'18.03.31 '17.04.01~'18.03.31 '16.04.01~'18.03.31 '17.04.01~'18.03.31 '16.07.01~'18.03.31 '16.09.20~'19.09.20
アサヒグループホールディングス株式会社 トヨタ自動車株式会社 三菱ケミカル株式会社	大宜味村高齢者由来乳酸菌の全ゲノム比較解析 居住環境中における微生物のヒト心身への影響の研究 工業廃水処理汚泥のメタゲノム解析	生命ネットワーク研究室 教授 有田正規 ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕 先端ゲノミクス推進センター 教授 黒川 顕 特任教授 豊田 敦	教授 有田正規 教授 黒川 顕 教授 黒川 顕 特任教授 豊田 敦	'17.03.17~'17.12.31 '17.08.01~'18.03.31 '17.11.01~'18.03.31
名古屋大学・大日本住友製薬株式会社 理化学研究所 理化学研究所 理化学研究所・東北大学 理化学研究所・九州大学	腸内細菌とパーキンソン病との関係を検討する共同研究 形態異常を示す各種突然変異マウスの解析 微小管形成中心を阻害する低分子化合物の探索 水鳥とカモ類の水かき形成の分子プログラムの理解へ向けた種横断的遺伝子発現解析 メダカ科の尻鰭形態の性的二型の遺伝基盤	ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕 哺乳動物遺伝研究室 教授 城石俊彦 中心体生物学研究部門 教授 北川大樹 哺乳動物遺伝研究室 特任研究員 関 亮平	教授 黒川 顕 教授 城石俊彦 教授 北川大樹 特任研究員 関 亮平	'17.09.07~'19.03.06 '08.04.01~'18.03.31 '16.07.01~'18.03.31 '17.01.10~'18.02.28
理化学研究所・先端医療振興財団	野生由来系統を用いた老化関連遺伝子機能の解明	生態遺伝学研究部門 教授 北野 潤 特任研究員 安齋 賢	教授 北野 潤 特任研究員 安齋 賢	'16.12.01~'18.03.31
海洋研究開発機構 東北大学 東北メディカル・バンク機構 東北大学 東北メディカル・バンク機構	環境影響評価・修復法の開発へ向けた環境メタゲノム解析 ゲノム情報などの機微性が高い情報の震災に備えたバックアップの研究 日本列島人のゲノム多様性に関する研究	哺乳動物遺伝研究室 教授 城石俊彦 助教 高田豊行 比較ゲノム解析研究室 特任教授 豊田 敦 データベース運用開発研究室 教授 高木利久	教授 城石俊彦 助教 高田豊行 特任教授 豊田 敦 教授 高木利久	'17.11.01~'18.03.31 '14.04.01~'19.03.31 '14.08.01~'19.03.31
東海大学 大阪医科薬科大学 大阪大学蛋白質研究所 千葉大学 残留農業研究所	臍帯血を利用した再生医学、免疫学、腫瘍医学研究 小型魚類を用いた新規心臓関連遺伝子の同定と解析 キンギョゲノム解読を目指した研究 Tm2d3 ノックアウトマウスの作成と表現型解析 毒性試験に用いる実験動物の遺伝的基盤整備：近交系マウスを用いたステロイドホルモンに対する感受性を修飾する遺伝子群の解析	集団遺伝研究部門 教授 斎藤成也 人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗 人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗 初期発生研究部門 教授 川上浩一 先端ゲノミクス推進センター 特任教授 藤山秋佐夫 発生工学研究室 教授 相賀裕美子 マウス開発研究室 准教授 小出 剛	教授 斎藤成也 教授 井ノ上逸朗 教授 井ノ上逸朗 教授 川上浩一 特任教授 藤山秋佐夫 教授 相賀裕美子 准教授 小出 剛	'17.04.01~'18.03.31 '15.02.19~'18.03.31 '15.04.01~'18.03.31 '15.07.01~'17.06.30 '16.12.01~'17.11.30 '17.04.01~'18.03.31
国際医療福祉大学 がん研究所 横浜国立大学 名古屋大学 北海道大学	Tm2d3 ノックアウトマウスの作成と表現型解析 細胞老化の生体内における機能解析 マウス Igf2bp33 の機能解析 肢芽の位置特異的形態形成機構の解明 骨細胞特異的アルカリフォスファターゼ、ENPP1 過剰発現マウス骨組織における組織学的検索	発生工学研究室 教授 相賀裕美子 発生工学研究室 教授 相賀裕美子 発生工学研究室 教授 相賀裕美子 発生工学研究室 教授 相賀裕美子 発生工学研究室 教授 相賀裕美子	教授 相賀裕美子 教授 相賀裕美子 教授 相賀裕美子 教授 相賀裕美子 教授 相賀裕美子	'17.06.01~'18.03.31 '17.09.01~'18.08.31 '17.08.01~'18.03.31 '17.10.27~'18.03.31 '18.01.20~'19.03.31
京都大学高等研究院 京都大学iPS細胞研究所 京都大学iPS細胞研究所	中心体複製メカニズムの解明 赤芽球分化におけるクロマチン構造解析 iPS細胞およ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	中心体生物学研究部門 教授 北川大樹 生体高分子研究室 教授 前島一博 初期発生研究部門 教授 川上浩一	教授 北川大樹 教授 前島一博 教授 川上浩一	'17.10.16~'18.03.31 '18.02.16~'21.03.31 '18.02.01~'21.01.31
Konkuk University	Molecular analysis of seed dormancy and germination in wild species of rice	植物遺伝研究室 教授 佐藤 豊	教授 佐藤 豊	'18.01.01~'20.12.31
大日本住友製薬株式会社	野生由来 MSM マウス及びその他遺伝的変異マウス (JF1) を用いた中枢性薬剤の薬理評価	マウス開発研究室 准教授 小出 剛	准教授 小出 剛	'18.03.01~'19.02.28

Commissioned Research

委託者

研究課題（研究題目）

研究代表者

契約期間

科学技術振興機構 科学技術振興機構	高いバイオマス生産能及び環境耐性能を持つ藻類の作出 ゲノム折り畳み・転写動態のイメージングと転写モデルの検証	共生細胞進化研究部門 教授 宮城島進也 生体高分子研究室 教授 前島一博	教授 宮城島進也 教授 前島一博	'12.04.01~'18.03.31 '15.10.01~'19.03.31
----------------------	---	---	---------------------	--

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	包括的1細胞トランスクリプトーム解析と組織多様性のパイオインフォマティクス	遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂	’15.10.01～’19.03.31
科学技術振興機構	ゲノム解析アプリケーション技術に関する研究	DDBJ センター 特任教授 小笠原 理	’15.10.01～’19.03.31
科学技術振興機構	DNAメチル化変動のゲノムワイド解析を中心としたエピゲノム頑健性の理解と設計基盤の構築	育種遺伝研究部門 教授 角谷徹仁	’15.12.01～’19.03.31
科学技術振興機構	植物のタンパク質分解系を応用した高機能RNAウイルスベクター遺伝子操作・細胞改変技術の開発	分子細胞工学研究部門 教授 鐘巻将人	’17.10.01～’19.03.31
科学技術振興機構	植物免疫のエピジェネティック制御機構の解明とその人為的制御	育種遺伝研究部門 助教 稲垣宗一	’17.10.01～’19.03.31
科学技術振興機構	疾患ヒトゲノム変異の生物学的機能注釈を目指した多階層オミクスデータの統合	人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗	’17.04.01～’19.03.31
科学技術振興機構	データサイエンスを加速させる微生物統合データベースの高度実用化開発	ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕	’17.04.01～’19.03.31
科学技術振興機構	弱酸性海水を用いた微細藻類培養系及び利用系の構築	共生細胞進化研究部門 教授 宮城島進也	’17.11.01～’19.03.31
日本医療研究開発機構	病原体による宿主脂質ハイジャック機序の解明と創薬への応用	生命ネットワーク研究室 教授 有田正規	’17.04.01～’18.03.31
日本医療研究開発機構	細胞核のマイクロメカニクスと機械受容メカニズムの解明	定量メカ/バイロジー研究室 准教授 島本勇太	’17.04.01～’18.03.31
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～’18.03.31
日本医療研究開発機構	モデル動物等研究コーディネーティングネットワークによる希少・未診断疾患の病因遺伝子変異候補の機能解析研究	人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗	’17.11.14～’18.03.31
名古屋市立大学（日本医療研究開発機構）	次世代シーケンズデータの解析とアノテーション	遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂	’17.04.01～’18.03.31
理化学研究所（日本医療研究開発機構）	生体試料を用いた大規模機能ゲノミクス解析による創薬等支援及び技術基盤の整備（高度化）	遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂	’17.04.01～’18.03.31
名古屋大学（日本医療研究開発機構）	ゲノム不安定性疾患データベースの構築	大量遺伝情報研究室 教授 中村保一	’17.04.14～’18.03.31
名古屋大学（日本医療研究開発機構）	ゲノム不安定性疾患遺伝子変異データベースの構築	大量遺伝情報研究室 教授 中村保一	’17.04.27～’18.03.31
九州大学（日本医療研究開発機構）	地域と拠点を結び世界へ展開する新規医療技術の研究・開発	遺伝子回路研究室 助教 田守洋一郎	’17.04.01～’18.03.31
農業・食品産業技術総合研究機構	早生カンキツ育種効率化のための選抜育種技術の開発とその利用	大量遺伝情報研究室 助教 神沼英里	’17.04.01～’18.03.30
農林水産省	魚類において生殖系細胞を皮下移植して卵を得る技術の開発	小型魚類開発研究室 准教授 酒井則良	’17.08.23～’18.03.31
日本学術振興会	シングルセルゲノミクスによる中枢神経原発リンパ腫の分子病態理解	人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗	’17.04.01～’19.12.31
日本学術振興会	インド・日本脳動脈瘤患者における感受性領域9p21のゲノムおよびエピゲノム解析	人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗	’17.06.01～’19.01.31
東京工業大学	麹菌株のゲノム解析、機能性の評価と新規発酵デザインプロセスの構築	ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕	’17.06.01～’18.03.31
理化学研究所	ヘテロジニアス・メコーニア計算機による大規模計算科学（ゲノム解析）	ゲノム進化研究室 教授 黒川 顕	’17.11.10～’18.03.31

2017年度 科学技術人材育成費補助金

事 業 名	事業実施センター責任者	事業実施期間
文部科学省 テニユアトラック普及・定着事業	新分野創造センター センター長 相賀裕美子	’15.08.06～’18.03.31

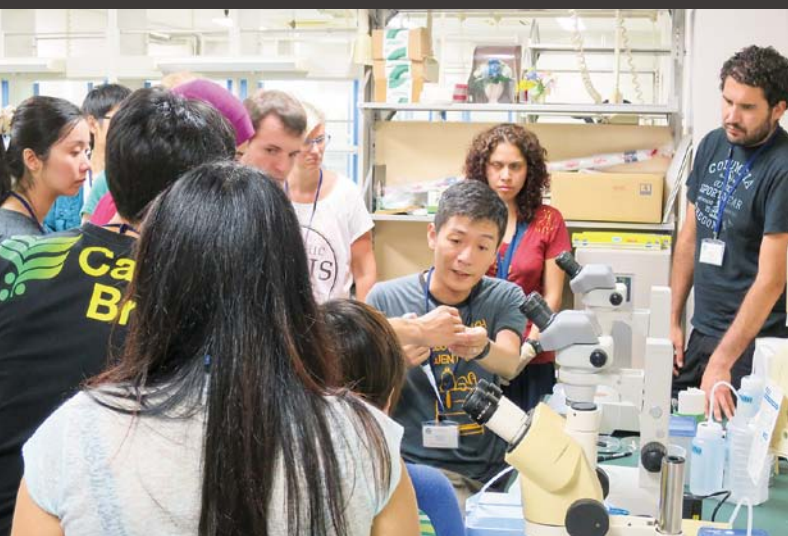
2017年度 医療研究開発推進事業費補助金

ナショナルバイオリソースプロジェクト（NBRP）

研究課題（研究題目）		課題管理者		研究期間
日本医療研究開発機構	イネ属遺伝資源の利活用高度化プロジェクト	植物遺伝研究室	教授 佐藤 豊	’17.04.01～’18.03.31
日本医療研究開発機構	モデル原核生物（大腸菌・枯草菌）リソースの維持、拡充と利用促進	原核生物遺伝研究室	教授 仁木宏典	’17.04.01～’18.03.31
日本医療研究開発機構	ショウジョウバエ遺伝資源の戦略的収集・維持管理および提供	無脊椎動物遺伝研究室	特任教授 上田 龍	’17.04.01～’18.03.31
日本医療研究開発機構	ゼブラフィッシュの収集・保存および提供（トランスジェニックゼブラフィッシュ系統及び近交系ゼブラフィッシュの収集・保存及び提供）	初期発生研究部門	教授 川上浩一	’17.04.01～’18.03.31
日本医療研究開発機構	情報発信体制の整備とプロジェクトの総合的推進	系統情報研究室	准教授 川本祥子	’17.04.01～’18.03.31
日本医療研究開発機構	野生イネ遺伝資源へのゲノム編集技術適用のための基盤技術整備	植物遺伝研究室	教授 佐藤 豊	’17.10.02～’18.03.31
日本医療研究開発機構	系統保存の高信頼化を可能にする基盤技術整備	無脊椎動物遺伝研究室	助教 近藤 周	’17.10.02～’18.03.31
日本医療研究開発機構	日本産愛玩由来 JF1 /Ms 系統の高精細ゲノム情報整備	哺乳動物遺伝研究室	助教 高田豊行	’17.10.02～’18.03.31

International Activities

国際交流



■ 国際交流・国際連携の強化のための活動

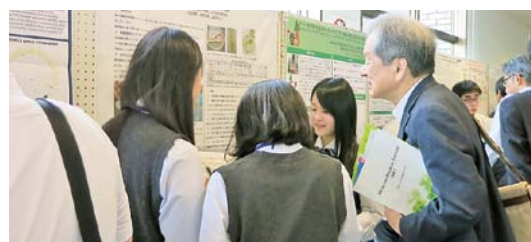
国立遺伝学研究所では国際交流や国際連携をさらに強化させるために様々な活動を行っています。「遺伝研共同研究」の制度では、2015年に国際共同研究のための新たな枠を作り、積極的に国外からの研究者を受け入れています。生物遺伝資源事業においても、提供しているリソースの約40%が国外の研究機関宛です。近年では機構の国際ネットワーク形成・MOU推進プロジェクトを活用して、将来有望な国際共同研究にむけた国際交流の支援を行ってきました。その成果として、過去3年間に2件の国際交流協定が締結されました（メルボルン大学、フィリピン大学ディリマン校）。

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、多様な分野の研究者との連携を強化し、研究の発展に資することを目的に、毎年国際シンポジウムを主催しています。2017年は国際塩基配列データベース INSD のひとつ、三島の DNA Data Bank of Japan (DDBJ) の30周年を兼ねたシンポジウム “Life, Environment, and Evolution Revealed by Genomes” を開催しました（助成：テルモ生命科学芸術財団、後援：三島市、三島市教育委員会、日本学術会議、静岡県ファルマバレープロジェクト、協賛：アサヒ、サントリー、キリン、森永乳業、TRAHED、JCHM）。招待講演と査読付き口頭発表の他に国内4研究機関のデータベース利用講習会、研究者のみならず県内外の8高校を含んだポスター発表も実施し、3日間でのべ293名が参加しました。講演内容の一部は統合TVから動画配信しています。

シンポジウム詳細 = <https://www.ddbj.nig.ac.jp/ddbj30th/>

講演動画サイト = <http://togotv.dbcls.jp/?search=NIG>

- 会期：2017年5月27-29日
- 場所：三島市民文化会館（三島）

■ NIG International Symposium

Each year NIG organizes an international symposium to promote research and academic interaction among researchers from diverse backgrounds. The 2017 event was titled “Life, Environment, and Evolution Revealed by Genomes” commemorating the 30th anniversary of DNA Data Bank of Japan (DDBJ) in Mishima, which is a part of International Nucleotide Sequence Databases (INSD). The support came from TERUMO Foundation for Life Sciences and Arts, Mishima City, Mishima City Board of Education, Science Council of Japan, Pharma Valley Project of Shizuoka Prefecture, and six companies (Asahi, Suntory, Kirin, Morinaga, TRAHED, and JCHM). In addition to invited or reviewed oral presentations, a training course of databases by four domestic research institutes and a poster session including submissions from eight neighboring high schools attracted total 293 people in three days. Video lectures are available online from TogoTV.

Symposium website = <https://www.ddbj.nig.ac.jp/ddbj30th/>
Video lecture website = <http://togotv.dbcls.jp/en/?search=NIG>

- Date: May 27-29, 2017
- Venue: City Hall of Mishima



■ 英語での研究・生活のサポート

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



■ Support for International Researchers

NIG is committed to support international researchers so that they can dedicate themselves to research in a stimulating but yet unfamiliar environment. New international NIG members will receive assistance from the Group for Internationalization Promotion (GIP) with their initial move to Japan – and throughout their stay at NIG / SOKENDAI. The support offered by GIP includes help in visa applications, administrative procedures upon relocation/employment, flat hunting and medical care. GIP 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 GIP web page:

<https://www.nig.ac.jp/jimu/soken/GIP/index.html>

International Researchers in NIG 国外出身の研究者の研究課題		Name / Subject title / Affiliation 氏名／研究課題／所属
Postdoc 博士研究員 LEE, KyungBum 李 慶範	Reception and quality control of the massive submissions at DDBJ DDBJにおける塩基配列大量登録情報の受入対応と高水準化	DDBJ Center DDBJセンター
Postdoc 博士研究員 SHIBATA, Misa (JIN, Yinhua) 柴田珠杉 (金 銀華)	Study on asymmetric cell division in <i>C. elegans</i> 線虫の非対称分裂機構の研究	Multicellular Organization Laboratory 多細胞構築研究室
Postdoc 博士研究員 ALLANI, Deepak アイラニ, ディープック	Genetic studies on behaviors and brain functions in zebrafish ゼブラフィッシュにおける行動と脳機能の遺伝学的解析	Division of Molecular and Developmental Biology 初期発生研究部門
Postdoc 博士研究員 LI, Donghan 李 東晗	Analysis of lipid spectra and international coordination 脂質マスペクトルの解析と国際連携	Laboratory of Biological Networks 生命ネットワーク研究室
Postdoc 博士研究員 HETTIARACHCHI, Nadeeka Nilmini ヘッティアラッチチ, ナディーカ ニルミニ	Genome sequence analyses of various organisms さまざまな生物のゲノム配列解析	Division of Population Genetics 集団遺伝研究部門
Postdoc 博士研究員 TA, Kim Nhung タ, キム ニュング	Genome wide association study on seed traits in wild species of rice 野生イネが示す種子関連形質のゲノムワイドアソシエーション解析	Plant Genetics Laboratory 植物遺伝研究室

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. Mizuuchi Kiyoshi
バイオロジカルシンポジウム Dr. Mizuuchi Kiyoshi講演

■ 内部交流セミナー

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

■ バイオロジカルシンポジウム

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

■ NIG Colloquia

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

■ Biological Symposia

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

▶ Events

行事



Open House on April 7, 2018
一般公開 2018年4月7日



Public Lecture Presented by Dr. Sato Yutaka
公開講演会 佐藤 豊 教授講演

■ 研究所の一般公開

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

■ 公開講演会

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

国立遺伝学研究所 2017年度の公開講演会

● 講演タイトル

ヒトの細胞が分裂するしくみ／北川大樹 教授

植物の形作りと作物育種／佐藤 豊 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.



■ 遺伝学の歴史 …… メンデルから現代まで

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

■ 進化と遺伝 …… 生きものはどこから来たか

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

■ 分子遺伝学 …… DNAの視点から生命を考える

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

■ 生物種の遺伝学 …… いろんな生物のゲノム研究

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

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

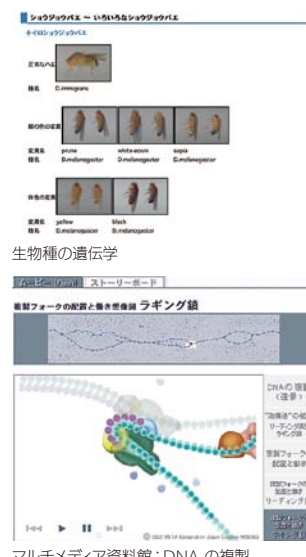
DNAが複製・転写・翻訳される様子を3Dのムービーにしました。RNAポリメラーゼの専門家とタンパク質の立体構造の専門家が製作に参加し、分子生物学の正確な知見を踏まえて作られています。

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

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

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

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



マルチメディア資料館：DNAの複製



生物・ザ・ムービー



ゲノムアニメ劇場

国立大学法人 総合研究大学院大学 生命科学研究科

遺伝学専攻

Department of Genetics

SOKENDAI

国立遺伝学研究所（遺伝研）は、総合研究大学院大学（SOKENDAI）生命科学研究科 遺伝学専攻として、大学院生の教育を行っています。遺伝学を中核に多様な分野の研究が集積する優れた環境の元で、幅広い視野をもつ研究者を育成し、次世代の生命科学研究に貢献したいと考えています。5年一貫制博士課程と3年間の博士後期課程の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>

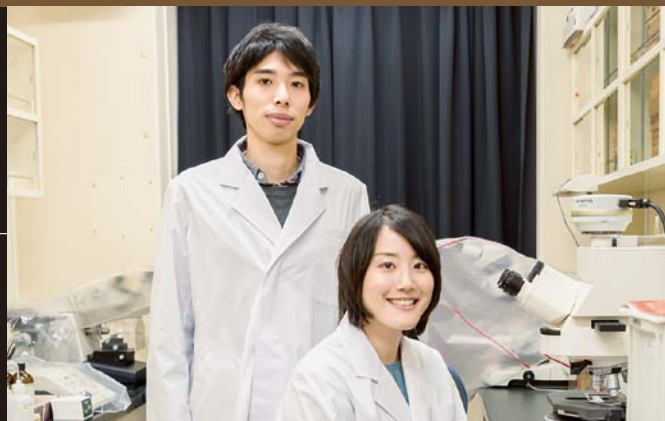
National Institute of Genetics (NIG) functions as the Department of Genetics, SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies) and offers PhD programs in Genetics. Our 5-year program accepts those with a bachelor's degree or equivalent. Those with Master's degree or similar qualifications are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

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



Department of Genetics, School of Life Science, SOKENDAI

総合研究大学院大学 生命科学研究科 遺伝学専攻



遺伝研で学びませんか？

▶ SOKENDAI

遺伝学専攻の特色

■ 質の高い研究

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

■ 少人数教育

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

■ High Quality Research

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

■ Small Lab Size

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





■ 多彩な授業と豊富なセミナー

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

■ 複数教員による教育制度

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

■ Diverse Courses and Frequent Seminars

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

■ Team Teaching

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



■ 研究者間の活発な交流

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

■ 生命科学リトリート

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

■ Close Network of Research Groups

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

■ Life Science Joint Retreat

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





► Various Aids to Students

学生に対する様々な支援活動

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

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

■ 経済的支援

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

■ 就職支援活動

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

■ 海外での学会参加の助成

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

■ 遺伝研宿舍

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

■ 科学発表の授業

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

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

■ Financial Aid

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

■ Aid in Finding a Job

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

■ Travel Funds

Once you have obtained interesting results and polished your presentation skills, it's time to show them off at international meetings. Indeed, many NIG graduate students have been selected to present their work as oral presentations at prestigious international conferences. NIG students are eligible to apply to several travel funds to cover the costs of attending international conferences.

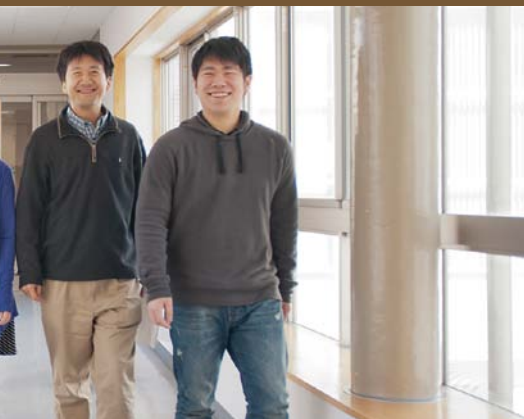
■ NIG Dormitory

The NIG dormitories are available for students. There are two options: Private Unit and Shared Unit (residents will be provided their own rooms).

■ Courses on Scientific Writing and Presentation

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

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



► Research Internship

体験入学プログラム

■ 学部学生のための遺伝研体験プログラム

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

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

■ Undergraduate Research Internships at NIG

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

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

► Graduate Education at NIG

大学院進学を考えている人へ

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

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



Systematic identification and characterization of regulatory elements derived from human endogenous retroviruses.

Ito, J., Sugimoto, R., Nakaoka, H., Yamada, S., Kimura, T., Hayano, T., and Inoue, I. (2017). PLoS Genet 13, e1006883.

伊東潤平

遺伝研は研究に集中できる素晴らしい環境です。体験入学・説明会等の制度もあるので、是非一度遺伝研に来て、空気を感じてみてください。

ITO, Jumpei

NIG provides good opportunities to research for students. I recommend students to come and feel the atmosphere of NIG.

► Programs to Host Researchers

遺伝研で研究しよう

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

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

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

NIG Data

遺伝研データ



(2018年4月1日現在)

運営会議 Advisory Committee

研究所の運営に関する重要事項その他共同研究計画に関する事項で、所長が必要と認めるものについて、所長の諮問に応じる。
The Advisory Committee gives advice to the Director-General on administrative affairs including joint research programs.

漆原秀子 URUSHIHARA, Hideko	筑波大学名誉教授 Professor Emeritus, University of Tsukuba	舘田英典 TACHIDA, Hidenori	九州大学大学院理学研究院教授 Professor, Faculty of Sciences, Kyusyu University
黒田真也 KURODA, Sinya	東京大学大学院理学系研究科教授 Professor, Graduate School of Sciences, The University of Tokyo	西田栄介 NISHIDA, Eisuke	理化学研究所生命機能科学研究センター長 Director, RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research
篠崎一雄 SHINOZAKI, Kazuo	理化学研究所環境資源科学研究センター長 Director, Center for Sustainable Resource Science, RIKEN	花岡文雄 HANAOKA, Fumio	筑波大学・生存ダイナミクス研究センター長 Director, Life Science Center for Survival Dynamics, Tsukuba Advanced Research Alliance, University of Tsukuba
菅野純夫 SUGANO, Sumio	東京医科歯科大学非常勤講師 Part-time Lecturer, Tokyo Medical and Dental University	松崎文雄 MATSUZAKI, Fumio	理化学研究所生命機能科学研究センターチームリーダー Team Leader, RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research
杉本亜砂子 SUGIMOTO, Asako	東北大学大学院生命科学系研究科教授 Professor, Graduate School of Life Sciences, Tohoku University	森川耿右 MORIKAWA, Kousuke	京都大学大学院生命科学系研究科研究員 Researcher, Graduate School of Biostudies, Kyoto University
(所外委員)			

城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	副所長 Vice-Director	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji	総合遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Integrated Genetics	大久保公策 OKUBO, Kousaku	生命情報研究センター長 Head, Center for Information Biology
荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	副所長 Vice-Director	相賀裕美子 SAGA, Yumiko	新分野創造センター長 Head, Center for Frontier Research	岩里琢治 IWASATO, Takuji	個体遺伝研究系教授 Professor, Department of Developmental Genetics
川上浩一 KAWAKAMI, Koichi	個体遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Developmental Genetics	仁木宏典 NIKI, Hironori	系統生物研究センター長 Head, Genetic Strains Research Center	前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro	構造遺伝学研究センター教授 Professor, Structural Biology Center
斎藤成也 SAITOU, Naruya	集団遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Population Genetics	澤 斉 SAWA, Hitoshi	構造遺伝学研究センター長 Head, Structural Biology Center	(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.

大隅良典 OHSUMI, Yoshinori	東京工業大学栄誉教授 Honorary Professor, Tokyo Institute of Technology	WIESCHAUS, Eric	Professor, Princeton University
榎 佳之 SAKAKI, Yoshiyuki	東京大学名誉教授 Professor Emeritus, The University of Tokyo	HUNT, Tim	Emeritus Group Leader, The Francis Crick Institute
竹市雅俊 TAKEICHI, Masatoshi	理化学研究所生命機能科学研究センターチームリーダー Team Leader, RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research		

総合企画会議 Council for Strategy Planning and Coordination

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とともに、機構本部と連携する。
Under the Director-General's supervision, the Council makes basic plans and policies on NIG management in addition to coordinating with ROIS head-quarters.

議長 Chair	桂 勲 KATSURA, Isao	研究企画担当 Research Planning	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	情報・システム研究機構 戦略企画会議担当 ROIS Strategic Planning Committee	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko
			荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	評価担当 Evaluation	中村保一 NAKAMURA, Yasukazu
			仁木宏典 NIKI, Hironori	産学連携・知的財産担当 NIG INNOVATION	鈴木睦昭 SUZUKI, Mutsuaki
			広海 健 HIROMI, Yasushi	男女共同参画推進室担当 Gender Equality	平田たつみ HIRATA, Tatsumi

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

(委員長) Chair	(所内委員) NIG members
澤 斉 SAWA, Hitoshi	澤 斉 SAWA, Hitoshi
(所外委員) Non-NIG members	構造遺伝学研究センター教授 Professor, Structural Biology Center
舘田英典 TACHIDA, Hidenori	総合遺伝研究系教授 Professor, Department of Integrated Genetics
花岡文雄 HANAOKA, Fumio	系統生物研究センター教授 Professor, Genetic Strains Research Center
菅野純夫 SUGANO, Sumio	系統生物研究センター教授 Professor, Genetic Strains Research Center

(2018年度委員)

各種／個別委員会 委員長 NIG Committees (Chair)

将来計画委員会 Future Planning	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	図書委員会 Library	北野 潤 KITANO, Jun	遺伝学博物館委員会 Museum of Genetics	斎藤成也 SAITOU, Naruya
予算委員会 Budget	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	セミナー委員会 Seminar	岩里琢治 IWASATO, Takuji	国際化推進委員会 Internationalization	木村 暁 KIMURA, Akatsuki
施設整備委員会 Facility Management	仁木宏典 NIKI, Hironori	事業委員会 NIG Projects	前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro	博士研究員選考委員会 PD Selection	北野 潤 KITANO, Jun
共通機器委員会 Common Equipment	川上浩一 KAWAKAMI, Koichi	広報委員会 Publicity	木村 暁 KIMURA, Akatsuki		
電子計算機委員会 Computer	黒川 顕 KUROKAWA, Ken	知的財産委員会 Intellectual Property	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji		

放射線安全委員会 RI Safety	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	マウス小委員会 Mouse Bioresource	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	ヒトゲノム・遺伝子解析 研究倫理審査委員会 Ethics of Human Genome Research	大久保公策 OKUBO, Kosaku
遺伝子組換え実験安全委員会 Recombinant Experiments	井ノ上逸朗 INOUE, Ituro	イネ小委員会 Rice Bioresource	佐藤 豊 SATO, Yutaka	安全衛生委員会 Safety & Health	井ノ上逸朗 INOUE, Ituro
動物実験委員会 Animal Experiment	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	大腸菌小委員会 E. Coli Bioresource	仁木宏典 NIKI, Hironori	利益相反委員会 Conflict of Interests	所長 Director-General
防火・防災管理委員会 Fire & Disaster Prevention	管理部長 General Manager	ハラスメント防止・対策委員会 Harassment Prevention	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	DNAデータ研究利用委員会 DDBJ	有田正規 ARITA, Masanori
生物遺伝資源委員会 Genetic Resources	仁木宏典 NIKI, Hironori	人を対象とする研究倫理審査委員会 Ethics of Human Subjects Research	大久保公策 OKUBO, Kosaku	マウス研究支援ユニット運営委員会 Mouse Research Supporting Unit	相賀裕美子 SAGA, Yumiko

(2017年度委員)

DNAデータ研究利用委員会 所外委員 DNA Database Advisory Committee (Non-NIG members)

伊藤 剛 ITO, Takeshi	農業・食品産業技術総合研究機構 高度解析センター ゲノム情報 大規模解析チーム長 Leader, Advanced Analysis Center National Agriculture and Food Research Organization	藤田信之 FUJITA, Nobuyuki	東京農業大学 生命科学部分子微生物学科 教授 Professor, Department of Molecular Microbiology Faculty of Life Sciences, Tokyo University of Agriculture
金城 玲 KINJO, Akira	大阪大学蛋白質研究所准教授 Associate Professor, Institute for Protein Research, Osaka University	星 潤一 HOSHI, Jun-ichi	科学技術振興機構/バイオサイエンスデータベースセンター企画運 営室長 Director, Department of Planning and management, NBDC Japan Science and Technology Agency
菅野純夫 SUGANO, Sumio	東京大学大学院新領域創成科学研究科教授 Professor, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo	松岡 聡 MATSUOKA, Satoshi	東京工業大学学術国際情報センター教授 Professor, Global Scientific Information and Computing Center, Tokyo Institute of Technology
長洲毅志 NAGASU, Takeshi	科学技術振興機構/バイオサイエンスデータベースセンター統合化 推進プログラム研究総括 Research Supervisor, Database Integration Coordination Program, NBDC Japan Science and Technology Agency	宮野 悟 MIYANO, Satoru	東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター教授 Professor, Human Genome Center, Institute of Medical Science, The University of Tokyo
服部正平 HATTORI, Masahira	早稲田大学理工学術院先進理工学研究科教授 Professor, Graduate School of Advanced Science and Engineering, Faculty of Science and Engineering, Waseda University	水島 洋 MIZUSHIMA, Hiroshi	国立保健医療科学院研究情報支援研究センター長 Director of Center for Public Health Informatics, National Institute of Public Health
林 哲也 HAYASHI, Tetsuya	九州大学大学院医学研究院教授 Professor, Department of Bacteriology, Faculty of Medical Sciences, Kyushu University		

遺伝子組換え実験安全委員会 所外委員 Recombinant Experiments Committee (Non-NIG members)

秋山靖人 AKIYAMA, Yasuto	静岡県立静岡がんセンター研究所免疫治療研究部部長 Chief, Immunotherapy Division, Shizuoka Cancer Center Research Institute	小林公子 KOBAYASHI, Kimiko	静岡県立大学食品栄養科学部食品生命化学科 教授 Professor, School of Food and Nutritional Sciences, University of Shizuoka
-------------------------	---	---------------------------	--

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

塩尻信義 SHIOJIRI, Nobuyoshi	静岡大学理学部教授 Professor, Faculty of Science, Shizuoka University		
-----------------------------	---	--	--

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

明石 良 AKASHI, Ryo	宮崎大学農学部畜産草地科学科教授 Professor, Department of Animal and Grassland Science, Miyazaki University	岡田清孝 OKADA, Kiyotaka	龍谷大学農学部植物生命科学科教授 Professor, Department of Plant Life Science, Faculty of Agriculture, Ryukoku University
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	岡本 仁 OKAMOTO, Hitoshi	理化学研究所脳科学総合研究センター副センター長 Deputy Director, RIKEN Brain Science Institute
江面 浩 EZURA, Hiroshi	筑波大学生命環境系教授 Professor, Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba	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
大熊盛也 OHKUMA, Moriya	理化学研究所バイオリソースセンター微生物材料開発室長 Head, Microbe Division, RIKEN BioResource Center	小幡裕一 OBATA, Yuichi	理化学研究所バイオリソースセンター長 Director, RIKEN BioResource Center
小笠原直毅 OGASAWARA, Naotake	奈良先端科学技術大学院大学名誉教授 Professor Emeritus, Nara Institute of Science and Technology	折原 裕 ORI-HARA, Yutaka	東京大学大学院薬学系研究科准教授 Associate Professor, Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Faculty of Pharmaceutical Sciences, The University of Tokyo

河地正伸	国立環境研究所生物・生態系環境研究センター生物多様性資源保全研究推進室長	成瀬 清	自然科学研究機構基礎生物学研究所進化多様性生物学領域特任教授
KAWACHI, Masanobu	Head, Biodiversity Resource Conservation Office, Center for Environmental Biology and Ecosystem Studies, National Institute for Environmental Studies	NARUSE, Kiyoshi	Specially Appointed Professor, Evolutionary Biology and Biodiversity, National Institute for Basic Biology
草場 信	広島大学大学院理学研究科附属植物遺伝子保管実験施設長	西尾 剛	東北大学大学院農学研究科教授
KUSABA, Makoto	Director, Laboratory of Plant Chromosome and Gene Stock, Graduate School of Science, Hiroshima University	NISHIO, Takeshi	Professor, Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University
桑山秀一	筑波大学生命環境系准教授	仁田坂英二	九州大学大学院理学研究院講師
KUWAYAMA, Hidekazu	Associate Professor, Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba	NITASAKA, Eiji	Lecturer, Department of Biology, Faculty of Sciences, Kyushu University
小林正智	理化学研究所バイオリソースセンター実験植物開発室長	仁藤伸昌	近畿大学生物理工学部地域交流センター長
KOBAYASHI, Masatomo	Head, Experimental Plant Division, RIKEN BioResource Center	NITO, Nobumasa	Director, Regional Exchange Center, Faculty of Biology-Oriented Science and Technology, Kindai University
小原有弘	医薬基盤・健康・栄養研究所培養資源研究室研究リーダー	根本 博	農業・食品産業技術総合研究機構遺伝資源センター長
KOHARA, Arihiro	Research Leader, Laboratory of Cell Cultures, National Institutes of Biomedical Innovation, Health and Nutrition	NEMOTO, Hiroshi	Director, Genetic Resources Center, National Agriculture and Food Research Organization
酒泉 満	新潟大学自然科学教授	伴野 豊	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
SAKAIZUMI, Mitsuru	Professor, Dept. of Environmental Science, Faculty of Science, Niigata University	BANNO, Yutaka	Professor, Institute of Genetic Resources, Faculty of Agriculture, Graduate School of Bio Resources and Bioenvironmental Science, Kyushu University
笹倉靖徳	筑波大学下田臨海実験センター教授	福田裕穂	東京大学大学院理学系研究科教授
SASAKURA, Yasunori	Professor, Shimoda Marine Research Center, University of Tsukuba	FUKUDA, Hiroo	Professor, Graduate School of Science, The University of Tokyo
佐藤和広	岡山大学資源植物科学研究所附属大麦・野生植物資源研究センター教授	藤島政博	山口大学大学院創成科学研究科教授 (特命)
SATO, Kazuhiro	Professor, Institute of Plant Science and Resources, Okayama University	FUJISHIMA, Masahiro	Professor (Specially Designated), Graduate School of Sciences and Technology for Innovation, Yamaguchi University
末盛博文	京都大学ウィルス・再生医科学研究所准教授	細矢 剛	国立科学博物館植物研究部菌類・藻類研究グループ長
SUEMORI, Hirofumi	Associate Professor, Laboratory of Embryonic Stem Cell Research, Institute for Frontier Life and Medical Sciences, Kyoto University	HOSOYA, Tsuyoshi	Senior Curator, Department of Botany, National Museum of Nature and Science
杉山峰崇	大阪大学大学院工学研究科准教授	榎屋啓志	理化学研究所バイオリソースセンターマウス表現型知識化研究開発ユニットリーダー
SUGIYAMA, Minetaka	Associate Professor, Graduate School of Engineering, Osaka University	MASUYA, Hiroshi	Unit Leader, Technology and Development Unit for Knowledge Base of Mouse Phenotype, RIKEN BioResource Center
高野敏行	京都工芸繊維大学昆虫先端研究推進センターショウジョウバエ遺伝資源研究部門教授	松居靖久	東北大学加齢医学研究所医用細胞資源センター教授
TAKANO, Toshiyuki	Professor, Department of Drosophila Genomics and Genetic Resources, Kyoto Institute of Technology	MATSUI, Yasuhisa	Professor, Cell Resource Center for Biomedical Research, Institute of Development, Aging and Cancer, Tohoku University
中瀧直己	熊本大学生命資源研究・支援センター資源開発分野教授	松田洋一	名古屋大学大学院生命農学研究科附属鳥類バイオサイエンス研究センター長
NAKAGATA, Naomi	Professor, Division of Reproductive Engineering, Institute of Resource Development and Analysis, Kumamoto University	MATSUDA, Yoichi	Director, Avian Bioscience Research Center, Nagoya University Graduate School of Bioagricultural Sciences
中川恭好	製品評価技術基盤機構バイオテクノロジーセンター生物資源利用促進課課長	三谷昌平	東京女子医科大学医学部第二生理学教室教授
NAKAGAWA, Yasuyoshi	Director, Culture Collection Division, Biological Resource Center, National Institute of Technology and Evaluation	MITANI, Shohei	Professor, Department of Physiology, Tokyo Women's Medical University School of Medicine
中桐 昭	鳥取大学農学部附属菌類きのこ遺伝資源研究センター長	村田武英	理化学研究所バイオリソースセンター遺伝子材料開発室専任研究員
NAKAGIRI, Akira	Director, Fungus/Mushroom Resource and Research Center, Faculty of Agriculture, Tottori University	MURATA, Takehide	Senior Research Scientist, Gene Engineering Division, RIKEN BioResource Center
中村克樹	京都大学霊長類研究所教授	森 郁恵	名古屋大学大学院理学研究科教授
NAKAMURA, Katsuki	Professor, Cognitive Neuroscience Section, Primate Research Institute, Kyoto University	MORI, Ikue	Professor, Graduate School of Science, Nagoya University
中村太郎	大阪市立大学大学院理学研究科教授	矢口貴志	千葉大学真菌医学研究センター准教授
NAKAMURA, Taro	Professor, Graduate School of Science, Osaka City University	YAGUCHI, Takashi	Associate Professor, Medical Mycology Research Center, Chiba University
中村幸夫	理化学研究所バイオリソースセンター細胞材料開発室長	湯本貴和	京都大学霊長類研究所長
NAKAMURA, Yukio	Head, Cell Engineering Division, RIKEN BioResource Center	YUMOTO, Takakazu	Director, Primate Research Institute, Kyoto University
長村登紀子	東京大学医科学研究所附属病院セ ルプロセッシング・輸血部准教授	吉木 淳	理化学研究所バイオリソースセンター実験動物開発室長
NAGAMURA, Tokiko	Associate Professor, Department of Cell Processing and Transfusion, Cell Resource Center, The Institute of Medical Science, The University of Tokyo	YOSHIKI, Atsushi	Head, Experimental Animal Division, RIKEN BioResource Center
那須田周平	京都大学大学院農学研究科准教授	渡辺敦史	九州大学大学院農学研究科准教授
NASUDA, Shuhei	Associate Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University	WATANABE, Atsushi	Associate Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University

マウス小委員会 所外委員 Mouse Bioresource Committee (Non-NIG members)

荒木喜美	熊本大学生命資源研究・支援センター疾患モデル分野教授	中瀧直己	熊本大学生命資源研究・支援センター資源開発分野教授
ARAKI, Kimi	Professor, Division of Developmental Genetics, Institute of Resource Development and Analysis, Kumamoto University	NAKAGATA, Naomi	Professor, Division of Reproductive Engineering, Institute of Resource Development and Analysis, Kumamoto University
小幡裕一	理化学研究所バイオリソースセンター長	林元展人	実験動物中央研究所 ICLAS モニタリングセンター長
OBATA, Yuichi	Director, RIKEN BioResource Center	HAYASHIMOTO, Nobuhito	Director, ICLAS Monitoring Center, Central Institute for Experimental Animals
庫本高志	京都大学大学院医学研究科附属動物実験施設准教授	吉木 淳	理化学研究所バイオリソースセンター実験動物開発室長
KURAMOTO, Takashi	Associate Professor, Institute of Laboratory Animals, Graduate School of Medicine, Kyoto University	YOSHIKI, Atsushi	Head, Experimental Animal Division, RIKEN BioResource Center
木南 凌	新潟大学医学部名誉教授	米川博通	東京都医学総合研究所シニア研究員
KOMINAMI, Ryo	Professor Emeritus, School of Medicine, Niigata University	YONEKAWA, Hiromichi	Senior Researcher, Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science
鈴木 治	医薬基盤・健康・栄養研究所疾患モデル小動物研究室研究リーダー	若林雄一	千葉県がんセンター研究所がん研究グループ実験動物研究室長
SUZUKI, Osamu	Research Leader, Laboratory of Animal Models for Human Diseases, National Institutes of Biomedical Innovation, Health and Nutrition (NIBIOHN)	WAKABAYASHI, Yuichi	Team Leader, Division of Experimental Animal Research, Chiba Cancer Center Research Institute

(2017年度委員)

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	佐藤和広 SATO, Kazuhiro	岡山大学資源植物科学研究所教授 Professor, Institute of Plant Science and Resources, Okayama University
井澤 毅 IZAWA, Takeshi	東京大学大学院農学生命科学研究科教授 Professor, Graduate School of Agricultural and Life sciences, University of Tokyo	寺内良平 TERAUCHI, Ryohei	京都大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University
石川隆二 ISHIKAWA, Ryuji	弘前大学農学生命科学部教授 Professor, Faculty of Agriculture and Life Science, Hirosaki University	土井一行 DOI, Kazuyuki	名古屋大学大学院生命農学研究科准教授 Associate Professor, Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University
江花薫子 EBANA, Kaworu	農業・食品産業技術総合研究機構遺伝資源センターチーム長 Team Leader, Genetic Resources Center, National Agriculture and Food Research Organization	土門英司 DOMON, Eiji	農業・食品産業技術総合研究機構遺伝資源センター調整室上席研究員 Senior Researcher, Genetic Resources Center, National Agriculture and Food Research Organization
奥本 裕 OKUMOTO, Yutaka	京都大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University	那須田周平 NASUDA, Shuhei	京都大学大学院農学研究科准教授 Associate Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University
河瀬眞琴 KAWASE, Makoto	筑波大学生命環境系教授 Professor, Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba	松岡 信 MATSUOKA, Makoto	名古屋大学生物機能開発利用研究センター教授 Professor, Bioscience and Biotechnology Center, Nagoya University
北野英己 KITANO, Hidemi	名古屋大学生物機能開発利用研究センター教授 Professor, Bioscience and Biotechnology Center, Nagoya University	安井 秀 YASUI, Hideshi	九州大学大学院農学研究科准教授 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University
久保眞彦 KUBO, Takahiko	九州大学大学院農学研究科准教授 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University	吉村 淳 YOSHIMURA, Atsushi	九州大学大学院農学研究科教授 Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University
熊丸敏博 KUMAMARU, Toshihiro	九州大学大学院農学研究科教授 Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University		

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

饗場弘二 AIBA, Hiroji	鈴鹿医療科学大学薬学部客員教授 Visiting Professor, Faculty of Pharmaceutical Sciences, Suzuka University of Medical Science	川岸郁朗 KAWAGISHI, Ikuro	法政大学生命科学部教授 Professor, Department of Frontier Bioscience, Hosei University
秋山芳展 AKIYAMA, Yoshinori	京都大学ウイルス・再生医科学研究所教授 Professor, Institute for Frontier Life and Medical Sciences, Kyoto University	佐藤 勉 SATO, Tsutomu	法政大学生命科学部教授 Professor, Department of Frontier Bioscience, Hosei University
板谷光泰 ITAYA, Mitsuhiko	慶應義塾大学環境情報学部教授 Professor, Faculty of Environment and Information Studies, Keio University	関根靖彦 SEKINE, Yasuhiko	立教大学理学部教授 Professor, College of Science, Rikkyo University
伊藤維昭 ITO, Koreaki	京都産業大学研究機構シニアリサーチフェロー Senior Research Fellow, Research Organization, Kyoto Sangyo University	田中 寛 TANAKA, Kan	東京工業大学科学技術創成研究院教授 Professor, Institute of Innovative Research, Tokyo Institute of Technology
小笠原直毅 OGASAWARA, Naotake	奈良先端科学技術大学院大学名誉教授 Professor Emeritus, Nara Institute of Science and Technology	戸邊 亨 TOBE, Toru	大阪大学大学院医学系研究科教授 Professor, Graduate School of Medicine, Osaka University
小倉光雄 OGURA, Mitsuo	東海大学海洋研究所教授 Professor, Institute of Oceanic Research and Development, Tokai University	矢口貴志 YAGUCHI, Takashi	千葉大学真菌医学研究センター准教授 Associate professor, Medical Mycology Research Center, Chiba University
片山 勉 KATAYAMA, Tsutomu	九州大学大学院薬学研究院教授 Professor, Faculty of Pharmaceutical Sciences, Kyushu University	吉川博文 YOSHIIKAWA, Hirofumi	東京農業大学生命科学部名誉教授 Professor Emeritus, Faculty of Life Sciences, Tokyo University of Agriculture
		吉田健一 YOSHIDA, Ken-ichi	神戸大学大学院科学技術イノベーション研究科教授 Professor, Graduate School of Science, Technology and Innovation, Kobe University

人を対象とする研究倫理審査委員会 所外委員 Ethics of Research Involving Human Subject Committee (Non- NIG members)

青木久尚 AOKI, Hisanao	日本大学名誉教授 Emeritus Professor, Nihon University	小林設郎 KOBAYASHI, Setsuro	静岡県立三島北高等学校教諭 Teacher, Mishima Kita High School
小田 司 ODA, Tsukasa	日本大学法学部教授 Professor, School of Law, Nihon University	野口基子 NOGUCHI, Motoko	元・静岡大学教授 Former Professor, Shizuoka University
黒澤健司 KUROSAWA, Kenji	神奈川県立こども医療センター部長 Director, Kanagawa Children's Medical Center	渡邊妙子 WATANABE, Taeko	佐野美術館館長 Curator, Sano Art Museum

ヒトゲノム・遺伝子解析研究倫理審査委員会 所外委員 Ethics of Human Genome Research Committee (Non-NIG members)

青木久尚 AOKI, Hisanao	日本大学名誉教授 Emeritus Professor, Nihon University	小林設郎 KOBAYASHI, Setsuro	静岡県立三島北高等学校教諭 Teacher, Mishima Kita High School
小田 司 ODA, Tsukasa	日本大学法学部教授 Professor, School of Law, Nihon University	野口基子 NOGUCHI, Motoko	元・静岡大学教授 Former Professor, Shizuoka University
黒澤健司 KUROSAWA, Kenji	神奈川県立こども医療センター部長 Director, Kanagawa Children's Medical Center	渡邊妙子 WATANABE, Taeko	佐野美術館館長 Curator, Sano Art Museum

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

瀬戸 篤 SETO, Atsushi	小樽商科大学大学院商学研究科教授 Professor, Graduate School of Commerce, Otaru University of Commerce
-----------------------	--

(2018年4月1日現在)

所 長	桂 勲	Director-General	KATSURA, Isao
副所長	城石俊彦	Vice-Director	SHIROISHI, Toshihiko
副所長	荒木弘之	Vice-Director	ARAKI, Hiroyuki

分子遺伝研究系 Department of Molecular Genetics

研究主幹(兼)	荒木弘之	Head	ARAKI, Hiroyuki
◦ 分子細胞工学研究部門 Division of Molecular Cell Engineering			
教 授	鐘巻将人	Prof.	KANEMAKI, Masato
助 教	夏目豊彰	Assist. Prof.	NATSUME, Toyoaki
博士研究員	サントーサ, ベニー	Postdoc	SANTOSA, Venny
研究員	水口明美	Researcher	MIZUGUCHI, Akemi
研究員	芦川朋子	Researcher	ASHIKAWA, Tomoko
総研大生	イエスポトヴァ, アイシャ	SOKENDAI Student	YESBOLATOVA, Aisha

細胞遺伝研究系 Department of Cell Genetics

研究主幹(兼)	荒木弘之	Head	ARAKI, Hiroyuki
◦ 微生物遺伝研究部門 Division of Microbial Genetics			
教 授	荒木弘之	Prof.	ARAKI, Hiroyuki
◦ 共生細胞進化研究部門 Division of Symbiosis and Cell Evolution			
教 授	宮城島進也	Prof.	MIYAGISHIMA, Shin-ya
助 教	藤原崇之	Assist. Prof.	FUJIWARA, Takayuki
博士研究員	廣岡俊亮	Postdoc	HIROOKA, Shunsuke
博士研究員	大林龍胆	Postdoc	OHBAAYASHI, Ryudo
日本学術振興会特別研究員	大沼 亮	JSPS Research Fellow	ONUMA, Ryo
日本学術振興会特別研究員	小林優介	JSPS Research Fellow	KOBAYASHI, Yusuke
日本学術振興会特別研究員	宇塚明洋	JSPS Research Fellow	UZUKA, Akihiro
総研大生(学振特別研究員)	渡辺紘己	JSPS Research Fellow DC	WATANABE, Koki
総研大生	ジョン, リン ウエイ	SOKENDAI Student	JONG, Lin Wei

個体遺伝研究系 Department of Developmental Genetics

研究主幹(兼)	川上浩一	Head	KAWAKAMI, Koichi
◦ 形質遺伝研究部門 Division of Neurogenetics			
教 授	岩里琢治	Prof.	IWASATO, Takuji
総研大生	中沢信吾	SOKENDAI Student	NAKAZAWA, Shingo
総研大生	カンダサーミ, ラーマサーミ	SOKENDAI Student	KANDASAMY, Ramasamy
総研大生	王 魯偉	SOKENDAI Student	WANG, Luwei
総研大生	パネルジー, ピコ	SOKENDAI Student	BANERJEE, Piu
◦ 初期発生研究部門 Division of Molecular and Developmental Biology			
教 授	川上浩一	Prof.	KAWAKAMI, Koichi
助 教	浅川和秀	Assist. Prof.	ASAKAWA, Kazuhide
助 教	武藤 彩	Assist. Prof.	MUTO, Akira
博士研究員	田辺英幸	Postdoc	TANABE, Hideyuki
博士研究員	白木知也	Postdoc	SHIRAKI, Tomoya
博士研究員	アイラニ, ディーパック	Postdoc	AILANI, Deepak
日本学術振興会特別研究員	小谷友理	JSPS Research Fellow	KOTANI, Yuri

集団遺伝研究系 Department of Population Genetics

研究主幹(兼)	斎藤成也	Head	SAITOU, Naruya
◦ 集団遺伝研究部門 Division of Population Genetics			
教 授	斎藤成也	Prof.	SAITOU, Naruya
助 教	ジナム, テイモン A.	Assist. Prof.	JINAM, Timothy A.
博士研究員	ヘティarachchi, ナデエカニルミニ	Postdoc	HETTIARACHCHI, Nadeeka Nilmini
◦ 進化遺伝研究部門 Division of Evolutionary Genetics			
教 授	アカシ, ヒロシ	Prof.	AKASHI, Hiroshi
助 教	松本知高	Assist. Prof.	MATSUMOTO, Tomotaka
総研大生	カワシマ ケント, ディエル	SOKENDAI Student	KAWASHIMA Kent, Diel
総研大生	山下永香	SOKENDAI Student	YAMASHITA, Haruka

生態遺伝学研究部門 Division of Ecological Genetics

教 授	北野 潤	Prof.	KITANO, Jun
助 教	石川麻乃	Assist. Prof.	ISHIKAWA, Asano
博士研究員	柿岡 諒	Postdoc	KAKIOKA, Ryo
博士研究員	山崎 曜	Postdoc	YAMASAKI, Yo
総研大生	細木拓也	SOKENDAI Student	HOSOKI, Takuya

総合遺伝研究系 Department of Integrated Genetics

研究主幹(兼)	角谷徹仁	Head	KAKUTANI, Tetsuji
◦ 人類遺伝研究部門 Division of Human Genetics			
教 授	井ノ上逸朗	Prof.	INOUE, Ituro
助 教	中岡博史	Assist. Prof.	NAKAOKA, Hirofumi
博士研究員	木村哲晃	Postdoc	KIMURA, Tetsuaki
研究員	杉本竜太	Researcher	SUGIMOTO, Ryota
研究員	秦千比呂	Researcher	HATA, Chihiro
総研大生	中倉沙弥	SOKENDAI Student	NAKAKURA, Saya
総研大生	羅 鈞軒	SOKENDAI Student	LO, Chun-Hsuan
総研大生	下山凌太	SOKENDAI Student	SHIMOYAMA, Ryota

育種遺伝研究部門 Division of Agricultural Genetics

教 授	角谷徹仁	Prof.	KAKUTANI, Tetsuji
助 教	樽谷芳明	Assist. Prof.	TARUTANI, Yoshiaki
助 教	稲垣宗一	Assist. Prof.	INAGAKI, Soichi
博士研究員	保坂 碧	Postdoc	HOSAKA, Aoi
総研大生	齋藤 絡	SOKENDAI Student	SAITO, Raku
特別共同利用研究員(東京大学大学院)	大矢恵代	Special Collaboration Research Student	OYA, Satoyo

脳機能研究部門 Division of Brain Function

教 授	平田たつみ	Prof.	HIRATA, Tatsumi
助 教	川崎能彦	Assist. Prof.	KAWASAKI, Takahiko
助 教	トウ, ヤン	Assist. Prof.	ZHU, Yan
日本学術振興会特別研究員	岩井(竹越)玲奈	JSPS Research Fellow	IWAI (TAKEKOSHI), Lena

新分野創造センター Center for Frontier Research

センター長(兼)	相賀裕美子	Head	SAGA, Yumiko
◦ 細胞空間制御研究室 Cell Dynamics and Organization Laboratory			
准教授	小田祥久	Assoc. Prof.	ODA, Yoshihisa
博士研究員	佐々木武馬	Postdoc	SASAKI, Takema
特別共同利用研究員(東京大学大学院)	長島慶宜	Special Collaboration Research Student	NAGASHIMA, Yoshinobu

特別共同利用研究員 (東京大学大学院)		杉山友希	Special Collaboration Research Student	SUGIYAMA, Yuki	▫ 原核生物遺伝研究室 Microbial Genetics Laboratory			
▫ 定量メカノバイオロジー研究室 Quantitative Mechanobiology Laboratory					教 授	仁木宏典	Prof.	NIKI, Hironori
准教授	島本勇太	Assoc. Prof.	SHIMAMOTO, Yuta	助 教	青木敬太	Assist. Prof.	AOKI, Keita	
博士研究員	白土 玄	Postdoc	SHIRATSUCHI, Gen	博士研究員	野崎晋五	Postdoc	NOZAKI, Shingo	
研究員	山岡恵美	Researcher	YAMAOKA, Megumi	博士研究員	岡本 尚	Postdoc	OKAMOTO, Sho	
▫ 染色体生化学研究室 Chromosome Biochemistry Laboratory					博士研究員	矢野晃一	Postdoc	YANO, Koichi
准教授	村山泰斗	Assoc. Prof.	MURAYAMA, Yasuto	博士研究員	秋山光市郎	Postdoc	AKIYAMA, Koichiro	
博士研究員	黒川裕美子	Postdoc	KUROKAWA, Yumiko	▫ 無脊椎動物遺伝研究室 Invertebrate Genetics Laboratory				
▫ システム神経科学研究室 Systems Neuroscience Laboratory					教 授	齋藤都暁	Prof.	SAITO, Kuniaki
准教授	久保 郁	Assoc. Prof.	KUBO, Fumi	助 教	近藤 周	Assist. Prof.	KONDO, Shu	
系統生物研究センター Genetic Strains Research Center					助 教	三好啓太	Assist. Prof.	MIYOSHI, Keita
センター長(兼)	仁木宏典	Head	NIKI, Hironori	博士研究員	加藤秀理	Postdoc	KATOW, Hidetaka	
▫ 哺乳動物遺伝研究室 Mammalian Genetics Laboratory					総研大生	猪谷紗来	SOKENDAI Student	ITANI, Sara
教 授	城石俊彦	Prof.	SHIROISHI, Toshihiko	▫ 系統情報研究室 Genetic Informatics Laboratory				
助 教	高田豊行	Assist. Prof.	TAKADA, Toyoyuki	准教授	川本祥子	Assoc. Prof.	KAWAMOTO, Shoko	
博士研究員	天野孝紀	Postdoc	AMANO, Takanori	構造遺伝学研究センター Structural Biology Center				
博士研究員	岡(木曾)彩子	Postdoc	OKA (KISO), Ayako	センター長(兼)	澤 斉	Head	SAWA, Hitoshi	
博士研究員	嵯峨井知子	Postdoc	SAGAI, Tomoko	▫ 生体高分子研究室 Biological Macromolecules Laboratory				
▫ 発生工学研究室 Mammalian Development Laboratory					教 授	前島一博	Prof.	MAESHIMA, Kazuhiro
教 授	相賀裕美子	Prof.	SAGA, Yumiko	助 教	井手 聖	Assist. Prof.	IDE, Satoru	
助 教	加藤 譲	Assist. Prof.	KATO, Yuzuru	助 教	日比野佳代	Assist. Prof.	HIBINO, Kayo	
助 教	安島理恵子	Assist. Prof.	AJIMA, Rieko	研究員	田村佐知子	Researcher	TAMURA, Sachiko	
博士研究員	平野孝昌	Postdoc	HIRANO, Takamasa	日本学術振興会 特別研究員	野崎 慎	JSPS Research Fellow	NOZAKI, Tadasu	
博士研究員	井上弘貴	Postdoc	INOUE, Hiroki	総研大生 (学振特別研究員)	佐々木飛鳥	JSPS Research Fellow DC	SASAKI, Asuka	
博士研究員	岡田 甫	Postdoc	OKADA Hajime	総研大生	永島峻甫	SOKENDAI Student	NAGASHIMA, Ryosuke	
研究員	村岡正文	Researcher	MURAOKA, Masafumi	総研大生	山口智洋	SOKENDAI Student	YAMAGUCHI, Tomohiro	
総研大生 (学振特別研究員)	福田胡桃	JSPS Research Fellow DC	FUKUDA, Kurumi	▫ 細胞建築研究室 Cell Architecture Laboratory				
総研大生 (学振特別研究員)	島田龍輝	JSPS Research Fellow DC	SHIMADA, Ryuki	教 授	木村 暁	Prof.	KIMURA, Akatsuki	
総研大生	ライト, ダネル	SOKENDAI Student	WRIGHT, Danelle	博士研究員	木村健二	Postdoc	KIMURA, Kenji	
特別共同利用研究員 (東京大学大学院)	金 秀娟	Special Collaboration Research Student	KIM, Jessica	博士研究員	菊池鯨平	Postdoc	KIKUCHI, Yohei	
▫ マウス開発研究室 Mouse Genomics Resource Laboratory					総研大生	藤井 謙	SOKENDAI Student	FUJII, Ken
准教授	小出 剛	Assoc. Prof.	KOIDE, Tsuyoshi	▫ 多細胞構築研究室 Multicellular Organization Laboratory				
助 教	高浪景子	Assist. Prof.	TAKANAMI, Keiko	教 授	澤 斉	Prof.	SAWA, Hitoshi	
博士研究員	田邊 彰	Postdoc	TANAVE, Akira	博士研究員	柴田珠杉	Postdoc	SHIBATA, Misa	
総研大生	永山博通	SOKENDAI Student	NAGAYAMA, Hiromichi	▫ 遺伝子回路研究室 Gene Network Laboratory				
総研大生	上田奈央子	SOKENDAI Student	UEDA, Naoko	准教授	鈴木えみ子	Assoc. Prof.	SUZUKI, Emiko	
総研大生	マラープ, リータ デヴィ	SOKENDAI Student	MALLARAPU, Lalitha Devi	助 教	田守洋一郎	Assist. Prof.	TAMORI, Yoichiro	
▫ 小型魚類開発研究室 Model Fish Genomics Resource Laboratory					博士研究員	宮崎隆明	Postdoc	MIYAZAKI, Takaaki
准教授	酒井則良	Assoc. Prof.	SAKAI, Noriyoshi	日本学術振興会 特別研究員	ワン, シャンフォン	JSPS Research Fellow	WANG, Xian-Feng	
助 教	河崎敏広	Assist. Prof.	KAWASAKI, Toshihiro	生命情報研究センター Center for Information Biology				
博士研究員	今井裕紀子	Postdoc	IMAI, Yukiko	センター長(兼)	大久保公策	Head	OKUBO, Kousaku	
博士研究員	竹本一政	Postdoc	TAKEMOTO, Kazumasa	▫ 遺伝情報分析研究室 Laboratory for DNA Data Analysis				
▫ 植物遺伝研究室 Plant Genetics Laboratory					准教授	池尾一穂	Assoc. Prof.	IKEO, Kazuho
教 授	佐藤 豊	Prof.	SATO, Yutaka	博士研究員	金城その子	Postdoc	KINJO, Sonoko	
助 教	鈴木俊哉	Assist. Prof.	SUZUKI, Toshiya	博士研究員	北村徳一	Postdoc	KITAMURA, Norikazu	
助 教	高橋(野坂)実鈴	Assist. Prof.	TAKAHASHI (NOSAKA), Misuzu	博士研究員	松本 薫	Postdoc	MATSUMOTO, Kaoru	
博士研究員	タ, キム ニュング	Postdoc	TA, Kim Nhung					

博士研究員	井元順一	Postdoc	IMOTO, Junichi
総研大生 (学振特別研究員)	飯塚朋代	JSPS Research Fellow DC	IIZUKA, Tomoyo
◦ 生命ネットワーク研究室 Laboratory of Biological Networks			
教 授	有田正規	Prof.	ARITA, Masanori
助 教	川島武士	Assist. Prof.	KAWASHIMA, Takeshi
博士研究員	李 東暉	Postdoc	LI, Donghan
博士研究員	佐藤允治	Postdoc	SATO, Mitsuharu
研究員	吉本美和	Researcher	YOSHIMOTO, Miwa
総研大生 (学振特別研究員)	多田一風太	JSPS Research Fellow DC	TADA, Ipputa
総研大生	サッティ, マリア アルタフ	SOKENDAI Student	SATTI, Maria Altaf
総研大生	ノウリン, メウィッシュ	SOKENDAI Student	NOUREEN, Mehwish
◦ 大量遺伝情報研究室 Genome Informatics Laboratory			
教 授	中村保一	Prof.	NAKAMURA, Yasukazu
助 教	神沼英里	Assist. Prof.	KAMINUMA, Eli
博士研究員	谷澤靖洋	Postdoc	TANIZAWA, Yasuhiro
研究員	藤澤貴智	Researcher	FUJISAWA, Takatomo
研究員	望月孝子	Researcher	MOCHIZUKI, Takako
◦ データベース運用開発研究室 Laboratory for Reseach and Development of Biological Databases			
教 授	高木利久	Prof.	TAKAGI, Toshihisa
◦ 遺伝子発現解析研究室 Laboratory for Gene-Expression Analysis			
教 授	大久保公策	Prof.	OKUBO, Kousaku
◦ 比較ゲノム解析研究室 Comparative Genomics Laboratory			
特任教授	豊田 敦	Project Prof.	TOYODA, Atsushi
研究員	会津智幸	Researcher	AIZU, Tomoyuki
研究員	清岡美穂	Researcher	KIYOOKA, Miho
研究員	吉田 悟	Researcher	YOSHIDA, Satoru
研究員	石崎比奈子	Researcher	ISHIZAKI, Hinako
研究員	陳 薇	Researcher	CHEN, Wei
研究員	塚本ゆみ	Researcher	TSUKAMOTO, Yumi
研究員	許山肖子	Researcher	MOTOYAMA, Ayuko
研究員	江島史緒	Researcher	EJIMA, Fumiwo
◦ ゲノム進化研究室 Genome Evolution Laboratory			
教 授	黒川 顕	Prof.	KUROKAWA, Ken
助 教	森 宙史	Assist. Prof.	MORI, Hiroshi
博士研究員	東 光一	Postdoc	HIGASHI, Koichi
博士研究員	村上 匠	Postdoc	MURAKAMI, Takumi
実験圃場 Experimental Farm			
圃場長(兼)	野々村賢一	Head	NONOMURA, Ken-ichi
准教授	野々村賢一	Assoc. Prof.	NONOMURA, Ken-ichi
助 教	津田勝利	Assist. Prof.	TSUDA, Katsutoshi
博士研究員	小野聖二郎	Postdoc	ONO, Seijiro
博士研究員	三村真生	Postdoc	MIMURA, Manaki
放射線・アイソトープセンター Radioisotope Center			
センター長(兼)	仁木宏典	Head	NIKI, Hironori
助 教	安達佳樹	Assist. Prof.	ANDACHI, Yoshiki

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

◦ ハーバード大学脳科学センター Center for Brain Science, Harvard University
教 授 ヘンシュ, タカオ K Professor HENSCH, Takao K

◦ グレゴール・メンデル研究所 Gregor Mendel Institute
シニアグループリーダー ベルシェ, フレデリック Senior group leader BERGER, Frederic

客員研究部門 Visiting Faculty

◦ 核酸化学客員研究部門 Division of Nucleic Acid Chemistry

客員教授 ヘニコフ, スティーブン Visiting Prof. HENIKOFF, Steven
客員教授 水内 清 Visiting Prof. MIZUUCHI, Kiyoshi

◦ 細胞質遺伝客員研究部門 Division of Cytoplasmic Genetics

客員准教授 チャン, フェン Visiting Assoc. Prof. ZHANG, Feng
客員教授 ディフリー, ジョン F.X. Visiting Prof. DIFFLEY, John F.X.

◦ 生理遺伝客員研究部門 Division of Physiological Genetics

客員教授 スタニア, ディディエ Visiting Prof. STAINIER, Didier

◦ 理論遺伝客員研究部門 Division of Theoretical Genetics

客員教授 フー, ユンシン Visiting Prof. FU, Yun-Xin
客員教授 ヤン, ジーヘン Visiting Prof. YANG, Ziheng

◦ 応用遺伝客員研究部門 Division of Applied Genetics

客員教授 ジョーデ, リン Visiting Prof. JORDE, Lynn

生物遺伝資源センター Genetic Resource Center

センター長(兼) 仁木宏典 Head NIKI, Hironori

◦ バイオリソース事業部 Division of Bioresources Management

事業部長(兼)	仁木宏典	Division Head	NIKI, Hironori
教 授(兼)	城石俊彦	Prof.	SHIROISHI, Toshihiko
教 授(兼)	川上浩一	Prof.	KAWAKAMI, Koichi
教 授(兼)	齋藤都暁	Prof.	SAITO, Kuniaki
教 授(兼)	佐藤 豊	Prof.	SATO, Yutaka
特任教授(兼)	小原雄治	Project Prof.	KOHARA, Yuji
准教授(兼)	酒井則良	Assoc. Prof.	SAKAI, Noriyoshi
准教授(兼)	池尾一穂	Assoc. Prof.	IKEO, Kazuho
准教授(兼)	野々村賢一	Assoc. Prof.	NONOMURA, Ken-ichi
助 教(兼)	高田豊行	Assist. Prof.	TAKADA, Toyoyuki
助 教(兼)	浅川和秀	Assist. Prof.	ASAKAWA, Kazuhide
助 教(兼)	武藤 彩	Assist. Prof.	MUTO, Akira
助 教(兼)	河崎敏広	Assist. Prof.	KAWASAKI, Toshihiro
助 教(兼)	近藤 周	Assist. Prof.	KONDO, Shu
助 教(兼)	三好啓太	Assist. Prof.	MIYOSHI, Keita
助 教(兼)	青木敬太	Assist. Prof.	AOKI, Keita
助 教(兼)	鈴木俊哉	Assist. Prof.	SUZUKI, Toshiya
助 教(兼)	高橋実鈴	Assist. Prof.	TAKAHASHI, Misuzu
助 教(兼)	津田勝利	Assist. Prof.	TSUDA, Katsutoshi

◦ データベース事業部 Division of Bioresources Databases

事業部長(兼) 川本祥子 Division Head KAWAMOTO, Shoko

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

センター長(兼) 黒川 顕	Head	KUROKAWA, Ken
---------------	------	---------------

教 授(兼) 黒川 顕	Prof.	KUROKAWA, Ken
特任教授(兼) 小原雄治	Project Prof.	KOHARA, Yuji
特任教授(兼) 藤山秋佐夫	Project Prof.	FUJIYAMA, Asao
特任教授(兼) 豊田 敦	Project Prof.	TOYODA, Atsushi
特任教授(兼) 野口英樹	Project Prof.	NOGUCHI, Hideki
特任准教授(兼) 馬場 知哉	Project Assoc. Prof.	BABA, Tomoya
特任准教授(兼) 近藤伸二	Project Assoc. Prof.	KONDO, Shinji
助 教(兼) 森 由史	Assist. Prof.	MORI, Hiroshi
博士研究員(兼) 寺内 真	Postdoc	TERAUCHI, Makoto
博士研究員(兼) 東 光一	Postdoc	HIGASHI, Koichi
博士研究員 金野宏之	Postdoc	KONNO, Hiroyuki
研究員(兼) 石崎比奈子	Researcher	ISHIZAKI, Hinako
研究員(兼) 陳 薇	Researcher	CHEN, Wei
研究員 平木秀明	Researcher	HIRAKI, Hideaki
研究員 植田ゆみ子	Researcher	UETA, Yumiko

DDBJセンター DDBJ Center

センター長(兼) 有田正規	Head	ARITA, Masanori
---------------	------	-----------------

教 授(兼) 高木利久	Prof.	TAKAGI, Toshihisa
教 授(兼) 大久保公策	Prof.	OKUBO, Kousaku
助 教(兼) 神沼英里	Assist. Prof.	KAMINUMA, Eli
助 教(兼) 川島武士	Assist. Prof.	KAWASHIMA, Takeshi

システム管理部門 High Performance Computing Division

部門長・特任准教授 小笠原 理	Division Head	OGASAWARA, Osamu
博士研究員 奥田喜弘	Postdoc	OKUDA, Yoshihiro

データベース部門 Database Division

部門長(兼) 中村保一	Division Head	NAKAMURA, Yasukazu
博士研究員 李 慶範	Postdoc	LEE, KyungBum
博士研究員 大城戸利久	Postdoc	OKIDO, Toshihisa
博士研究員 小菅武英	Postdoc	KOSUGE, Takehide
博士研究員 児玉悠一	Postdoc	KODAMA, Yuichi
博士研究員 坂井勝呂	Postdoc	SAKAI, Katsunaga
博士研究員 時松敏明	Postdoc	TOKIMATSU, Toshiaki
博士研究員 真島 淳	Postdoc	MASHIMA, Jun

研究員 青野英雄	Researcher	AONO, Hideo
研究員 筒井波留	Researcher	TSUTSUI, Haru
研究員 福田亜沙美	Researcher	FUKUDA, Asami

情報基盤ユニット IT Unit

ユニット長(兼) 黒川 顕	Head	KUROKAWA, Ken
---------------	------	---------------

教 授(兼) 高木利久	Prof.	TAKAGI, Toshihisa
教 授(兼) 大久保公策	Prof.	OKUBO, Kousaku

マウス研究支援ユニット Mouse Research Supporting Unit

ユニット長(兼) 相賀裕美子	Head	SAGA, Yumiko
----------------	------	--------------

助 教(兼) 安島理恵子	Assist. Prof.	AJIMA, Rieko
技術係長(兼) 木曾 誠	Technical Chief	KISO, Makoto
技術職員(兼) 山谷宣子	Technical Staff	YAMATANI, Noriko

動物飼育実験施設 Unit for Experimental Animal Care

施設長(兼) 小出 剛	Head	KOIDE, Tsuyoshi
-------------	------	-----------------

助 教(兼) 高浪景子	Assist. Prof.	TAKANAMI, Keiko
-------------	---------------	-----------------

産学連携・知的財産室 NIG INNOVATION

室 長 鈴木睦昭	Director	SUZUKI, Mutsuaki
----------	----------	------------------

博士研究員 鹿児島 浩	Postdoc	KAGOSHIMA, Hiroshi
-------------	---------	--------------------

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

室長・上席URA・特任教授 広海 健	Director	HIROMI, Yasushi
--------------------	----------	-----------------

主任URA・特任准教授 来栖光彦	Chief URA	KURUSU, Mitsuhiko
助 教 清野浩明	Assist. Prof.	SEINO, Hiroaki

男女共同参画推進室 Office for Gender Equality

室 長(兼) 平田たつみ	Director	HIRATA, Tatsumi
--------------	----------	-----------------

室 員(兼) 杉山 興	Staff	SUGIYAMA, Oki
室 員(兼) 安池友紀	Staff	YASUIKE, Yuki
室 員(兼) 山谷宣子	Staff	YAMATANI, Noriko

Research Staff and Students of ROIS

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

センター長 野口英樹	Head	NOGUCHI, Hideki
------------	------	-----------------

特任准教授 近藤伸二	Project Assoc. Prof.	KONDO, Shinji
博士研究員 福多賢太郎	Postdoc	FUKUTA, Kentaro
博士研究員 寺内 真	Postdoc	TERAUCHI, Makoto

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

遺伝研で研究しているメンバー Members at NIG

センター長 小原雄治	Head	KOHARA, Yuji
教 授(兼) 大久保公策	Prof.	OKUBO, Kousaku
特任准教授 坊農秀雅	Project Assoc. Prof.	BONO, Hidemasa
特任助教 小野浩雅	Project Assist. Prof.	ONO, Hiromasa
特任助教 内藤雄樹	Project Assist. Prof.	NAITO, Yuki
特任助教 仲里猛留	Project Assist. Prof.	NAKAZATO, Takeru
研究員 大田達郎	Researcher	OHATA, Tazro

Staff of Administration Department and Technical Section | 管理部と技術課職員

管理部 Department of Administration				技術課 Technical Section			
管理部長	General Manager	平尾耕二	HIRAO, Koji	課長	Manager	古海弘康	FURUUMI, Hiroyasu
総務企画課 General Affairs and Project Section				基盤支援技術班 Research Infrastructure Technical Unit			
課長	Manager	伊藤信浩	ITO, Nobuhiro	□ 情報基盤支援チーム Information Technology Team			
副課長	Deputy Manager	杉山 興	SUGIYAMA, Oki	係長	Subsection Chief	奈倉雅彦	NAGURA, Masahiko
□ 総務・教育チーム General Affairs / Education Team				□ リソース開発支援チーム Resource Development Team			
係長(兼)	Subsection Chief	杉山 興	SUGIYAMA, Oki	係長	Subsection Chief	木曾 誠	KISO, Makoto
□ 人事・労務チーム Personnel Team				技術職員	Technical Staff	山谷宣子	YAMATANI, Noriko
係長	Subsection Chief	齊藤麻衣子	SAITO, Maiko	プロジェクト技術班 Project Technical Unit			
□ 研究推進チーム Research Promotion Team				□ プロジェクト支援チーム Project Support Team			
係長	Subsection Chief	佐藤隆介	SATO, Ryusuke	技術職員	Technical Staff	坂 季美子	SAKA, Kimiko
財務課 Financial Affairs Section				技術職員	Technical Staff	坂本佐知子	SAKAMOTO, Sachiko
課長	Manager	穴戸文雄	SHISHIDO, Fumio	□ 遺伝資源事業支援チーム Genetic Resource Project Team			
□ 資産管理・検収室 Office for Property Management / Receiving Inspection				係長	Subsection Chief	矢野弘之	YANO, Hiroyuki
室長	Head	新田清隆	NITTA, Kiyotaka	技術職員	Technical Staff	宮林登志江	MIYABAYASHI, Toshie
□ 財務チーム Financial Affairs Team				施設機器技術班 Facility and Equipment Technical Unit			
係長	Subsection Chief	鈴木政敏	SUZUKI, Masatoshi	□ 共通機器チーム Common Equipment Team			
□ 調達チーム Supplies Team				係長	Subsection Chief	大石あかね	OISHI, Akane
係長	Subsection Chief	渡邊 晃	WATANABE, Akira	□ 実験施設チーム Experimental Facility Team			
□ 施設チーム Facilities Team				係長	Subsection Chief	前野哲輝	MAENO, Akiteru
係長	Subsection Chief	光江一之	MITSUE, Kazuyuki	技術職員	Technical Staff	今井悠二	IMAI, Yuji
専門職員	Specialist	内藤顕之	NAITO, Akiyuki	技術職員	Technical Staff	柏原美紗子	KASHIHARA, Misako

所長	1	Director - General
教授	23	Professors
准教授	10	Associate Professors
助教	31	Assistant Professors
客員教授	8	Visiting Professors
小計 (所長、客員教授を除く)	64	(excluding Director - General and Visiting Professors) Subtotal
管理部	19	Administration Staffs
技術課	12	Technicians
合計 (所長、客員教授を除く)	95	(excluding Director - General and Visiting Professors) Total

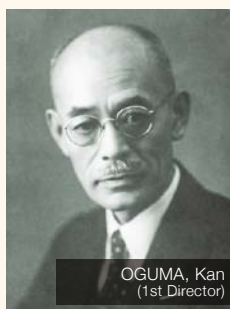
(2018年4月1日現在)

History

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



1960年	4月30日	人類遺伝部設置
1962年	4月1日	微生物遺伝部設置
1964年	4月1日	集団遺伝部設置
1969年	4月1日	森脇大五郎 第3代所長就任, 分子遺伝部設置
1974年	4月1日	植物保存研究室設置
1975年	3月1日	田島彌太郎 第4代所長就任
	10月1日	遺伝実験生物保存研究施設動物保存 研究室設置
1976年	10月1日	遺伝実験生物保存研究施設微生物保 存研究室設置
1983年	10月1日	松永 英 第5代所長就任
1984年	4月12日	大学共同利用機関に改組 遺伝実験 生物保存研究センター(哺乳動物保存・ 無脊椎動物保存・植物保存・微生物 保存・遺伝資源の5研究室), 遺伝情 報研究センター(構造・組換えの2 研究室), 実験農場設置
1985年	4月1日	遺伝情報研究センターに合成・遺伝 情報分析の2研究室を設置
1987年	1月12日	日本DNAデータバンク稼働
1988年	4月8日	放射線・アイソトープセンター設置, 遺伝情報研究センターにライブラリー 研究室を設置
	10月1日	総合研究大学院大学生命科学研究科 遺伝学専攻設置
1989年	10月1日	富澤純一 第6代所長就任
1993年	4月1日	遺伝実験生物保存研究センターに発 生工学研究室を設置
1994年	6月24日	遺伝情報研究センターに遺伝子機能 研究室を設置
1995年	4月1日	生命情報研究センター設置
1996年	5月11日	構造遺伝学研究センター設置 (遺伝情報研究センターの改組) (生体高分子研究室設置, 超分子機能・ 構造制御・超分子構造・遺伝子回路 の4研究室振替)



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



- 1997 Apr. 1 The Genetic Stock Research Center was reorganized as the Genetic Strains Research Center consisting of 5 laboratories (Mammalian Genetics, Mammalian Development, Plant Genetics, Microbial Genetics and Invertebrate Genetics), and as the Center for Genetic Resource Information consisting of 2 laboratories (Genetic Informatics and Genetic Resources).
- Oct. 1 Dr. Yoshiki Hotta was elected the 7th Director.
- 1998 Apr. 9 The Division of Early Embryogenesis was added in the Department of Developmental Genetics. The Division of Brain Function was added in the Department of Integrated Genetics.
- 2001 Apr. 1 The Center for Information Biology was reorganized as the Center for Information Biology and DNA Data Bank of Japan. The new center consists of 5 laboratories. The Laboratory of Molecular Classification of the former center was renamed as the Laboratory for Research and Development of Biological Databases in the new center. The Laboratory for Gene-Expression Analysis was added in the new center.
- 2002 Apr. 1 Two laboratories, Mouse Genomics Resource Laboratory and Model Fish Genomics Resource Laboratory, were added to the Genetic Strains Research Center.
- 2003 Apr. 1 The Molecular Mechanisms was added to the molecular Genetics. The Laboratory for Frontier Research was added to the Genetic Strains Research Center. Two laboratories, Comparative Genomics Laboratory and Publicity and Intellectual Property Unit, were added to the Center for Genetic Resource Information.
- 2004 Apr. 1 Reorganized as Research Organization of Information and Systems, Inter-University Research Institute Corporation, together with three other national institutes.
- Dec. 1 Dr. Yuji Kohara was elected the 8th Director.
- 2005 Apr. 1 Intellectual Property Unit was added. Renamed as NIG INNOVATION (as of 2018 Apr.1)
- 2006 Apr. 1 The Center for Frontier Research was established. The Laboratory for Cell Lineage, Neural Morphogenesis and Cell Architecture was added in the new center.
- 2011 Oct. 1 Advanced Genomics Center was established.
- 2012 Apr. 1 Research centers were reorganized. Intellectual Infrastructure Centers (Genetic Resource Center and DDBJ Center) and Support Centers (IT Unit, Mouse Research Supporting Unit) were established.
- Dec. 1 Dr. Isao Katsura was elected the 9th Director.
- 2014 Apr. 1 Office for Research Development was added.
- 2015 Apr. 1 Unit for Experimental Animal Care was established. Office for Female Researcher Development was added. Renamed as Office for Gender Equality (as of 2017 Apr. 1)



Publications in 2017

Journal Title	# of published	Journal Title	# of published	Journal Title	# of published
<i>Cell</i>	1	<i>Nature Communications</i>	10	<i>PNAS</i>	2
<i>Nature Cell Biology</i>	1	<i>J. Exp. Medicine</i>	1	<i>Genes & Development</i>	2
<i>Gastroenterology</i>	1	<i>Genome Biology</i>	1	<i>Developmental Cell</i>	2
<i>Molecular Cell</i>	2	<i>Nature Plants</i>	1	<i>Cancer Research</i>	1
<i>Neuron</i>	1	<i>Nucleic Acids Research</i>	4	<i>Current Biology</i>	2
<i>Ann. Rheumatic Diseases</i>	1	<i>EMBO Journal</i>	1	<i>Plant Cell</i>	1
<i>J. Clin. Invest.</i>	1	<i>ISME Journal</i>	1		

Ahmadloo, S., Nakaoka, H., Hayano, T., Hosomichi, K., You, H., Utsuno, E., Sangai, T., Nishimura, M., Matsushita, K., Hata, A., Nomura, F., and Inoue, I. (2017). Rapid and cost-effective high-throughput sequencing for identification of germline mutations of BRCA1 and BRCA2. *J Hum Genet* 62:561-567.

Ajima, R., Suzuki, E., and Saga, Y. (2017). Pofut1 point-mutations that disrupt O-fucosyltransferase activity destabilize the protein and abolish Notch1 signaling during mouse somitogenesis. *PLoS One* 12:e0187248.

Akatsuka, H., Kuga, S., Masuhara, K., Davaadorj, O., Okada, C., Iida, Y., Okada, Y., Fukunishi, N., Suzuki, T., Hosomichi, K., Ohtsuka, M., Tanaka, M., Inoue, I., Kimura, M., and Sato, T. (2017). AMBRA1 is involved in T cell receptor-mediated metabolic reprogramming through an ATG7-independent pathway. *Biochem Biophys Res Commun* 491:1098-1104.

Akter, A., Ooka, T., Gotoh, Y., Yamamoto, S., Fujita, H., Terasoma, F., Kida, K., Taira, M., Nakadouzono, F., Gokuden, M., Hirano, M., Miyashiro, M., Inari, K., Shimazu, Y., Tabara, K., Toyoda, A., Yoshimura, D., Itoh, T., Kitano, T., Sato, M.P., Katsura, K., Mondal, S.I., Ogura, Y., Ando, S., and Hayashi, T. (2017). Extremely Low Genomic Diversity of Rickettsia Japonica Distributed in Japan. *Genome Biol Evol* 9:124-133.

Amano, T., Sagai, T., Seki, R., and Shiroishi, T. (2017). Two Types of Etiological Mutation in the Limb-Specific Enhancer of Shh. *G3 (Bethesda)* 7:2991-2998.

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

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

Arakaki, Y., Fujiwara, T., Kawai-Toyooka, H., Kawafune, K., Featherston, J., Durand, P.M., Miyagishima, S.Y., and Nozaki, H. (2017). Evolution of cytokinesis-related protein localization during the emergence of multicellularity in volvocine green algae. *BMC Evol Biol* 17:243.

Arnott, Z.L.P., Nozaki, S., Monteiro, D.C.F., Morgan, H.E., Pearson, A.R., Niki, H., and Webb, M.E. (2017). The Mechanism of Regulation of Pantothenate Biosynthesis by the PanD-PanZ-AcCoA Complex Reveals an Additional Mode of Action for the Antimetabolite N-Pentyl Pantothenamide (N5-Pan). *Biochemistry* 56:4931-4939.

Bowman, J.L., Kohchi, T., Yamato, K.T., Jenkins, J., Shu, S., Ishizaki, K., Yamaoka, S., Nishihama, R., et al. (2017). Insights into Land Plant Evolution Garnered from the *Marchantia polymorpha* Genome. *Cell* 171:287-304.e15.

Carroni, M., De, March M., Medagli, B., Krastanova, I., Taylor, I.A., Amenitsch, H., Araki, H., Pisani, F.M., Patwardhan, A., and Onesti, S. (2017). New insights into the GINS complex explain the controversy between existing structural models. *Sci Rep* 7:40188.

Chang, C.C., Huang, T.L., Shimamoto, Y., Tsai, S.Y., and Hsia, K.C. (2017). Regulation of mitotic spindle assembly factor NuMA by Importin-beta. *J Cell Biol* 216:3453-3462.

Chng, W.A., Koch, R., Li, X., Kondo, S., Nagoshi, E., and Lemaitre, B. (2017). Transforming Growth Factor beta/Activin signaling in neurons increases susceptibility to starvation. *PLoS One* 12:e0187054.

Chung, B.Y., Ro, J., Hutter, S.A., Miller, K.M., Guduguntla, L.S., Kondo, S., and Pletcher, S.D. (2017). Drosophila Neuropeptide F Signaling Independently Regulates Feeding and Sleep-Wake Behavior. *Cell Rep* 19:2441-2450.

Fujii, M., Sakaguchi, A., Kamata, R., Nagao, M., Kikuchi, Y., Evans, S.M., Yoshizumi, M., Shimono, A., Saga, Y., and Kokubo, H. (2017). Sfrp5 identifies murine cardiac progenitors for all myocardial structures except for the right ventricle. *Nat Commun* 8:14664.

Fujisawa, T., Narikawa, R., Maeda, S.I., Watanabe, S., Kanesaki, Y., Kobayashi, K., Nomata, J., Hanaoka, M., Watanabe, M., Ehira, S., Suzuki, E., Awai, K., and Nakamura, Y. (2017). CyanoBase: a large-scale update on its 20th anniversary. *Nucleic Acids Res* 45:D551-D554.

Fujiwara, T., Ohnuma, M., Kuroiwa, T., Ohbayashi, R., Hirooka, S., and Miyagishima, S.Y. (2017). Development of a Double Nuclear Gene-Targeting Method by Two-Step Transformation Based on a Newly Established Chloramphenicol-Selection System in the Red Alga *Cyanidioschyzon merolae*. *Front Plant Sci* 8:343.

Fukuda, R., Gunawan, F., Beisaw, A., Jimenez-Amilburu, V., Maischein, H.M., Kostin, S., Kawakami, K., and Stainier, D.Y. (2017). Proteolysis regulates cardiomyocyte maturation and tissue integration. *Nat Commun* 8:14495.

Goto, G.H., Ogi, H., Biswas, H., Ghosh, A., Tanaka, S., and Sugimoto, K. (2017). Two separate pathways regulate protein stability of ATM/ATR-related protein kinases Mec1 and Tel1 in budding yeast. *PLoS Genet* 13:e1006873.

Gotoh, H., Zinna, R.A., Ishikawa, Y., Miyakawa, H., Ishikawa, A., Sugime, Y., Emlen, D.J., Lavine, L.C., and Miura, T. (2017). The function of appendage patterning genes in mandible development of the sexually dimorphic stag beetle. *Dev Biol* 422:24-32.

Grothman, G.T., Johansson, C., Chilton, G., Kagoshima, H., Tsujimoto, M., and Suzuki, A.C. (2017). Gilbert Rahm and the Status of Mesotardigrada Rahm, 1937. *Zoolog Sci* 34:5-10.

Gupta, A., Tsuchiya, Y., Ohta, M., Shiratsuchi, G., and Kitagawa, D. (2017). NEK7 is required for G1 progression and procentriole formation. *Mol Biol Cell* 28:2123-2134.

Hahn, M.W., Schmidt, J., Koll, U., Rohde, M., Verburg, S., Pitt, A., Nakai, R., Naganuma, T., and Lang, E. (2017). *Silvanigrella aquatica* gen. nov., sp. nov., isolated from a freshwater lake, description of *Silvanigrella aquatica* fam. nov. and *Silvanigrellales* ord. nov., reclassification of the order Bellovibrionales in the class Oligoflexia, reclassification of the families Bacteriovoracaceae and Halobacteriovoracae in the new order Bacteriovoracales ord. nov., and reclassification of the family Pseudobacteriovoracaceae in the order Oligoflexales. *Int J Syst Evol Microbiol* 67:2555-2568.

Hamaji, T., Kawai-Toyooka, H., Toyoda, A., Minakuchi, Y., Suzuki, M., Fujiyama, A., Nozaki, H., and Smith, D.R. (2017). Multiple Independent Changes in Mitochondrial Genome Conformation in Chlamydomonadalean Algae. *Genome Biology and Evolution* 9:993-999.

Harvanek, Z.M., Lyu, Y., Gendron, C.M., Johnson, J.C., Kondo, S., Promislow, D.E.L., and Pletcher, S.D. (2017). Perceptive costs of reproduction drive ageing and physiology in male *Drosophila*. *Nat Ecol Evol* 1:152.

Hasegawa, T., Hall, C.J., Crosier, P.S., Abe, G., Kawakami, K., Kudo, A., and Kawakami, A. (2017). Transient inflammatory response mediated by interleukin-1beta is required for proper regeneration in zebrafish fin fold. *Elife* 6:e22716.

Hashimoto, S., Tabuchi, Y., Yurino, H., Hirohashi, Y., Deshimaru, S., Asano, T., Mariya, T., Oshima, K., Takamura, Y., Ukita, Y., Ametani, A., Kondo, N., Monma, N., Takeda, T., Misu, S., Okayama, T., Ikeo, K., Saito, T., Kaneko, S., Suzuki, Y., Hattori, M., Matsushima, K., and Torigoe, T. (2017). Comprehensive single-cell transcriptome analysis reveals heterogeneity in endometrioid adenocarcinoma tissues. *Sci Rep* 7:14225.

Hayase, E., Hashimoto, D., Nakamura, K., Noizat, C., Ogasawara, R., Takahashi, S., Ohigashi, H., Yokoi, Y., Sugimoto, R., Matsuoka, S., Ara, T., Yokoyama, E., Yamakawa, T., Ebata, K., Kondo, T., Hiramine, R., Aizawa, T., Ogura, Y., Hayashi, T., Mori, H., Kurokawa, K., Tomizuka, K., Ayabe, T., and Teshima, T. (2017). R-Spondin1 expands Paneth cells and prevents dysbiosis induced by graft-versus-host disease. *J Exp Med* 214:3507-3518.

Hayatsu, M., Tago, K., Uchiyama, I., Toyoda, A., Wang, Y., Shimomura, Y., Okubo, T., Kurisu, F., Hirono, Y., Nonaka, K., Akiyama, H., Itoh, T., and Takami, H. (2017). An acid-tolerant ammonia-oxidizing gamma-proteobacterium from soil. *ISME J* 11:1130-1141.

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

Higaki, S., Kuwata, N., Tanaka, K., Tooyama, I., Fujioka, Y., Sakai, N., and Takada, T. (2017). Successful vitrification of whole juvenile testis in the critically endangered cyprinid honmoroko (*Gnathopogon caeruleus*). *Zygote* 25:652-661.

Higashino, T., Takada, T., Nakaoka, H., Toyoda, Y., Stiburkova, B., Miyata, H., Ikebuchi, Y., Nakashima, H., Shimizu, S., Kawaguchi, M., Sakiyama, M., Nakayama, A., Akashi, A., Tanahashi, Y., Kawamura, Y., Nakamura, T., Wakai, K., Okada, R., Yamamoto, K., Hosomichi, K., Hosoya, T., Ichida, K., Ooyama, H., Suzuki, H., Inoue, I., Merriman, T.R., Shinomiya, N., and Matsuo, H. (2017). Multiple common and rare variants of ABCG2 cause gout. *RMD Open* 3:e000464.

Hino, K., Horigome, K., Nishio, M., Komura, S., Nagata, S., Zhao, C., Jin, Y., Kawakami, K., Yamada, Y., Ohta, A., Toguchida, J., and Ikeya, M. (2017). Activin-A enhances mTOR signaling to promote aberrant chondrogenesis in fibrodysplasia ossificans progressiva. *J Clin Invest* 127:3339-3352.

Hiraki, H., Kagoshima, H., Kraus, C., Schiffer, P.H., Ueta, Y., Kroher, M., Schierenberg, E., and Kohara, Y. (2017). Genome analysis of *Diploscaer* coronatus: insights into molecular peculiarities of a nematode with parthenogenetic reproduction. *BMC Genomics* 18:478.

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

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

Hori, T., Kagawa, N., Toyoda, A., Fujiyama, A., Misu, S., Monma, N., Makino, F., Ikeyo, K., and Fukagawa, T. (2017). Constitutive centromere-associated network controls centromere drift in vertebrate cells. *J Cell Biol* 216:101-113.

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

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

Ihara, S., Nakayama, S., Murakami, Y., Suzuki, E., Asakawa, M., Kinoshita, T., and Sawa, H. (2017). PIGN prevents protein aggregation in the endoplasmic reticulum independently of its function in the GPI synthesis. *J Cell Sci* 130:602-613.

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

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

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

Ishiwata, S., Miyazaki, M., Sato, K., Nakagome, K., Shintani, S.A., Koburumaki-Shimozawa, F., Fukuda, N., Suzuki, K., Takagi, J., Shimamoto, Y., and Itabashi, T. (2017). Dynamic properties of bio-motile systems with a liquid-crystalline structure. *Molecular Crystals and Liquid Crystals* 647:127-150.

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

Itoh, H., Matsui, M., Kumagai, T., Arita, M., Machida, M., and Shibata, T. (2017). Genome Sequence of the Fungal Strain 14919 Producing 3-Hydroxy-3-Methylglutaryl-Coenzyme A Reductase Inhibitor FR901512. *Genome Announc* 5: e00129-17.

Jin, M., Pomp, O., Shinoda, T., Toba, S., Torisawa, T., Furuta, K., Oiwa, K., Yasunaga, T., Kitagawa, D., Matsumura, S., Miyata, T., Tan, T.T., Reversade, B., and Hirotsune, S. (2017). Katanin p80, NuMA and cytoplasmic dynein cooperate to control microtubule dynamics. *Sci Rep* 7:39902.

Jinam, T.A., Phipps, M.E., Aghakhanian, F., Majumder, P.P., Datar, F., Stoneking, M., Sawai, H., Nishida, N., Tokunaga, K., Kawamura, S., Omoto, K., and Saitou, N. (2017). Discerning the Origins of the Negritos, First Sundaland People: Deep Divergence and Archaic Admixture. *Genome Biol Evol* 9:2013-2022.

Jong, L.W., Fujiwara, T., Nozaki, H., and Miyagishima, S.Y. (2017). Cell size for commitment to cell division and number of successive cell divisions in multicellular volvocine green algae *Tetrahena socialis* and *Gonium pectorale*. *Proc Jpn Acad Ser B Phys Biol Sci* 93:832-840.

Kabayama, Y., Toh, H., Katanaia, A., Sakurai, T., Chuma, S., Kuramochi-Miyagawa, S., Saga, Y.,

- Nakano, T., and Sasaki, H. (2017). Roles of MIWI, MILI and PLD6 in small RNA regulation in mouse growing oocytes. *Nucleic Acids Res* 45:5387-5398.
- Kadowaki, M., Fujimaru, Y., Taguchi, S., Ferdouse, J., Sawada, K., Kimura, Y., Terasawa, Y., Agrimi, G., Anai, T., Noguchi, H., Toyoda, A., Fujiyama, A., Akao, T., and Kitagaki, H. (2017). Chromosomal Aneuploidy Improves the Brewing Characteristics of Sake Yeast. *Appl Environ Microbiol* 83:e01620-17.
- Kan, L., Grozhik, A.V., Vedanayagam, J., Patil, D.P., Pang, N., Lim, K.S., Huang, Y.C., Joseph, B., Lin, C.J., Despic, V., Guo, J., Yan, D., Kondo, S., Deng, W.M., Dedon, P.C., Jaffrey, S.R., and Lai, E.C. (2017). The m(6)A pathway facilitates sex determination in *Drosophila*. *Nat Commun* 8:15737.
- Kanda, N., Ichikawa, M., Ono, A., Toyoda, A., Fujiyama, A., Abe, J., Tsuchikane, Y., Nishiyama, T., and Sekimoto, H. (2017). CRISPR/Cas9-based knockouts reveal that CpRPL1 is a negative regulator of the sex pheromone PR-IP in the *Closterium peracerosum-strigosum-littorale* complex. *Sci Rep* 7:17873.
- Kanzawa-Kiriyama, H., Kryukov, K., Jinan, T.A., Hosomichi, K., Saso, A., Suwa, G., Ueda, S., Yoneda, M., Tajima, A., Shinoda, K.I., Inoue, I., and Saitou, N. (2017). A partial nuclear genome of the Jomons who lived 3000 years ago in Fukushima, Japan. *J Hum Genet* 62:213-221.
- Kataoka, T., Tamura, M., Maeno, A., Wakana, S., and Shiroishi, T. (2017). Genetic Dissection of Trabealcore Bone Structure with Mouse Intersubspecific Consomic Strains. *G3 (Bethesda)* 7:3449-3457.
- Katori, S., Noguchi-Katori, Y., Okayama, A., Kawamura, Y., Luo, W., Sakimura, K., Hirabayashi, T., Iwasato, T., and Yagi, T. (2017). Protocadherin- α 2 is required for diffuse projections of serotonergic axons. *Sci Rep* 7:15908.
- Katori, S., Noguchi-Katori, Y., Ito, H., Sato, S., and Iwasato, T. (2017). Spinal RacGAP α -Chimaerin Is Required to Establish the Midline Barrier for Proper Corticospinal Axon Guidance. *J Neurosci* 37:7682-7699.
- Kawakami, K., and Murakami, Y. (2017). Preface to Vertebrate Brains: evolution, structures and functions. *Dev Growth Differ* 59:160-162.
- Kawakami, K., Largaespada, D.A., and Ivics, Z. (2017). Transposons As Tools for Functional Genomics in Vertebrate Models. *Trends Genet* 33:784-801.
- Kawano, T., Hosomichi, K., Inoue, I., Shimono, R., Onishi, S., Nakame, K., Kaji, T., Matsufuji, H., and Ieiri, S. (2017). Identification of a novel variant of the RET proto-oncogene in a novel family with Hirschsprung's disease. *Pediatr Surg Int* 33:1041-1046.
- Kawasaki, J., Kawamura, M., Ohsato, Y., Ito, J., and Nishigaki, K. (2017). Presence of a Shared 5'-Leader Sequence in Ancestral Human and Mammalian Retroviruses and Its Transduction into Feline Leukemia Virus. *J Virol* 91:e00829-17.
- Kawasaki, T., Maeno, A., Shiroishi, T., and Sakai, N. (2017). Development and growth of organs in living whole embryo and larval grafts in zebrafish. *Sci Rep* 7:16508.
- Kawazura, T., Matsumoto, K., Kojima, K., Kato, F., Kanai, T., Niki, H., and Shiomi, D. (2017). Exclusion of assembled MreB by anionic phospholipids at cell poles confers cell polarity for bidirectional growth. *Mol Microbiol* 104:472-486.
- Kikuchi, A., Nakazato, T., Ito, K., Nojima, Y., Yokoyama, T., Iwabuchi, K., Bono, H., Toyoda, A., Fujiyama, A., Sato, R., and Tabunoki, H. (2017). Identification of functional enolase genes of the silkworm *Bombyx mori* from public databases with a combination of dry and wet bench processes. *BLM Genomics* 18:83.
- Kimura, K., Mamane, A., Sasaki, T., Sato, K., Takagi, J., Niwayama, R., Hufnagel, L., Shimamoto, Y., Joanny, J.F., Uchida, S., and Kimura, A. (2017). Endoplasmic-reticulum-mediated microtubule alignment governs cytoplasmic streaming. *Nat Cell Biol* 19:399-406.
- Kimura, T., Takehana, Y., and Naruse, K. (2017). pnp4a Is the Causal Gene of the Medaka Iridophore Mutant guanineless. *G3 (Bethesda)* 7:1357-1363.
- Komaki, S., Lin, S.M., Nozawa, M., Oumi, S., Sumida, M., and Igawa, T. (2017). Fine-scale demographic processes resulting from multiple overseas colonization events of the Japanese stream tree frog, *Buergeria japonica*. *Journal of Biogeography* 44:1586-1597.
- Kondo, S., Vedanayagam, J., Mohammed, J., Eizadshenas, S., Kan, L., Pang, N., Aradhyia, R., Siepel, A., Steinhauer, J., and Lai, E.C. (2017). New genes often acquire male-specific functions but rarely become essential in *Drosophila*. *Genes Dev* 31:1841-1846.
- Kraus, C., Schiffer, P.H., Kagoshima, H., Hiraki, H., Vogt, T., Krolier, M., Kohara, Y., and Schierenberg, E. (2017). Differences in the genetic control of early egg development and reproduction between *C. elegans* and its parthenogenetic relative *D. coronatus*. *Evodevo* 8:16.
- Kume, M., and Kitano, J. (2017). Genetic and stable isotope analyses of threespine stickleback from the Bering and Chukchi seas. *Ichthyological Research* 64:478-480.
- Kusakabe, M., Ishikawa, A., Ravinet, M., Yoshida, K., Makino, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., and Kitano, J. (2017). Genetic basis for variation in salinity tolerance between stickleback ecotypes. *Mol Ecol* 26:304-319.
- Lin, C.J., Wen, J., Bejarano, F., Hu, F., Bortolami-Becet, D., Kan, L., Sanfilippo, P., Kondo, S., and Lai, E.C. (2017). Characterization of a TUTase/RNase complex required for *Drosophila* gametogenesis. *RNA* 23:284-296.
- Mahmoudi, Saber M., and Saitou, N. (2017). Silencing Effect of Hominoid Highly Conserved Noncoding Sequences on Embryonic Brain Development. *Genome Biol Evol* 9:2037-2048.
- Mashima, J., Kodama, Y., Fujisawa, T., Katayama, T., Okuda, Y., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Nakamura, Y., and Takagi, T. (2017). DNA Data Bank of Japan. *Nucleic Acids Res* 45:D25-D31.
- Matsuda, K., Yoshida, M., Kawakami, K., Hibi, M., and Shimizu, T. (2017). Granule cells control recovery from classical conditioned fear responses in the zebrafish cerebellum. *Sci Rep* 7:11865.
- Matsumoto, T., Yoshida, K., and Kitano, J. (2017). Contribution of gene flow to the evolution of recombination suppression in sex chromosomes. *J Theor Biol* 431:25-31.
- Matsumoto, Y., Goto, T., Nishino, J., Nakaoka, H., Tanave, A., Takano-Shimizu, T., Mott, R.F., and Koide, T. (2017). Selective breeding and selection mapping using a novel wild-derived heterogeneous stock of mice revealed two closely-linked loci for tameness. *Sci Rep* 7:4607.
- Matsuura, K., Sawai, H., Ikeo, K., Ogawa, S., Iio, E., Isogawa, M., Shimada, N., Komori, A., Toyoda, H., Kumada, T., Namisaki, T., Yoshiji, H., Sakamoto, N., Nakagawa, M., Asahina, Y., Kurosaki, M., Izumi, N., Enomoto, N., Kusakabe, A., Kajiwara, E., Itoh, Y., Ide, T., Tamori, A., Matsubara, M., Kawada, N., Shirabe, K., Tomita, E., Honda, M., Kaneko, S., Nishina, S., Suetsugu, A., Hiasa, Y., Watanabe, H., Genda, T., Sakaida, I., Nishiguchi, S., Takaguchi, K., Tanaka, E., Sugihara, J., Shimada, M., Kondo, Y., Kawai, Y., Kojima, K., Nagasaki, M., Tokunaga, K., and Tanaka, Y. (2017). Genome-Wide Association Study Identifies TLL1 Variant Associated With Development of Hepatocellular Carcinoma After Eradication of Hepatitis C Virus Infection. *Gastroenterology* 152:1383-1394.
- Minamikawa, M.F., Nonaka, K., Kaminuma, E., Kajiya-Kanegae, H., Onogi, A., Goto, S., Yoshioka, T., Imai, A., Hamada, H., Hayashi, T., Matsumoto, S., Katayose, Y., Toyoda, A., Fujiyama, A., Nakamura, Y., Shimizu, T., and Iwata, H. (2017). Genome-wide association study and genomic prediction in citrus: Potential of genomics-assisted breeding for fruit quality traits. *Sci Rep* 7:4721.
- Minegishi, K., Hashimoto, M., Ajima, R., Takaoka, K., Shinohara, K., Ikawa, Y., Nishimura, H., McMahon, A.P., Willert, K., Okada, Y., Sasaki, H., Shi, D., Fujimori, T., Ohtsuka, T., Igarashi, Y., Yamaguchi, T.P., Shimono, A., Shiratori, H., and Hamada, H. (2017). A Wnt5 Activity Asymmetry and Intercellular Signaling via PCP Proteins Polarize Node Cells for Left-Right Symmetry Breaking. *Dev Cell* 40:439-452.e4.
- Miyagishima, S.Y. (2017). Chloroplast division: A handshake across membranes. *Nat Plants* 3:17025.
- Miyamoto, N., Yoshida, M.A., Koga, H., and Fujiwara, Y. (2017). Genetic mechanisms of bone digestion and nutrient absorption in the bone-eating worm *Osedax japonicus* inferred from transcriptome and gene expression analyses. *BMC Evol Biol* 17:17.
- Miyazawa-Onami, M., Araki, H., and Tanaka, S. (2017). Pre-initiation complex assembly functions as a molecular switch that splits the Mcm2-7 double hexamer. *EMBO Rep* 18:1752-1761.
- Mizutani, H., Sugawara, H., Buckle, A.M., Sangawa, T., Miyazono, K.I., Ohtsuka, J., Nagata, K., Shojima, T., Nosaki, S., Xu, Y., Wang, D., Hu, X., Tanokura, M., and Yura, K. (2017). REFOLDdb: a new and sustainable gateway to experimental protocols for protein refolding. *BMC Struct Biol* 17:4.
- Mochizuki, T., Tanizawa, Y., Fujisawa, T., Ohta, T., Nikoh, N., Shimizu, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Kurata, N., Nagasaki, H., Kaminuma, E., and Nakamura, Y. (2017). DNAPod: DNA polymorphism annotation database from next-generation sequence read archives. *PLoS One* 12:e0172269.
- Moreno-Juan, V., Filipchuk, A., Anton-Bolanos, N., Mezzera, C., Gezelius, H., Andres, B., Rodriguez-Malmierca, L., Susin, R., Schaad, O., Iwasato, T., Schule, R., Rutlin, M., Nelson, S., Ducret, S., Valdeolmillos, M., Rijli, F.M., and Lopez-Bendito, G. (2017). Prenatal thalamic waves regulate cortical area size prior to sensory processing. *Nat Commun* 8:14172.
- Mori, T., Hosomichi, K., Chiga, M., Mandai, S., Nakaoka, H., Sohara, E., Okado, T., Rai, T., Sasaki, S., Inoue, I., and Uchida, S. (2017). Comprehensive genetic testing approach for major inherited kidney diseases, using next-generation sequencing with a custom panel. *Clin Exp Nephrol* 21:63-75.
- Morimoto, K., and Tamori, Y. (2017). Induction and Diagnosis of Tumors in *Drosophila* Imaginal Disc Epithelia. *J Vis Exp*.
- Muto, A., Lal, P., Ailani, D., Abe, G., Itoh, M., and Kawakami, K. (2017). Activation of the hypothalamic feeding centre upon visual prey detection. *Nat Commun* 8:15029.
- Muto, N., Alama, U.B., Kakioka, R., Babaran, R.P., and Motomura, H. (2017). First record of *Lutjanus madras* (Perciformes: Lutjanidae) from the Pacific Ocean, with comments on its intraspecific morphological variation. *Cybio* 41:295-298.
- Muto N, Takeshima H., Traifalgar, R.F.M., and Motomura H, Muto F. (2017). Rapid and cost-effective molecular identification of the three mackerel species of the genus *Rastrelliger* (Perciformes: Scombridae) using PCR-RFLP analysis. *Marine Biodiversity* 47:609-611.
- Muto-Fujita, A., Takemoto, K., Kanaya, S., Nakazato, T., Tokimatsu, T., Matsumoto, N., Kono, M., Chubachi, Y., Ozaki, K., and Kotera, M. (2017). Data integration aids understanding of butterfly-host plant networks. *Sci Rep* 7:43368.
- Nakano, H., Miyazawa, H., Maeno, A., Shiroishi, T., Kakui, K., Koyanagi, R., Kanda, M., Satoh, N., Omori, A., and Kohtsuka, H. (2017). A new species of *Xenoturbella* from the western Pacific Ocean and the evolution of *Xenoturbella*. *BMC Evol Biol* 17:245.
- Nakayama, A., Nakaoka, H., Yamamoto, K., Sakiyama, M., Shaukat, A., Toyoda, Y., Okada, Y., Kamatani, Y., Nakamura, T., Takada, T., Inoue, K., Yasujima, T., Yuasa, H., Shirahama, Y., Nakashima, H., Shimizu, S., Higashino, T., Kawamura, Y., Ogata, H., Kawaguchi, M., Ohkawa, Y., Danjoh, I., Tokumasa, A., Ooyama, K., Ito, T., Kondo, T., Wakai, K., Stiburkova, B., Pavelka, K., Stamp, L.K., Dalbeth, N., Sakurai, Y., Suzuki, H., Hosoyamada, M., Fujimori, S., Yokoo, T., Hosoya, T., Inoue, I., Takahashi, A., Kubo, M., Ooyama, H., Shimizu, T., Ichida, K., Shinomiya, N., Merriman, T.R., and Matsuo, H. (2017). GWAS of clinically defined gout and subtypes identifies multiple susceptibility loci that include urate transporter genes. *Ann Rheum Dis* 76:869-877.
- Natsume, T., Nishimura, K., Minocherhomji, S., Bhowmick, R., Hickson, I.D., and Kanemaki, M.T. (2017). Acute inactivation of the replicative helicase in human cells triggers MCM8-9-dependent DNA synthesis. *Genes Dev* 31:816-829.
- Natsume, T., and Kanemaki, M.T. (2017). Conditional Degrons for Controlling Protein Expression at the Protein Level. *Annu Rev Genet* 51:83-102.
- Niki, H. (2017). Open and Closed Questions about Open and Closed SMC. *Structure* 25:569-570.
- Nobusawa, T., Hori, K., Mori, H., Kurokawa, K., and Ohta, H. (2017). Differently localized lysophosphatidic acid acyltransferases crucial for triacylglycerol biosynthesis in the oleaginous alga *Nannochloropsis*. *Plant J* 90:547-559.
- Noguchi, K., Ishikawa, R., Kawaguchi, M., Miyoshi, K., Kawasaki, T., Hirata, T., Fukui, M., Kuratani, S., Tanaka, M., and Murakami, Y. (2017). Expression patterns of *Sema3A* in developing amniote limbs: With reference to the diversification of peripheral nerve innervation. *Dev Growth Differ* 59:270-285.
- Nozaki, T., Imai, R., Tanbo, M., Nagashima, R., Tamura, S., Tani, T., Joti, Y., Tomita, M., Hibino, K., Kanemaki, M.T., Wendt, K.S., Okada, Y., Nagai, T., and Maeshima, K. (2017). Dynamic Organization of Chromatin Domains Revealed by Super-Resolution Live-Cell Imaging. *Mol Cell* 67:282-293.e7.
- Nozu, K., Minamikawa, S., Yamada, S., Oka, M., Yanagita, M., Morisada, N., Fujinaga, S., Nagano, C., Gotoh, Y., Takahashi, E., Morishita, T., Yamamura, T., Ninchoji, T., Kaito, H., Morioka, I., Nakanishi, K., Vorechovsky, I., and Iijima, K. (2017). Characterization of contiguous gene deletions in COL4A6 and COL4A5 in Alport syndrome-diffuse leiomyomatosis. *J Hum Genet* 62:733-735.
- Ode, K.L., Ukai, H., Susaki, E.A., Narumi, R., Matsumoto, K., Hara, J., Koide, N., Abe, T., Kanemaki, M.T., Kiyonari, H., and Ueda, H.R. (2017). Knockout-Rescue Embryonic Stem Cell-Derived Mouse Reveals Circadian-Period Control by Quality and Quantity of CRY1. *Mol Cell* 65:176-190.
- Ohbayashi, R., Yamamoto, J.Y., Watanabe, S., Kanesaki, Y., Chibazakura, T., Miyagishima, S.Y., and Yoshikawa, H. (2017). Variety of DNA Replication Activity Among *Cyanothece* Correlates with Distinct Respiration Activity in the Dark. *Plant Cell Physiol* 58:279-286.
- Ohki, Y., Wenninger-Weinzierl, A., Hruscha, A., Asakawa, K., Kawakami, K., Haass, C., Edbauer, D., and Schmid, B. (2017). Glycine-alanine dipeptide repeat protein contributes to toxicity in a zebrafish model of C9orf72 associated neurodegeneration. *Mol Neurodegener* 12:6.
- Ohno, Y., Toyoshima, Y., Yurino, H., Monma, N., Xiang, H., Sumida, K., Kaneumi, S., Terada, S., Hashimoto, S., Ikeo, K., Homma, S., Kawamura, H., Takahashi, N., Taketomi, A., and Kitamura, H. (2017). Lack of interleukin-6 in the tumor microenvironment augments type-1 immunity and increases the efficacy of cancer immunotherapy. *Cancer Sci* 108:1959-1966.
- Okabe, S., Tsunoka, Y., Takahashi, A., Ooyama, R., Watarai, A., Maeda, S., Honda, Y., Nagasawa, M., Mogi, K., Nishimori, K., Kuroda, M., Koide, T., and Kikusui, T. (2017). Pup exposure facilitates retrieving behavior via the oxytocin neural system in female mice. *Psychoneuroendocrinology* 79:20-30.
- Okai, S., Usui, F., Ohta, M., Mori, H., Kurokawa, K., Matsumoto, S., Kato, T., Miyauchi, E., Ohno, H., and Shinkura, R. (2017). Intestinal IgA as a modulator of the gut microbiota. *Gut Microbes* 8:486-492.
- Okamoto, M., Tsuchiya, Y., Miya, F., Tsunoda, T., Yamashita, K., Borevich, K.A., Kato, M., Saitoh, S., Yamasaki, M., Kamamura, Y., Kosaki, K., and Kitagawa, D. (2017). A novel genetic syndrome with STARD9 mutation and abnormal spindle morphology. *Am J Med Genet A* 173:2690-2696.
- Okumura, K., Kagawa, N., Saito, M., Yoshizawa, Y., Munakata, H., Isogai, E., Fukagawa, T., and Wakabayashi, Y. (2017). CENP-R acts bilaterally as a tumor suppressor and as an oncogene in the two-stage skin carcinogenesis model. *Cancer Sci* 108:2142-2148.

- Oono, H., Ogasawara, O., Okubo, K., and Bono, H. (2017). RefEx, a reference gene expression dataset as a web tool for the functional analysis of genes. *Sci Data* 4:170105.
- Onuma, R., Mishra, N., and Miyagishima, S.Y. (2017). Regulation of chloroplast and nucleomorph replication by the cell cycle in the cryptophyte *Guillardia theta*. *Sci Rep* 7:2345.
- Osada, N., Miyagi, R., and Takahashi, A. (2017). Cis- and Trans-regulatory Effects on Gene Expression in a Natural Population of *Drosophila melanogaster*. *Genetics* 206:2139-2148.
- Pramono, A.K., Kuwahara, H., Itoh, T., Toyoda, A., Yamada, A., and Hongho, Y. (2017). Discovery and Complete Genome Sequence of a Bacteriophage from an Obligate Intracellular Symbiont of a Cellulolytic Protist in the Termite Gut. *Microbes Environ* 32:112-117.
- Pui, H.P., and Saga, Y. (2017). Gonocytes-to-spermatogonia transition initiates prior to birth in murine testes and it requires FGF signaling. *Mech Dev* 144:125-139.
- Ravinet, M., Faria, R., Butlin, R.K., Galindo, J., Bierre, N., Rafajlovic, M., Noor, M.A.F., Mehlig, B., and Westram, A.M. (2017). Interpreting the genomic landscape of speciation: a road map for finding barriers to gene flow. *J Evol Biol* 30:1450-1477.
- Reiten, I., Uslu, F.E., Fore, S., Pelgrims, R., Ringers, C., Diaz, Verdugo C., Hoffman, M., Lal, P., Kawakami, K., Pekkan, K., Yaksi, E., and Jurisch-Yaksi, N. (2017). Motile-Cilia-Mediated Flow Improves Sensitivity and Temporal Resolution of Olfactory Computations. *Curr Biol* 27:166-174.
- Romero, V., Hosomichi, K., Nakaoka, H., Shibata, H., and Inoue, I. (2017). Structure and evolution of the flaggrin gene repeated region in primates. *BMC Evol Biol* 17:10.
- Sagai, T., Amano, T., Maeno, A., Kiyonari, H., Seo, H., Cho, S.W., and Shiroishi, T. (2017). SHH signaling directed by two oral epithelium-specific enhancers controls tooth and oral development. *Sci Rep* 7:13004.
- Sagai, T., Amano, T., Maeno, A., Kimura, T., Nakamoto, M., Takehana, Y., Naruse, K., Okada, N., Kiyonari, H., and Shiroishi, T. (2017). Evolution of Shh endoderm enhancers during morphological transition from ventral lungs to dorsal gas bladder. *Nat Commun* 8:14300.
- Saitou, N., and Jinam, T.A. (2017). Language diversity of the Japanese archipelago and its relationship with human DNA diversity. *Man in India* 97:205-228.
- Sanosaka, T., Imamura, T., Hamazaki, N., Chai, M., Igarashi, K., Ideta-Otsuka, M., Miura, F., Ito, T., Fujii, N., Ikee, K., and Nakashima, K. (2017). DNA Methylation Analysis Identifies Transcription Factor-Based Epigenomic Signatures of Multilineage Competence in Neural Stem/Progenitor Cells. *Cell Rep* 20:2992-3003.
- Sasaki, T., Fukuda, H., and Oda, Y. (2017). CORTICAL MICROTUBULE DISORDERING1 Is Required for Secondary Cell Wall Patterning in Xylem Vessels. *Plant Cell* 29:3123-3139.
- Sato, N., Yoshida, M.A., and Kasugai, T. (2017). Impact of cryptic female choice on insemination success: Larger sized and longer copulating male squid ejaculate more, but females influence insemination success by removing spermatangia. *Evolution* 71:111-120.
- Seike, T., and Niki, H. (2017). Mating response and construction of heterothallic strains of the fission yeast *Schizosaccharomyces octosporus*. *FEMS Yeast Res* 17:fox045.
- Seki, R., Li, C., Fang, Q., Hayashi, S., Egawa, S., Hu, J., Xu, L., Pan, H., Kondo, M., Sato, T., Matsubara, H., Kamiyama, N., Kitajima, K., Saito, D., Liu, Y., Gilbert, M.T., Zhou, Q., Xu, X., Shiroishi, T., Irie, N., Tamura, K., and Zhang, G. (2017). Functional roles of Aves class-specific cis-regulatory elements on macroevolution of bird-specific features. *Nat Commun* 8:14229.
- Sekiya, M., Maruko-Otake, A., Hearn, S., Sakakibara, Y., Fujisaki, N., Suzuki, E., Ando, K., and Iijima, K.M. (2017). EDEM Function in ERAD Protects against Chronic ER Proteinopathy and Age-Related Physiological Decline in *Drosophila*. *Dev Cell* 41:652-664.e5.
- Shimamoto, Y., Tamura, S., Masumoto, H., and Maeshima, K. (2017). Nucleosome-nucleosome interactions via histone tails and linker DNA regulate nuclear rigidity. *Mol Biol Cell* 28:1580-1589.
- Shimizu, T., Tanizawa, Y., Mochizuki, T., Nagasaki, H., Yoshioka, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Kaminuma, E., and Nakamura, Y. (2017). Draft Sequencing of the Heterozygous Diploid Genome of Satsuma (Citrus unshiu Marc.) Using a Hybrid Assembly Approach. *Front Genet* 8:180.
- Shinkai, S., Nozaki, T., Maeshima, K., and Togashi, Y. (2017). Bridging the dynamics and organization of chromatin domains by mathematical modeling. *Nucleus* 8:353-359.
- Simakov, O., and Kawashima, T. (2017). Independent evolution of genomic characters during major metazoan transitions. *Dev Biol* 427:179-192.
- Simecek, P., Forejt, J., Williams, R.W., Shiroishi, T., Takada, T., Lu, L., Johnson, T.E., Bennett, B., Deschepper, C.F., Scott-Boyer, M.P., Pardo-Manuel, de Villena F., and Churchill, G.A. (2017). High-Resolution Maps of Mouse Reference Populations. *G3 (Bethesda)* 7:3427-3434.
- Sugawara, T., and Kimura, A. (2017). Physical properties of the chromosomes and implications for development. *Dev Growth Differ* 59:405-414.
- Sugiyama, Y., Wakazaki, M., Toyooka, K., Fukuda, H., and Oda, Y. (2017). A Novel Plasma Membrane-Anchored Protein Regulates Xylem Cell-Wall Deposition through Microtubule-Dependent Lateral Inhibition of Rho GTPase Domains. *Curr Biol* 27:2522-2528.e4.
- Sumiya, N., and Miyagishima, S.Y. (2017). Hierarchical order in the formation of chloroplast division machinery in the red alga *Cyanidioschyzon merolae*. *Commun Integr Biol* 10:e1294298.
- Suzuki, A.C., Kagoshima, H., Chilton, G., Grothman, G.T., Johansson, C., and Tsujimoto, M. (2017). Meiofaunal Richness in Highly Acidic Hot Springs in Unzen-Amakusa National Park, Japan, Including the First Rediscovery Attempt for Mesotardigrada. *Zoolog Sci* 34:11-17.
- Tabé, Y., Yamamoto, S., Saitoh, K., Sekihara, K., Monma, N., Ikee, K., Mogushi, K., Shikami, M., Ruvoilo, V., Ishizawa, J., Hail, N. Jr, Kazuno, S., Igarashi, M., Matsushita, H., Yamanaka, Y., Arai, H., Nagaoka, I., Miida, T., Hayashizaki, Y., Konopleva, M., and Andreff, M. (2017). Bone Marrow Adipocytes Facilitate Fatty Acid Leukemia Activating AMPK and a Transcriptional Network Supporting Survival of Acute Monocytic Leukemia Cells. *Cancer Res* 77:1453-1464.
- Tada, I., Tanizawa, Y., Endo, A., Tohno, M., and Arita, M. (2017). Revealing the genomic differences between two subgroups in *Lactobacillus gasseri*. *Biosci Microbiota Food Health* 36:155-159.
- Tada, I., Tanizawa, Y., and Arita, M. (2017). Visualization of consensus genome structure without using a reference genome. *BMC Genomics* 18:208.
- Tada, I., Saitoh, S., Aoyama, H., Shinzato, N., Yamamoto, N., Arita, M., and Ikematsu, S. (2017). Genome Sequence of *Lactobacillus paracasei* Strain LC-Ikematsu, Isolated from a Pineapple in Okinawa, Japan. *Genome Announc* 5:e01583-16.
- Takagi, J., and Shimamoto, Y. (2017). High-quality frozen extracts of *Xenopus laevis* eggs reveal size-dependent control of metaphase spindle micromechanics. *Mol Biol Cell* 28:2170-2177.
- Takahashi, A., Okada, R., Nagao, K., Kawamata, Y., Hanyu, A., Yoshimoto, S., Takasugi, M., Watanabe, S., Kanemaki, M.T., Obuse, C., and Hara, E. (2017). Exosomes maintain cellular homeostasis by excreting harmful DNA from cells. *Nat Commun* 8:15287.
- Takahashi, Y., Murakami, H., Akiyama, Y., Katoh, Y., Oma, Y., Nishijima, H., Shibahara, K.I., Igarashi, K., and Harata, M. (2017). Actin Family Proteins in the Human INO80 Chromatin Remodeling Complex Exhibit Functional Roles in the Induction of Heme Oxygenase-1 with Hemin. *Front Genet* 8:17.
- Takami, H., Toyoda, A., Uchiyama, I., Itoh, T., Takaki, Y., Arai, W., Nishi, S., Kawai, M., Shin-Ya, K., and Ikeda, H. (2017). Complete genome sequence and expression profile of the commercial lytic enzyme producer *Lysobacter enzymogenes* M497-1. *DNA Res* 24:169-177.
- Takao, D., and Kaminuma, S. (2017). Simulation of intra-ciliary diffusion suggests a novel role of primary cilia as a cell-signaling enhancer. *Dev Growth Differ* 59:415-422.
- Takenouchi, T., Kuchikata, T., Yoshihashi, H., Fujiwara, M., Uehara, T., Miyama, S., Yamada, S., and Kosaki, K. (2017). Diagnostic use of computational retrotransposon detection: Successful definition of pathogenetic mechanism in a ciliopathy phenotype. *Am J Med Genet A* 173:1353-1357.
- Tamori, Y., and Deng, W.M. (2017). Tissue-Intrinsic Tumor Hotspots: Terror for Tumorigenesis. *Trends Cancer* 3:259-268.
- Tanizawa, Y., Kobayashi, H., Kaminuma, E., Sakamoto, M., Ohkuma, M., Nakamura, Y., Arita, M., and Tohno, M. (2017). Genomic characterization reconfirms the taxonomic status of *Lactobacillus parakefir*. *Biosci Microbiota Food Health* 36:129-134.
- Tatsumoto, S., Go, Y., Fukuta, K., Noguchi, H., Hayakawa, T., Tomonaga, M., Hirai, H., Matsuzawa, T., Agata, K., and Fujiyama, A. (2017). Direct estimation of de novo mutation rates in a chimpanzee parent-offspring trio by ultra-deep whole genome sequencing. *Sci Rep* 7:13561.
- Tohno, M., Tanizawa, Y., Irisawa, T., Masuda, T., Sakamoto, M., Arita, M., Ohkuma, M., and Kobayashi, H. (2017). *Lactobacillus siliginicola* sp. nov. and *Lactobacillus pentosiphilus* sp. nov., isolated from silage. *Int J Syst Evol Microbiol* 67:3639-3644.
- Tsuchida, S., Maruyama, F., Ogura, Y., Toyoda, A., Hayashi, T., Okuma, M., and Ushida, K. (2017). Genomic Characteristics of *Bifidobacterium thermacidophilum* Pig Isolates and Wild Boar Isolates Reveal the Unique Presence of a Putative Mobile Genetic Element with tetW for Pig Farm Isolates. *Front Microbiol* 8:1540.
- Tsuda, K., Abraham-Juarez, M.J., Maeno, A., Dong, Z., Aromdee, D., Meeley, R., Shiroishi, T., Nonomura, K.I., and Hake, S. (2017). KNOTTED1 Cofactors, BLH12 and BLH14, Regulate Internode Patterning and Vein Anastomosis in Maize. *Plant Cell* 29:1105-1118.
- Tsugawa, H., Ikeda, K., Tanaka, W., Senoo, Y., Arita, M., and Arita, M. (2017). Comprehensive identification of sphingolipid species by in silico retention -time and tandem mass spectral library. *J Cheminform* 9:19.
- Ursell, T., Lee, T.K., Shiomi, D., Shi, H., Tropini, C., Monds, R.D., Colavin, A., Billings, G., Bhaya-Grossman, I., Broxton, M., Huang, B.E., Niki, H., and Huang, K.C. (2017). Rapid, precise quantification of bacterial cellular dimensions across a genomic-scale knockout library. *BMC Biol* 15:17.
- Venero, Galanternik M., Castranova, D., Gore, A.V., Blewett, N.H., Jung, H.M., Stratman, A.N., Kirby, M.R., Iben, J., Miller, M.F., Kawakami, K., Maraia, R.J., and Weinstein, B.M. (2017). A novel perivascular cell population in the zebrafish brain. *Elife* 6:e24369.
- Vukasinovic, N., Oda, Y., Pejchar, P., Synek, L., Pecenkova, T., Rawat, A., Sekeres, J., Potocky, M., and Zarsky, V. (2017). Microtubule-dependent targeting of the exocyst complex is necessary for xylem development in *Arabidopsis*. *New Phytol* 213:1052-1067.
- Wada, K., Wada, Y., Iwasaki, Y., and Ikemura, T. (2017). Time-series oligonucleotide count to assign antiviral siRNAs with full utility fit in the big data era. *Gene Ther* 24:668-673.
- Wang, X.F., Shen, Y., Cheng, Q., Fu, C.L., Zhou, Z.Z., Hirose, S., and Liu, Q.X. (2017). Apontic directly activates hedgehog and cyclin E for proper organ growth and patterning. *Sci Rep* 7:12470.
- Watanabe, H., Goto, S., Mori, H., Higashi, K., Hosomichi, K., Aizawa, N., Takahashi, N., Tsuchida, M., Suzuki, Y., Yamada, T., Hori, A., Inoue, I., Kurokawa, K., and Narita, I. (2017). Comprehensive microbiome analysis of tonsillar crypts in IgA nephropathy. *Nephrol Dial Transplant* 32:2072-2079.
- Wollmann, H., Stroud, H., Yelagandula, R., Tarutani, Y., Jiang, D., Jing, L., Jamge, B., Takeuchi, H., Holec, S., Nie, X., Kakutani, T., Jacobsen, S.E., and Berger, F. (2017). The histone H3 variant H3.3 regulates gene body DNA methylation in *Arabidopsis thaliana*. *Genome Biol* 18:94.
- Wu, L., Sun, Q., Desmeth, P., Sugawara, H., Xu, Z., McCluskey, K., Smith, D., Alexander, V., Lima, N., Ohkuma, M., Robert, V., Zhou, Y., Li, J., Fan, G., Ingerswag, S., Ozerskaya, S., and Ma, J. (2017). World data centre for microorganisms: an information infrastructure to explore and utilize preserved microbial strains worldwide. *Nucleic Acids Res* 45:D611-D618.
- Yabuzaki, J. (2017). Carotenoids Database: structures, chemical fingerprints and distribution among organisms. *Database (Oxford)* 2017:bax004.
- Yamaguchi, T., Hosomichi, K., Yano, K., Kim, Y.I., Nakaoka, H., Kimura, R., Otsuka, H., Nonaka, N., Haga, S., Takahashi, M., Shirota, T., Kikkawa, Y., Yamada, A., Kamijo, R., Park, S.B., Nakamura, M., Maki, K., and Inoue, I. (2017). Comprehensive genetic exploration of selective tooth agenesis of mandibular incisors by exome sequencing. *Hum Genome Var* 4:17005.
- Yamamoto, K., and Kimura, A. (2017). An asymmetric attraction model for the diversity and robustness of cell arrangement in nematodes. *Development* 144:4437-4449.
- Yamauchi, K., Yamazaki, M., Abe, M., Sakimura, K., Lickert, H., Kawasaki, T., Murakami, F., and Hirata, T. (2017). Netrin-1 Derived from the Ventricular Zone, but not the Floor Plate, Directs Hindbrain Commissural Axons to the Ventral Midline. *Sci Rep* 7:11992.
- Yamazaki, T., Ichiwara, K., Suzuki, R., Oshima, K., Miyamura, S., Kuwano, K., Toyoda, A., Suzuki, Y., Sugano, S., Hattori, M., and Kawano, S. (2017). Genomic structure and evolution of the mating type locus in the green seaweed *Ulva partita*. *Sci Rep* 7:11679.
- Yano, K., and Niki, H. (2017). Multiple cis-Acting rDNAs Contribute to Nucleoid Separation and Recruit the Bacterial Condensin SMC-ScpAB. *Cell Rep* 21:1347-1360.
- Yokoyama, S., Furukawa, S., Kitada, S., Mori, M., Saito, T., Kawakami, K., Belmonte, J.C.I., Kawakami, Y., Ito, Y., Sato, T., and Asahara, H. (2017). Analysis of transcription factors expressed at the anterior mouse limb bud. *PLoS One* 12:e0175673.
- Yoshida, K., Makino, T., and Kitano, J. (2017). Accumulation of Deleterious Mutations on the Neo-Y Chromosome of Japan Sea Stickleback (*Gasterosteus nipponicus*). *J Hered* 108:63-68.
- Yoshida, Y., Kuroiwa, H., Shimada, T., Yoshida, M., Ohnuma, M., Fujiwara, T., Imoto, Y., Yagisawa, F., Nishida, K., Hirooka, S., Misumi, O., Mogi, Y., Akakabe, Y., Matsushita, K., and Kuroiwa, T. (2017). Glycosyltransferase MDR1 assembles a dividing ring for mitochondrial proliferation comprising polyglucan nanofilaments. *Proc Natl Acad Sci U S A* 114:13284-13289.
- Zhang, B.B., Yao, Y.Y., Zhang, H.F., Kawakami, K., and Du, J.L. (2017). Left Habenula Mediates Light-Preference Behavior in Zebrafish via an Asymmetrical Visual Pathway. *Neuron* 93:914-928.e4.
- Zhou, Z., Kawabe, H., Suzuki, A., Shinmyozu, K., and Saga, Y. (2017). NEDD4 controls spermatogonial stem cell homeostasis and stress response by regulating messenger ribonucleoprotein complexes. *Nat Commun* 8:15662.
- 谷澤 靖洋, 真島 淳, 藤澤 貴智, 李 慶範, 中村 保一, 清水 謙多郎, 門田 幸二 (2017). 次世代シーケンサーデータの解析手法 第9回 グノム/アノテーションとその可視化. DDBJへの登録. 日本乳酸菌学会誌 *Japanese Journal of Lactic Acid Bacteria* 28:3-11.
- 谷澤 靖洋, 藤澤 貴智, 真島 淳, 李 慶範, 遠野 雅徳, 坂本 光央, 大熊 盛也, 中村 保一, 清水 謙多郎, 門田 幸二 (2017). 次世代シーケンサーデータの解析手法 第10回 DDBJへの塩基配列の登録 (実践編). 日本乳酸菌学会誌 *Japanese Journal of Lactic Acid Bacteria* 28:94-100.
- 藤原 崇之 (2017). オルガネラ分裂・分配機構の解明に向けた単細胞紅藻 *Cyanidioschyzon merolae* における解析技術開発. *Plant Morphology* 29:91-97.

予算 Budget

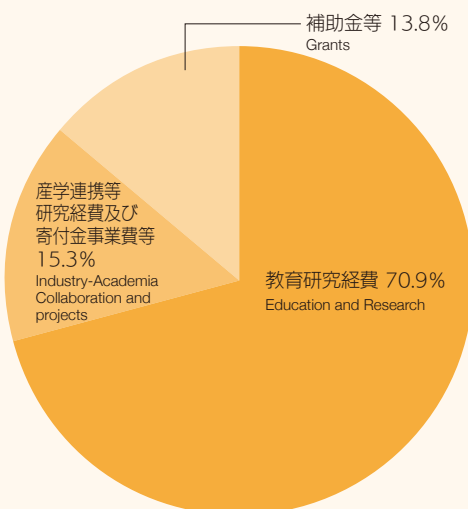
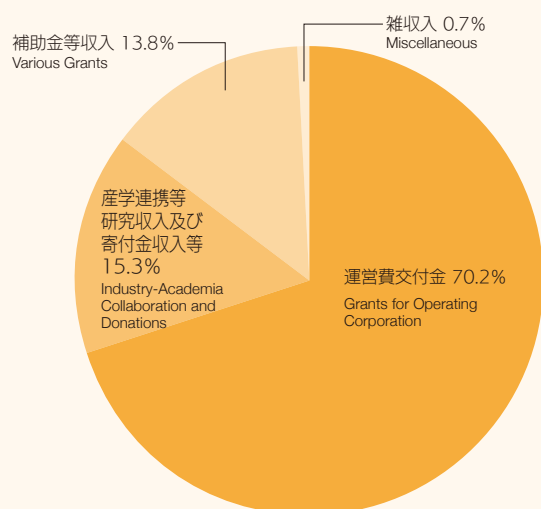
2018年度 (FY2018)

(×1,000yen)

収入	Revenue
区分	金額
運営費交付金 Grants for Operating Corporation	2,541,448
補助金等収入 Various Grants	498,731
雑収入 Miscellaneous	27,014
産学連携等研究収入及び寄附金収入等 Industry-Academia Collaboration and Donations	553,702
合計 Total	3,620,895 [*]

支出	Expenditure
区分	金額
教育研究経費 Education and Research	2,568,462
補助金等 Grants	498,731
産学連携等研究経費及び寄附金事業費等 Industry-Academia Collaboration and Projects	553,702
合計 Total	3,620,895 [*]

※機構長裁量経費を除く



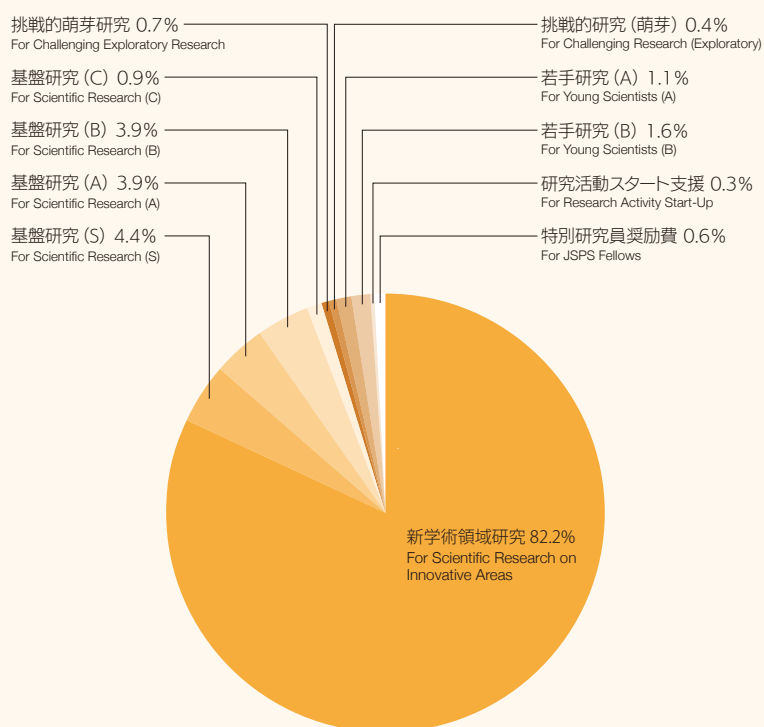
科学研究費 Grant-in-Aid for Scientific Research

2017年度 (FY2017)

(×1,000yen)

研究種目	交付額／交付件数
Amount / the Number of Applications Granted	
新学術領域研究 For Scientific Research on Innovative Areas	1,148,200 / 19
基盤研究 (S) For Scientific Research (S)	60,800 / 2
基盤研究 (A) For Scientific Research (A)	54,700 / 6
基盤研究 (B) For Scientific Research (B)	53,800 / 14
基盤研究 (C) For Scientific Research (C)	12,200 / 8
挑戦的萌芽研究 For Challenging Exploratory Research	9,200 / 8
挑戦的研究 (萌芽) For Challenging Research (Exploratory)	6,000 / 3
若手研究 (A) For Young Scientists (A)	15,900 / 4
若手研究 (B) For Young Scientists (B)	22,700 / 15
研究活動スタート支援 For Research Activity Start-Up	4,400 / 4
特別研究員奨励費 For JSPS Fellows	8,100 / 8
合計 Total	1,396,000 / 91

(2018. 3月末現在)



Biological Symposia in FY 2017

開催日 (Date)	演者 (Speaker)	所属 (Affiliation)	演題 (Title)
2017/4/3	Craig E.Wheelock	Department of Medical Biochemistry and Biophysics, Karolinska Institutet, Sweden	Metabolomics for molecular phenotyping in respiratory disease
2017/4/10	Matthias Weiss	University of Bayreuth, Germany	Exploring cellular dynamics from molecules to embryos
2017/4/14	Nozomu Takata	Center for Vascular and Developmental Biology, Feinberg School of Medicine, Northwestern University, USA	Repressive role of R-spondin 2 on optic vesicle and retina specification in vivo and in vitro
2017/4/20	Masahiko Imashimizu	Institute of Medical Science, The University of Tokyo	Control of transcriptional pausing by biased thermal fluctuations on repetitive genomic sequences
2017/4/24	Kirill Kryukov	Biomedical Informatics Laboratory, Department of Molecular Life Science, Tokai University School of Medicine	GenomeSync - a comprehensive auto-updating genome database and its applications
2017/4/25	Jun Kato	National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST)	Session 1: Being an interdisciplinary computer scientist in-between academia and industry Session 2: Live programming for all
2017/5/1	Stefan Schulte-Merker	Institute of Cardiovascular Organogenesis and Regeneration, Faculty of Medicine, WWU, Germany	Intracellular uptake of macromolecules by brain lymphatic endothelial cells during embryonic development
2017/5/9	Kanzawa-Kiriyama, Hideaki	Department of Anthropology, National Museum of Nature and Science	Genomic insights into the population structure and history of ancient Japanese Archipelago population
2017/5/25	John Diffley	Associate Research Director, The Francis Crick Institute, UK	Regulation of DNA replication processes by the DNA damage checkpoint
2017/6/12	Camilla Sjögren	Department of Cell and Molecular Biology, Karolinska Institutet, Sweden	The Smc5/6 complex; sensing DNA topology to maintain genome stability?
2017/6/19	Stephan Gruber	University of Lausanne, Switzerland	Higher order chromosome organization: How do SMC complexes make the right connections
2017/6/20	Masaru Ueno	Department of Molecular Biotechnology, Hiroshima University	Analysis of chromatin live dynamics and stability of circular chromosome in fission yeast
2017/7/10	Kenta Adachi	School of Marine Biosciences, Kitasato University	Study of chromosome and genome size in 5 Limoida species (Bivalvia, Mollusca)
2017/7/12	Yoh-suke Mukoyama	Genetics and Developmental Biology Center National Heart, Lung, and Blood Institute, National Institutes of Health, USA	Building the Organ-specific Vascular Tree: Heterogeneous Origins of Vascular Cells
2017/7/13	Miho Murayama	Wildlife Research Center, Kyoto University, Wildlife Genome Collaborative Research Group, National Institute for Environmental Studies	Uncovering the Lives of Wild Animals through Genetic Approaches
2017/7/13	Rob Ogden	Royal (Dick) School of Veterinary Studies, University of Edinburgh, UK	Conservation Genetics: Applied Tools for Wildlife Management and Law Enforcement
2017/7/14	Kazuyuki Fujimitsu	Cell Cycle Control, UCL Cancer Institute, University College London, UK	Two distinct functions of flexible loop domains in phosphorylation-dependent activation of a multisubunit E3 ubiquitin ligase APC/C
2017/7/24	Yumiko Kurokawa	Education Academy of Computational Life Sciences, Tokyo Institute of Technology	Regulation of homologous recombination by F-box helicase Fbh1 in fission yeast
2017/8/9	Adrian Moore	Brain Science Institute, RIKEN	Specification of neuron type: from transcription to wiring
2017/8/29	Didier Stainier	Max Plank Institute for Heart and Lung Research, Germany	Endothelial cell differentiation and genetic compensation
2017/9/1	John H. Postlethwait	Institute of Neuroscience, University of Oregon, USA	Genomic revolutions: Antarctic fish and the teleost genome duplication and Hot sex and wild sex in Zebrafish
2017/9/11	Kunimasa Ohta	Department of Developmental Neurobiology, Kumamoto University Graduate School of Life Sciences	Ribosome incorporation into somatic cells promotes reprogramming towards multipotency
2017/9/20	Makiko Iwafuchi-Doi	Cell and Developmental Biology, University of Pennsylvania, USA	Developmental Role and Mechanistic Insight into Chromatin Opening by Pioneer Factor FoxA
2017/9/22	Hongkui Zeng	Allen Institute for Brain Science, Seattle, USA	Cell Type-Based Brain-Wide Connectomics
2017/9/27	Keita Miyoshi	School of Medicine and Dentistry, University of Rochester, USA	Tudor-SN-mediated endonucleolytic decay of human-cell microRNAs promotes G1/S phase transition
2017/10/2	Yohei Hayashi	Institute of Development, Aging and Cancer, Tohoku University	Analysis of regulatory mechanisms of energy metabolic conversion in mouse primordial germ cell development
2017/10/4	You Wu	Graduate School of Biostudies, Kyoto University	Cytoskeletal control of nuclear dynamics in migration neurons of developing brain

開催日 (Date)	演者 (Speaker)	所属 (Affiliation)	演題 (Title)
2017/10/17	Atsushi Shimada	Cold Spring Harbor Laboratory, USA	RNA interference promotes Arabidopsis chromosome segregation in the absence of DNA methylation
2017/11/2	Kei-ichiro Ishiguro	Institute of Molecular Embryology and Genetics, Kumamoto University	A novel STRA8 interacting factor plays a crucial role in initiation of meiosis
2017/11/7	Harumi Saito	School of Medical Sciences, Fukui University	Study the neural network with a focus on a single olfactory receptor (OR) module in the mouse main olfactory system.
2017/11/7	Mitsuo Nunome	Avian Bioscience Research Center, Nagoya University	Genetic population histories of wild Japanese mammals (house mice and Japanese hares) and domestic avian species (chicken and quail)
2017/11/7	Keiko Takanami	Marine Institute, Natural Science, Okayama University	Gastrin-releasing peptide system as itch neural circuits in rodents
2017/11/21	Steve Henikoff	HHMI & Basic Sciences Division Fred Hutchinson Cancer Research Center, USA	Genome-wide mapping of protein-DNA interaction dynamics
2017/11/22	Fumitaka Inoue	Department of Bioengineering and Therapeutic Sciences, Institute for Human Genetics, University of California, USA	Decoding neural differentiation using massively parallel reporter assays
2017/11/27	Shimpei Ishiyama	Humboldt-Universität zu Berlin, Germany	What is fun in terms of neuroscience? –in the perspective of ticklish laughter
2017/12/1	Ichizo Kobayashi	University of Paris-Saclay	Epigenetic views of life and evolution: Evidence from genomics, methylomics, and transcriptomics in bacteria
2017/12/13	Spyros Goulas	Department of Molecular Biology, Yokohama City University, School of Medicine	Cell Polarity Regulates Tensional Integrity during Epithelial Barrier Homeostasis
2017/12/13	Kiyoshi Mizuuchi	NIDDK, NIH, Bethesda, MD, USA	Spatio-temporal control of cell-biological processes through molecular pattern self-organization: A study of bacterial cell division positional control by the Min system
2017/12/18	Shuji Fujii	Division of Applied Physics, Hokkaido University	Viscoelastic Properties of Living Cell Nucleus
2017/12/20	Aki Takahashi	University of Tsukuba	Individual difference of aggression and immune system
2018/1/10	Daniel Zilberman	John Innes Centre, Norwich, UK	Stable epigenetic inheritance of DNA methylation through pathway integration
2018/1/11	Daniel Zilberman	John Innes Centre, Norwich, UK	Nucleosome remodelling, linker histones, and the evolution of DNA methylation-based epigenetic inheritance
2018/1/15	Kohta Yoshida	Max Planck Institute for Developmental Biology	Specification genetics of <i>Pristionchus</i> nematode
2018/1/29	Takayuki Torisawa	Advanced ICT Research Institute, National Institute of Information and Communications Technology	In vitro reconstitution approaches for understanding the dynamic cellular processes: intracellular transport and cell locomotion
2018/1/29	Tomo Kondo	Graduate School of Sciences and Technology for Innovation, Yamaguchi University, JSPS Research Fellow	Magnetic manipulation of centrosome: Toward an understanding of the role of its positioning during cell migration
2018/2/26	Daniel I Bolnick	The University of Texas	Rapid evolution of cestode resistance and an associated immunopathology in stickleback
2018/3/1	Romanas Chaleckis	Assistant Professor, Gunma University Initiative for Advanced Research (GIAR)	Analytical and clinical challenges in performing molecular phenotyping at the population level
2018/3/14	Yota Murakami	Department of Chemistry, Faculty of Science, Hokkaido University	Maintenance of epigenetic landscape defined by H3K9 methylation by a JmjC-domain protein
2018/3/28	James Amatruda	University of Texas Southwestern Medical Center	The two faces of DICER1: Oncogenic and tumor-suppressive mechanisms of DICER1 mutations in childhood cancer
2018/3/28	Genevieve Kendall	University of Texas Southwestern Medical Center	Zebrafish modeling of the novel VGLL2-NCOA2 fusion oncogene generates rhabdomyosarcoma that reflects aberrant embryonic muscle development
2018/3/30	Nozomu Sakurai	Metabolomic Team, Kazusa DNA Research Institute	Developments of databases and tools for metabolomics
2018/3/30	Tomomi Kiyomitsu	Division of Biological Science, Graduate School of Science, Nagoya University	Optogenetic reconstitution reveals that Dynein-Dynactin-NuMA clusters generate cortical spindle-pulling forces as a multi-arm ensemble

内容	氏名
総研大未来科学者賞 「比較ゲノム解析による平行進化機構の解明 ～担子菌類を例として～」	遺伝情報分析研究室 大学院生 飯塚朋代
平成28年度特別研究員等審査会専門委員（書面担当）の表彰	脳機能研究部門 教授 平田たつみ
平成28年度特別研究員等審査会専門委員（書面担当）の表彰	多細胞構築研究室 教授 澤 斉
第89回大会日本遺伝学会奨励賞 「コヒーシオンによる姉妹染色体接着の制御機構に関する研究」	染色体生化学研究室 准教授 村山泰斗
総合研究大学院大学 遺伝学専攻 森島奨励賞	微生物遺伝研究部門 大学院生 NAGPAL, Harsh
第51回日本味と匂学会「味覚部門」 優秀発表賞	遺伝子回路研究室 研究員 宮崎隆明
第一回「せりか基金」賞	初期発生研究部門 助教 浅川和秀
LODチャレンジ2017 アイデア賞優秀賞	大量遺伝情報研究室 特任研究員 藤澤貴智
総合研究大学院大学 遺伝学専攻 森島奨励賞	生体高分子研究室 大学院生 今井亮輔

※所属・肩書は、受賞当時のものです

Intellectual Property Rights

2017年度 知的財産権

特許出願 5件	出願番号
トランスジェニック植物、トランスジェニック植物の製造方法、ポリヌクレオチド、ポリヌクレオチドのクラスター、ベクター、及びキット	角谷徹仁／保坂 碧／付 焜／ 齋藤 紹／佐々木 卓／高嶋和哉 特願2017-176009
オーキシンドeglronシステムにおけるタンパク質分解阻害剤及びその使用	鐘巻将人／夏目豊彰 特願2017-228310 共願人 岡山理科大学
次世代シーケンサーを用いた迅速な遺伝子検査方法	井ノ上逸朗／中岡博史 PCT/JP2018/952
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 PCT/JP2018/1594
アフリカツメガエル卵抽出液の冷凍保存方法及び冷凍保存用キット、アフリカツメ ガエル卵濃縮抽出液、並びに細胞周期の分析方法	島本勇太／高木 潤 PCT/JP2018/2546
特許登録 2件	特許番号
タンパク質の生産方法	川上浩一 第6152402号 共願人 協和発酵キリン
タンパク質の生産方法（台湾）	川上浩一 I617664 共願人 協和発酵キリン

Research Organization of Information and Systems

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構



機構長 藤井良一
FUJII, Ryoichi
President

機構本部

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

機構所属研究所

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

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

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

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

■ 機構長の挨拶

今、私達は変革の時代をまさに目の当たりにしています。情報通信技術の急速かつ飛躍的な発展、多種多様なビッグデータの出現、そして計算性能の急激な向上は、社会を変容させ、また研究環境を大きく変化させています。このような現代社会における科学が「データ駆動型」となることは時代の必然であり、第4の科学ともいわれる「データサイエンス」の推進こそが、科学技術イノベーションを牽引するといっても過言ではありません。

このような背景から、情報とシステムの観点から新たな研究領域を切り拓き、現代の諸問題の解決を目指す当機構は、今まさに研究コミュニティにおいて中核的な役割が求められております。大学共同利用機関としての使命、社会のニーズへの貢献を存立の基盤として強く自覚しつつ、全力でその責務を果たさなければなりません。そのためには、社会や大学等に役立つデータの整備・統合、ビッグデータから意味ある知識を獲得する方法の革新、散在する大量のデータをリアルタイムに制御するデータ処理技術、膨大な高次元データや計算結果を人間が把握可能にするデータ可視化など、多くの研究開発を今後さらに発展させることが必須となります。

これらを推進するには、まず国立極地研究所、国立情報学研究所、統計数理研究所、国立遺伝学研究所という機構の4つの研究所が、極域科学、情報学、統計数理、遺伝学というそれぞれの分野の学理における世界最先端の研究拠点であることが求められます。それなしに大学の機能強化や社会への十分な貢献はあり得ません。これら研究所が核となって、それぞれの研究コミュニティとのデータ共同利用や共同研究を推進し、大学等における研究力強化に貢献するかたわら、機構はこれを全力で支援します。そして、大学や機関の垣根を越える研究者交流プログラムやクロスアポイントメント制度等の活用と併せて、分野の枠組みを越える融合研究や新学術領域の創成を促進し、研究者が循環する、ダイナミックで豊かな研究環境を実現することにより、大学・研究機関と機構双方の機能強化を目指します。またこのような中で大学共同利用機関のもう一つの重要な使命である大学院教育を実践し、総合研究大学院大学の基盤機関としてデータサイエンス時代にふさわしい人材を育成してまいります。

法人第3期を迎えた平成28年度には、機構の本部機能と4研究所との連携を強化する戦略企画本部と、データ共有・統合・解析手法の開発を担うフラッグシップ・プラットフォームであるデータサイエンス共同利用基盤施設を設置しました。これらを有機的に機能させることによってオープンサイエンスを加速し、基盤学理の発展を基に、課題解決型の科学や、超スマート社会への貢献といった社会の要請に応えていきたいと考えております。よりよい時代へ向けて、情報・システム研究機構の挑戦に、皆様のご支援とご鞭撻をお願い申し上げます。

■ About the organization

The Research Organization of Information and Systems (ROIS) was established in 2004 to bring together the four national institutes: the National Institute of Polar Research, the National Institute of Informatics, the Institute of Statistical Mathematics, and the National Institute of Genetics, upon the incorporation of the Inter-University Research Institutes for the purpose of understanding and predicting our complex world from the perspective of information and systems. ROIS has been promoted cross-institutional research and collaboration between universities, providing access to various scientific databases, analytical tools, computing resources, and academic internet backbones.

In 2016, we established Joint Support-Center for Data Science Research in order to enhance our support of next-generation data-oriented research activities in universities. It promotes data science of wide research communities by providing support functions of data sharing and data analysis for natural sciences, social sciences and humanities research. It is also planning to foster data scientists through collaborative research and on-the-job training.

Along with these cutting-edge research activities, ROIS also functions as the core organization behind SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies), training human resources to lead academic research in a new age.



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

SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies)

国立大学法人 総合研究大学院大学（総研大）



学長 長谷川眞理子
HASEGAWA, Mariko
President

所在

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

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

SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies) is a graduate university consisting of departments housed in affiliated Inter-University Research Institutes and the School of Advanced Sciences attached directly to SOKENDAI. Its educational goals are “advanced specialties and expertise,” “international competitiveness” and “broad perspective”. “Broad perspective” entails the ability to define one’s research within the entire human intellectual activity, and to envision new horizons that transcend current disciplinary boundaries. Taking full advantage of departments that collectively encompass vast intellectual fields, SOKENDAI nurtures future generations of global professionals.

▶ Inter-University Research Institutes participating in SOKENDAI education

総研大に参加する大学共同利用機関

- ① 総研大本部（生命共生体進化学専攻）
The Graduate University for Advanced Studies
(Department of Evolutionary Studies of Biosystems)
- ② 国立民族学博物館（地域文化学専攻・比較文化学専攻）
National Museum of Ethnology
(Department of Regional Studies・Department of Comparative Studies)
- ③ 国際日本文化研究センター（国際日本研究専攻）
International Research Center for Japanese Studies (Department of Japanese Studies)
- ④ 国立歴史民俗博物館（日本歴史研究専攻）
National Museum of Japanese History (Department of Japanese History)
- ⑤ 国文学研究資料館（日本文学研究専攻）
National Institute of Japanese Literature (Department of Japanese Literature)
- ⑥ a. 分子科学研究所（構造分子科学専攻・機能分子科学専攻）
Institute for Molecular Science
(Department of Structural Molecular Science・Department of Functional Molecular Science)
b. 基礎生物学研究所（基礎生物学専攻）
National Institute for Basic Biology (Department of Basic Biology)
c. 生理学研究所（生理科学専攻）
National Institute for Physiological Sciences (Department of Physiological Sciences)
- ⑦ 国立天文台（天文科学専攻）
National Astronomical Observatory (Department of Astronomical Science)
- ⑧ 核融合科学研究所（核融合科学専攻）
National Institute for Fusion Science (Department of Fusion Science)
- ⑨ 宇宙科学研究所（宇宙科学専攻）
Institute of Space and Astronautical Science (Department of Space and Astronautical Science)
- ⑩ a. 加速器研究施設・共通基盤研究施設（加速器科学専攻）
Accelerator Laboratory・Applied Research Laboratory
(Department of Accelerator Science)
b. 物質構造科学研究所（物質構造科学専攻）
Institute of Materials Structure Science (Department of Materials Structure Science)
c. 素粒子原子核研究所（素粒子原子核専攻）
Institute of Particle and Nuclear Studies (Department of Particle and Nuclear Physics)
- ⑪ 統計数理研究所（統計科学専攻）
The Institute of Statistical Mathematics (Department of Statistical Science)
- ⑫ 国立極地研究所（極域科学専攻）
National Institute of Polar Research (Department of Polar Science)
- ⑬ 国立情報学研究所（情報学専攻）
National Institute of Informatics (Department of Informatics)
- ⑭ 国立遺伝学研究所（遺伝学専攻）
National Institute of Genetics (Department of Genetics)





シンボルマークは減数分裂第一中期の分裂像を図案化したもので、「地球の歴史は地層に、生物の歴史は染色体に記されている」(木原 均、1946)を表している。

Symbol mark of the Institute, which designs the metaphase plate of the first meiotic division and symbolizes the remark by Dr. Hitoshi Kihara (1946): "The history of the earth is recorded in the layers of its crust; the history of all organisms is inscribed in the chromosomes."

要覧 2018年度

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

国立遺伝学研究所管理部

〒411-8540 静岡県三島市谷田1111
1111 Yata, Mishima, Shizuoka-ken 411-8540 JAPAN
TEL 055-981-6707 FAX 055-981-6715

National Institute of Genetics

国立遺伝学研究所







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

