



2015 要覽

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構

国立遺伝学研究所

National Institute of Genetics

国立大学法人 総合研究大学院大学

遺伝学専攻

Department of Genetics, SOKENDAI

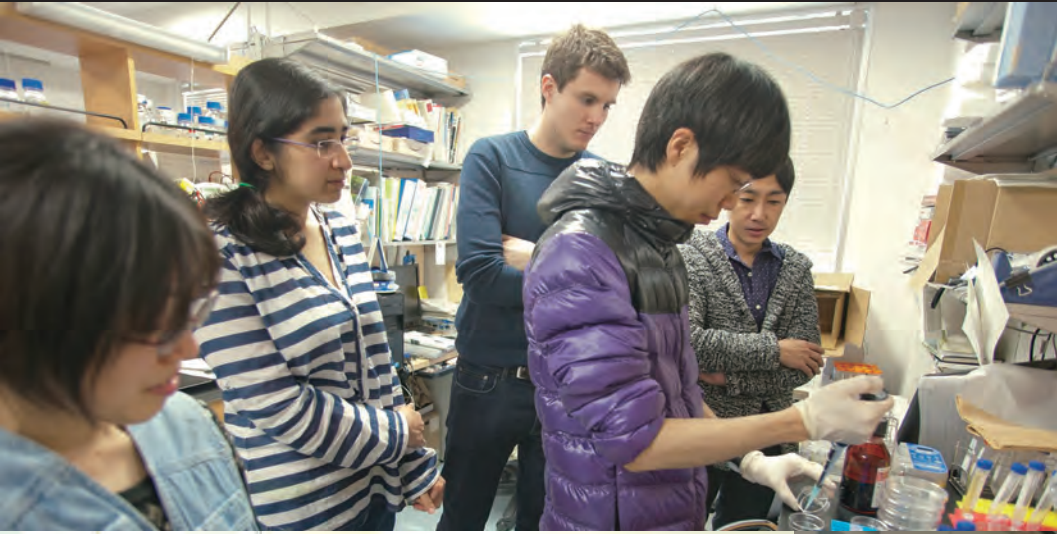
National Institute of Genetics

国立遺伝学研究所









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年に文部省の研究施設として設立され、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34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来ました。

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.

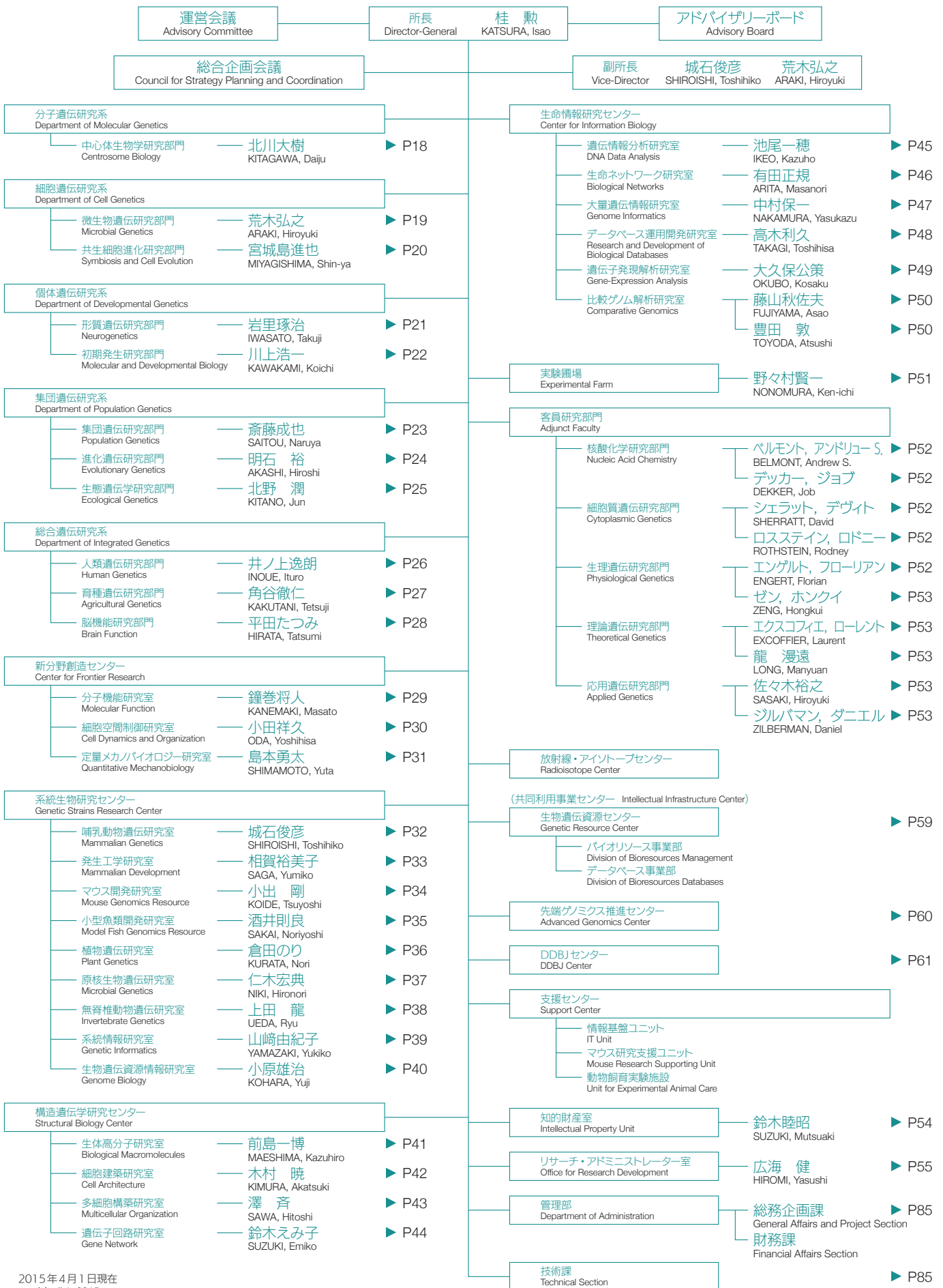
KATSURA, Isao Director-General



Isao Katsura

Contents

- 06 所長あいさつ
Message from the Director-General
- 09 組織
Organization
- 10 概要
Outline
- 14 遺伝研へのアクセス
Access to the Institute
- 15 遺伝研マップ
NIG Map
- 16 研究系・研究センター等の概要
Outline of Departments, Research Centers and Experimental Farm
- 遺伝研の研究活動**
- 18 研究活動
Research Activities
- 54 知的財産室
Intellectual Property Unit
- 55 リサーチ・アドミニストレーター室
Office for Research Development
- 56 新領域融合研究センター
Transdisciplinary Research Integration Center
- 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
- 共同利用・共同研究**
- 59 生物遺伝資源センター
Genetic Resource Center
- 60 先端ゲノミクス推進センター
Advanced Genomics Center
- 61 DDBJセンター
DDBJ Center
- 62 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
- 63 創薬等支援技術基盤プラットフォーム
Platform for Drug Discovery, Informatics, and Structural Life Science
- 64 共同研究・研究会
Collaborative Research・Research Meetings
- 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・生命科学研究所・遺伝学専攻
Department of Genetics, School of Life Science, SOKENDAI
- 遺伝研データ**
- 82 運営
Management
- 85 研究教育職員・研究員・学生
Research Staff & Students
- 89 管理部と技術課職員
Staff of Administration Department and Technical Section
- 90 沿革
History
- 92 2014年に発行された論文一覧
Publications in 2014
- 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 Symposium
- 98 表彰・受賞歴
Awards・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)



2015年4月1日現在
as of April 1, 2015

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、国公立大学すべての共同利用の研究所です。大型望遠鏡や大型加速器といった最先端の大型装置、遺伝子や超高性能プラズマなどの大量データ、古文書や隕石といった貴重な資料など、個別の大学では整備や維持が困難なものを有し、全国の研究者との共同利用、共同研究を推進する我が国独自の研究機関です。

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).

Activities of NIG

遺伝研の活動

p12

遺伝学の最先端研究

生命科学分野における中核研究機関として国際水準の先端的研究に取り組んでいます。

CUTTING-EDGE RESEARCH IN GENETICS

As a core institute of Genetics, NIG is acting for advanced research in the field of Life Sciences.

p13

知的基盤整備事業

生命科学を支える中核拠点として、生物遺伝資源事業、先端ゲノミクス推進事業、DDBJ事業を行っています。

INTELLECTUAL INFRASTRUCTURE FOR LIFE SCIENCES

NIG houses Genetic Resource Center, Advanced Genomics Center and DDBJ Center, as a core institute to build the intellectual infrastructure that supports Life Sciences.

p59

共同利用

全国の研究者のために共同研究の機会を提供し、またそのための施設の利用に応じます。

RESEARCH COLLABORATIONS

NIG offers collaborative research opportunities to researchers throughout Japan.

p70

国際交流

遺伝学の分野で国際的な学術交流を活性化するため、研究者の交流や国際シンポジウム等を開催しています。

INTERNATIONAL COLLABORATION

NIG strives to promote international scientific exchanges by sponsoring international symposia and through the exchange of researchers.

p74

大学院教育

総合研究大学院大学生命科学研究科の遺伝学専攻を担当し、大学院学生の教育を行うとともにその他の大学の大学院教育に協力します。

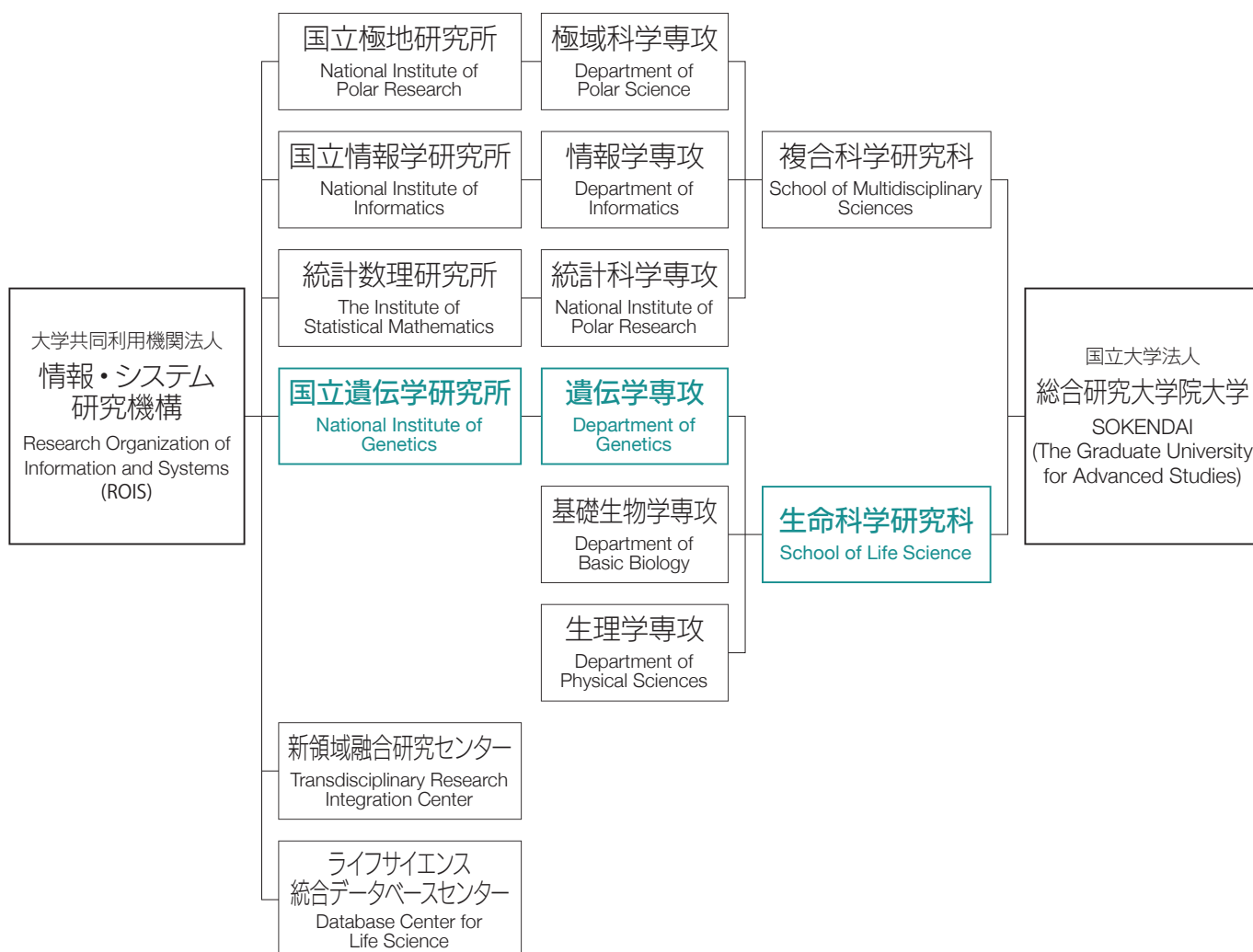
EDUCATION FOR GRADUATE STUDENTS

NIG accepts graduate students as the Department of Genetics, School of Life Sciences, SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies), and also participates in the education of students from other universities.



Organization

組織図



Cutting-edge Research : A Core Institute for Life Sciences

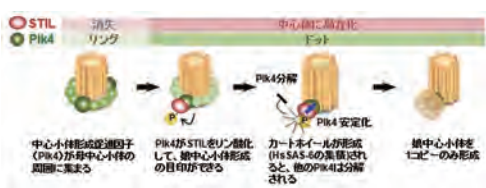
遺伝学の中核拠点としての先端研究活動

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

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

▶ Research Highlights

最近の研究成果より



娘中心小体形成開始の分子メカニズム、及びその形成が1個に限定されるモデル

Mechanisms for the onset of procentriole formation and how the procentriole assembly is limited to one site around parental centriole.

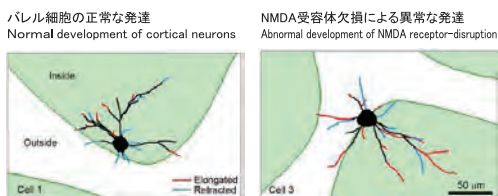
中心小体複製が1コピーに限られる仕組みを解明

北川教授らの研究では、細胞分裂や染色体分配に重要な細胞小器官である中心小体の複製開始段階における分子の働きを、世界に先駆けて明らかにすることができました。そしてその解析を基に、余分な中心小体の複製を防ぐ制御機構を、理論的にモデル化しました。中心小体数の異常は、がんや遺伝病、男性不妊に関係し、これらの成果は治療や医薬品開発に役立つと期待されます。

Mechanisms to ensure formation of a single procentriole per parental centriole

Prof. Kitagawa and colleagues demonstrated the detailed mechanisms for the onset of centriole formation and a “negative feedback system” by which procentriole assembly is strictly limited to one site around parental centriole. Since aberrations in centriole number or structure are implicated in a number of diseases, including ciliopathies, male sterility, primary microcephaly and cancer, this work is expected to have important clinical implications.

Ohta, M., Ashikawa T., Nozaki, Y., Kozuka-Hata, H., Goto, H., Inagaki, M., Oyama, M., and Kitagawa, D. (2014). Direct interaction of Plk4 with STIL ensures formation of a single procentriole per parental centriole. *Nat. Commun.* 5, 5267.



新生仔マウスの皮質細胞樹状突起の18時間での変化。赤：伸びた枝；青：縮んだ枝；緑：結合相手の軸索。

Morphological changes of cortical neuron dendrites during 18 hours. Red: elongated; Blue: retracted; Green: presynaptic axons.

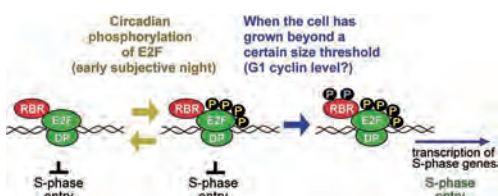
新生児マウスの大脳皮質で神経回路が成長する様子を観察

子どもの時期に脳の神経回路は、環境から様々な刺激を受けながら発達します。岩里教授らは、独自に開発した回路標識法と二光子顕微鏡観察法を組み合わせることで、新生仔マウスの大脳皮質の中で神経回路が正常に成長する様子を直接観察することに成功しました。さらに、遺伝子操作によって刺激の入り方を変えたときの回路発達の異常の観察も行いました。

Imaging circuit refinement in the neonatal cortex

During postnatal development, neuronal activities play a critical role in the refinement of neural circuits. Prof. Iwasato and colleagues performed in vivo time-lapse imaging of dendritic refinement of both normal barrel cells and NMDA receptor-deficient barrel cells in the somatosensory cortex layer 4 of neonatal mouse.

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.



単細胞紅藻シアニディオシゾンにおけるRB-E2F-DP複合体によるS期開始の夜間への限定機構

The circadian gating of the G1/S transition by the RB-E2F-DP complex in the red alga *Cyanidioschyzon merolae*.

真核藻類が夜に分裂する仕組みと意義を解明

様々な真核生物において細胞分裂の起こる時間帯が概日リズムによって限定されていることが知られています。宮城島教授らは単細胞性の藻類を用いて、細胞分裂を夜間に限定する仕組みを解明しました。また、光合成酸化ストレスの生じない夜間にDNA複製と細胞分裂を行うことが、真核藻類の生存にとって重要であることがわかりました。

Mechanism and significance of circadian gating of algal cell division

Circadian rhythms of cell division have been observed in several lineages of eukaryotes. However, the mechanism underlying the circadian regulation of the cell cycle and the nature of the advantage conferred remain unknown. Using the unicellular red alga *Cyanidioschyzon merolae*, Prof. Miyagishima and colleagues found that circadian inhibition of cell cycle progression during the daytime by RB-E2F-DP pathway protects cells from photosynthetic oxidative stress by temporally compartmentalizing photosynthesis and cell cycle progression.

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.

Intellectual Infrastructure Supporting Life Sciences

生命科学を支える知的基盤整備事業

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.

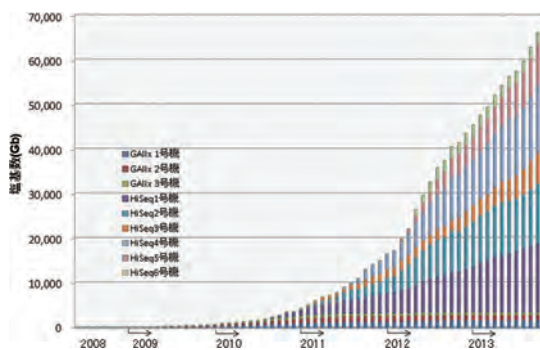


生物遺伝資源（バイオリソース）事業

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。内閣府日本医療研究開発機構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.

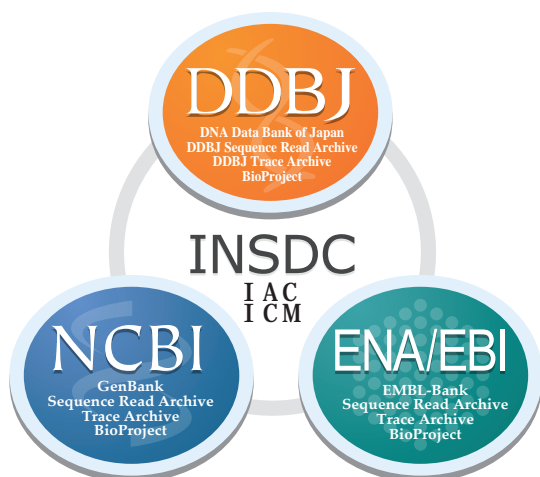


先端ゲノミクス推進事業

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、900検体を越える試料につ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 of >44 species 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 (DNA Data Bank of Japan) は1987年に設立され学術論文や特許公報等を通じて公知にされる塩基配列データをすべて網羅し、世界の公共財として維持管理する国際学術事業を行っています。この事業は、欧州のENA/EBIおよび米国のNCBIとの3者の協力体制で行われており、3者の間では受付後公開されるデータは毎日交換され、世界共通のデータベース『INSDC国際塩基配列データベース』がつけられます。3者のどこで登録を受けても世界で同時に公開されます。

DDBJ Project

DDBJ (DNA Data Bank of Japan) was established in 1987 and joined international data exchange and archiving scheme between NCBI and ENA/EBI. This tripartite collaboration is called INSDC (International Nucleotide Sequence Database Collaboration). DDBJ, as well as NCBI and EBI, is serving as one of the three data inlets and outlets to the "INSDC".

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

- 羽田空港 Hanaeda Airport → 品川駅 JR Shinagawa Station → 三島駅 JR Mishima Station

京急 約20分 20min by Keikyū Line

新幹線こだま 約50分 50min by Shinkansen (Kodama)
- 成田空港 Narita Airport → 東京駅 JR Tokyo Station → 三島駅 JR Mishima Station

JR 約1時間 1hr by JR Narita Express

新幹線こだま 約1時間 1hr by Shinkansen (Kodama)
- 新大阪駅 JR Shin-Osaka → 三島駅 JR Mishima Station

新幹線ひかり 約2時間 2hr by Shinkansen (Hikari)

三島駅から遺伝研までのアクセス

Access from JR Mishima 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」
「玉沢・社会保険病院行き」 遺伝研坂下下車徒歩10分
20min by Local Bus (South Exit #5)
 - タクシー

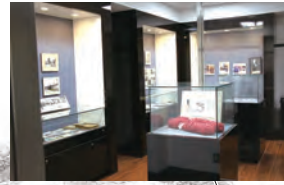
南口・北口共に約15分
15min by Taxi



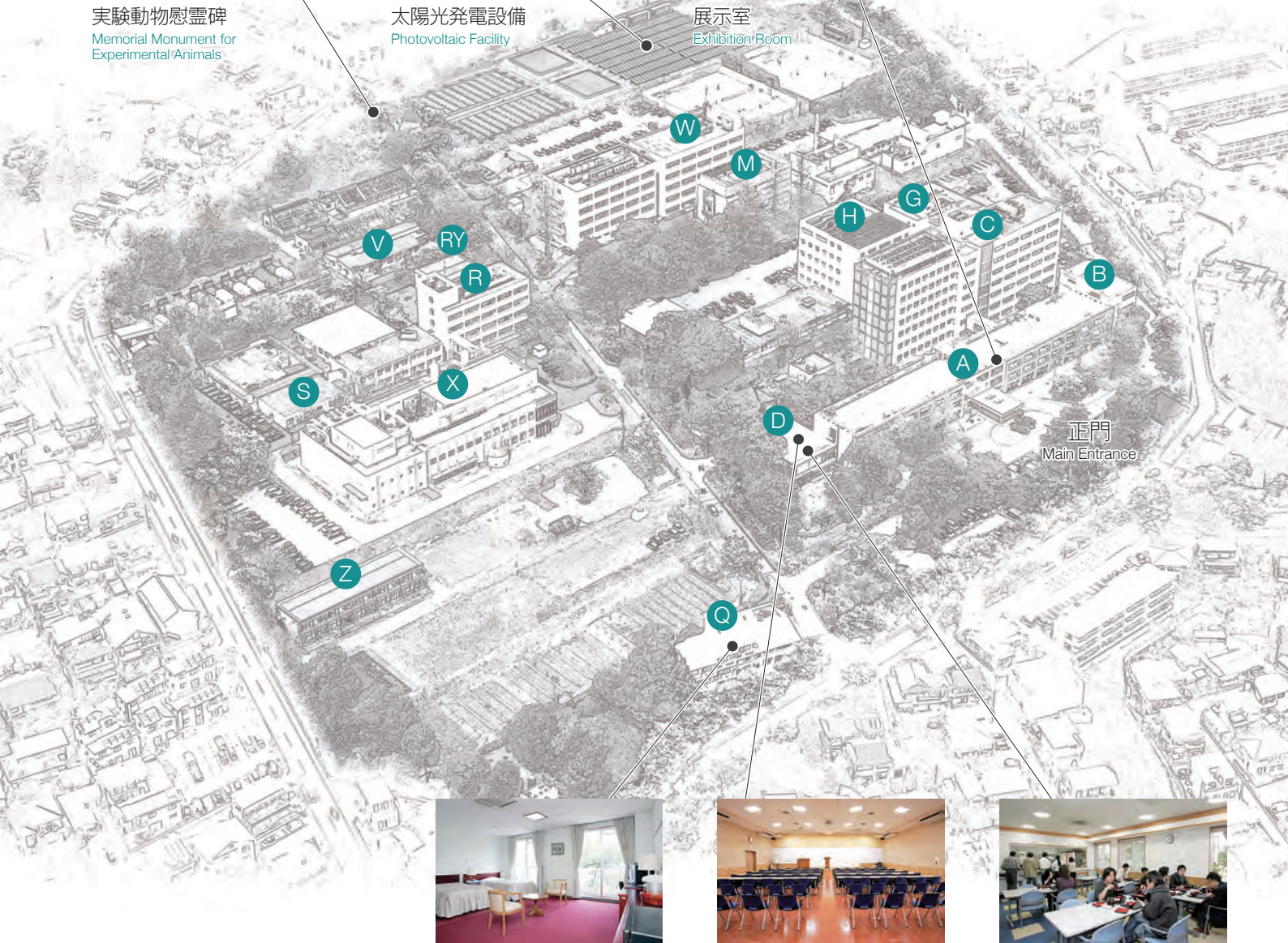
実験動物慰霊碑
Memorial Monument for
Experimental Animals



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
Dining Room

- 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 I
- 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
- Z** 職員宿舎
Official Residence

研究所の敷地と建物

土地総面積 101,352㎡
Institute Facilities and Grounds

内訳
Details

- 研究所敷地 95,080㎡
Institute Area
- 宿舎敷地 6,272㎡
Residential Area

建築面積 16,745㎡
Building Area

建物延面積 41,472㎡
(Total Floor Space)

(2015年4月1日現在)

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

中心体の自己複製機構と生体内動態について複合的な方法を取り入れ研究を行っている。

■ 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

遺伝学における研究と事業支援のための植物遺伝資源作成、管理、分譲及び関連研究を行っている。

■ 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、内閣府日本医療研究開発機構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

研究所全体に関わる所内ネットワークの管理や情報セキュリティ対応支援などを行う。運営については電子計算機委員会の下に行う。

□ マウス研究支援ユニット

マウスを用いた研究のサポートを目的として、・胚及び精子凍結・マウスクリーニング・トランスジェニックマウス及び遺伝子ノックアウトマウス作製などを行う。

□ 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 mechanisms of centrosome duplication and dynamics have been studied using innovative and multi-disciplinary approaches.

■ 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, 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 farm is responsible for plant resource generation, management, distribution and related studies to support research and service in the NIG.

■ 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, 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 ENA/EBI (Europe) and NCBI (USA) that releases a whole catalogue of identified DNA sequences. DDBJ is hosted by a supercomputer that also provides powerful analytical tools and other databases.

□ IT Unit

Responsible for the maintenance of computer network and information security issues relevant to whole institute. The IT Unit is operated under the supervision of the Computer Committee.

□ Mouse Research Supporting Unit

In order to facilitate mouse research in NIG, the unit offers services such as embryo freezing, in vitro fertilization, mouse cleaning, and transgenic and knockout mouse production.

□ 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.

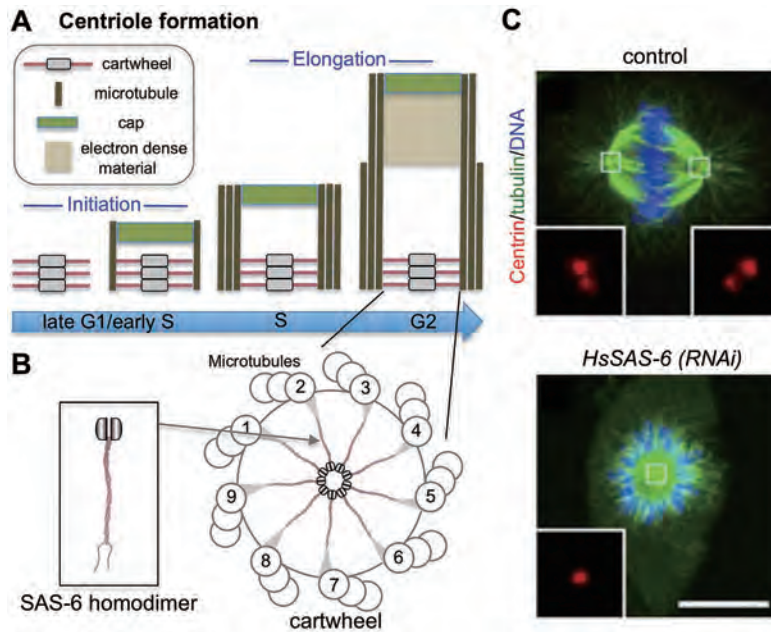
Research Activities

遺伝研の研究活動



The mechanisms of centrosome duplication and dynamics

中心体の自己複製機構と生体内動態、そして起源の解明



(A) Cell cycle-dependent centriole formation. (B) SAS-6 homodimers dictate the universal 9-fold symmetry of centrioles. (C) HsSAS-6, human SAS-6, is required for centriole formation in human cells. Centrin: centriole marker.

(A) 細胞周期に依存した中心体の構築。(B) SAS-6 二量体がカートホイール構造の中心部分を形成し、9回対称性を規定する。(C) SAS-6 は中心体複製に必要である。ヒト培養細胞において RNAi 法により SAS-6 を発現抑制すると中心体複製が阻害される。Centrin: 中心体マーカー。

The centrosome is a conserved organelle that serves as the microtubule organizing center and regulates many biological processes. However, the mechanisms governing centrosome duplication and the underlying structural principles remained poorly understood and represent a long-lasting important question in biology.

We mainly focus on understanding the mechanisms of centrosome biogenesis and dynamics by using the combination of innovative and multi-disciplinary approaches. We are investigating the following specific aims by using human cells, mouse, and *C. elegans* as model systems.

- Identification of new players for centrosome biogenesis
- Analysis of centrosomal interactome
- *In vitro* reconstitution and modeling of centrosome assembly
- Centrosome dynamics and function in the context of development

進化上保存された細胞小器官である中心体は微小管ネットワーク形成、ゲノム安定性維持を含む多様な生理現象を制御することで細胞がん化、遺伝病、不妊症を含む様々な疾患と密接に関与しています。これらの現象を司る上で、細胞分裂時に中心体は一度だけ自己複製する必要がありますが、そのメカニズムに関しては未解明な部分が多く、生物学の最大の謎の一つとされています。当研究室ではヒト培養細胞、マウス、線虫を材料とし、多彩な手法を融合することで中心体構築、複製、動態の基本原則を解明することを目指します。

- 新規中心体構成因子の同定
- 中心体複製の分子機構の解明
- *In vitro*再構成による中心体構築の構造学的モデリング
- 発生過程における中心体動態及びその生理的意義の解明

Division of Centrosome Biology 中心体生物学研究部門

Kitagawa Group 北川研究室

http://www.nig.ac.jp/labs/CentrBio/Centrosome_Laboratory_web_Site/Welcome.html



KITAGAWA, Daiju
Professor
北川大樹 教授

Publications

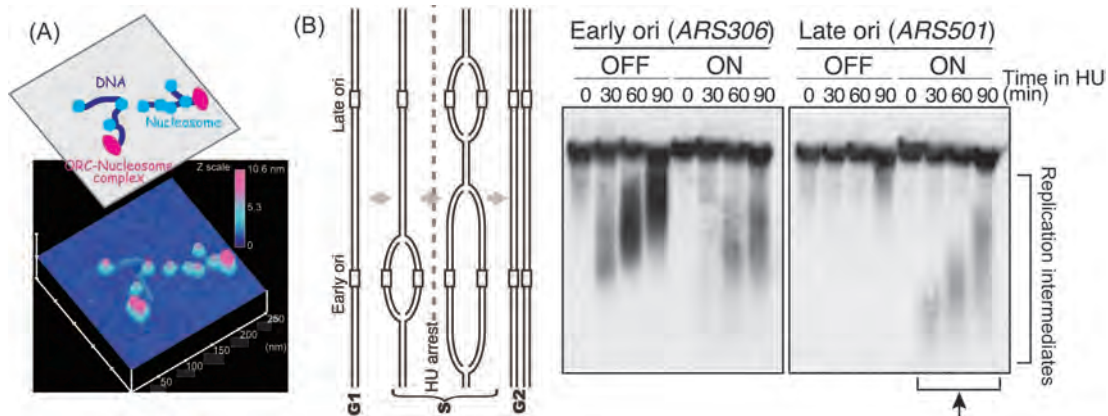
Shiratsuchi, G., Takaoka, K., Ashikawa, T., Hamada, H., and Kitagawa, D. (2015). RBM14 prevents assembly of centriolar protein complexes and maintains mitotic spindle integrity. *EMBO J.* 34, 97-114.

Ohta, M., Ashikawa, T., Nozaki, Y., Kozuka-Hata, H., Goto, H., Inagaki, M., Oyama, M., and Kitagawa, D. (2014). Direct interaction of Plk4 with STIL ensures formation of a single procentriole per parental centriole. *Nature Communications* 5, 5267.

Kitagawa, D., Vakonakis, I., Olieric, N., Hilbert, M., Keller, D., Olieric, V., Bortfeld, M., Erat, M.C., Flückiger, I., Gönczy, P., and Steinmetz, M.O. (2011). Structural basis of the 9-fold symmetry of centrioles. *Cell* 144, 364-375.

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) 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).

(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)。

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.

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期だけに複製されるのか、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。

- Study on molecular mechanism of the initiation of DNA replication using in vitro DNA replication system
- Study on the chromosome structures affecting the initiation of DNA replication
- Study on regulation of the initiation timing of replication origins
- Study on regulatory mechanism of the initiation of DNA replication by the cell cycle
- Study on the relationship between DNA replication and the cell cycle checkpoints

- 試験管内複製系を用いた複製開始機構の研究
- 染色体構造による複製開始制御機構の研究
- 複製開始のタイミング制御の研究
- 複製開始の細胞周期による制御機構の研究
- 複製と細胞周期チェックポイントに関する研究

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

Araki Group 荒木研究室

<http://www.nig.ac.jp/labs/MicGen/index.html>



ARAKI, Hiroyuki
Professor
荒木弘之 教授



TANAKA, Seiji
Assistant Professor
田中誠司 助教



HIZUME, Kohji
Assistant Professor
日詰光治 助教

Publications

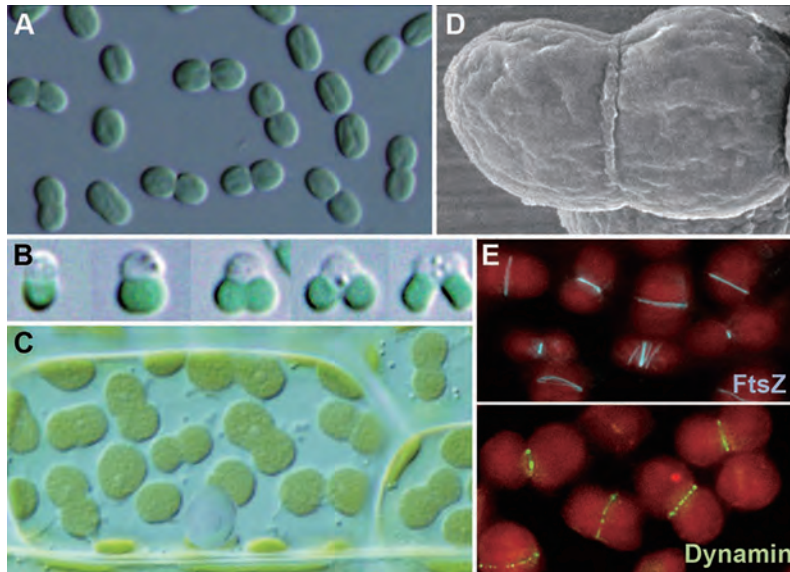
Hizume, K., Yagura, M., and Araki, H. (2013). Concerted interaction between origin recognition complex (ORC), nucleosomes and replication origin DNA ensures stable ORC-origin binding. *Genes Cells*. 18, 764-779.

Tanaka, S., Komeda, Y., Umemori, T., Kubota, Y., Takisawa, H., and Araki, H. (2013). Efficient initiation of DNA replication in eukaryotes requires Dpb11/TopBP1-GINS interaction. *Mol. Cell Biol*. 33, 2614-2622.

Tanaka, S., Nakano, R., Katou, Y., Shirahige, K., and Araki, H. (2011). Origin association of Sld3, Sld7, and Cdc45 proteins is a key step for determination of origin-firing timing. *Current Biology* 21, 2055-2063.

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



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 dynamine (E).

.....
 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 Dynamine 等から構成されていることを明らかにしました (E)。

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).

.....
 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細胞の協調増殖機構を理解することで、細胞内共生成立の基本原則の解明を目指しています。

- Analyses of regulatory mechanisms of chloroplast/mitochondrial proliferation by eukaryotic host cells
- Analyses of coordinating mechanism of eukaryotic cell cycle and energy and reactive oxygen species which are produced by photosynthesis/respiration of chloroplasts and mitochondria
- Analyses of coordinating mechanisms of host and endosymbiotic cell proliferation in endosymbiotic associations other than mitochondria and chloroplasts

- 真核細胞による葉緑体・ミトコンドリアの分裂・増殖制御機構の解析
- 細胞周期進行、光合成・呼吸活性調節、活性酸素への対応の協調機構の解析
- 葉緑体・ミトコンドリア以外の細胞内共生系における宿主細胞・共生細胞の協調増殖機構の解析

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

Miyagishima Group 宮城島研究室

http://www.nig.ac.jp/labs/SyCelEvo/Index_e.html



MIYAGISHIMA, Shin-ya
 Professor
 宮城島進也 教授

Publications

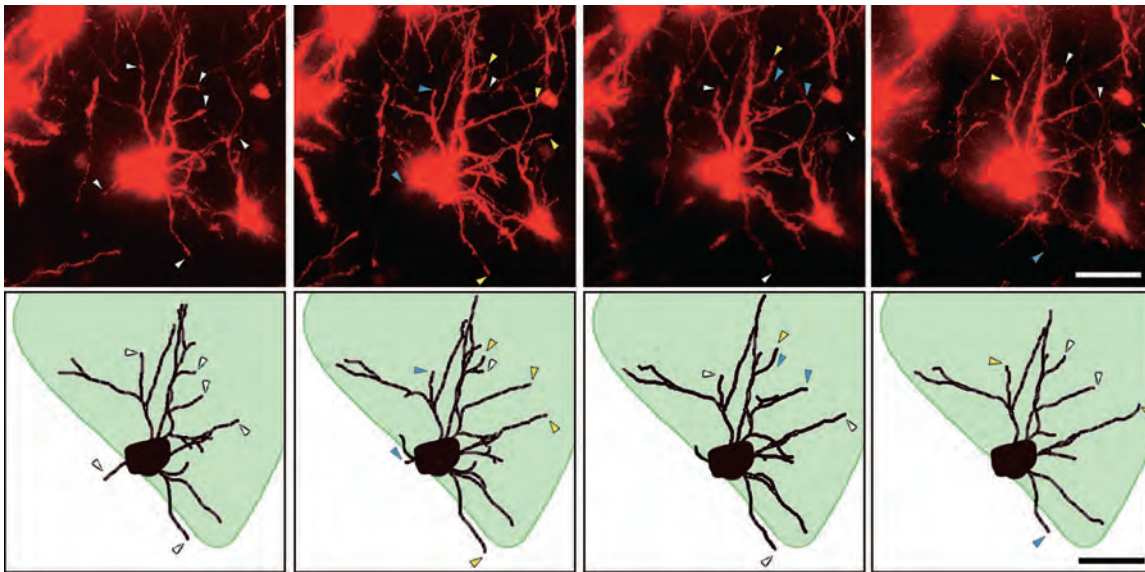
Miyagishima, S., Fujiwara, T., Sumiya, N., Hirooka, S., Nakano, A., Kabeya, Y., and Nakamura, M. (2014). Translation-independent circadian control of the cell cycle in a unicellular photosynthetic eukaryote. *Nat. Commun.* 5, 3807.

Kabeya, Y., and Miyagishima, S. (2013). Chloroplast DNA replication is regulated by the redox state independently of chloroplast division in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Physiol.* 161, 2102-2112.

Miyagishima, S., Suzuki, K., Okazaki, K., and Kabeya, Y. (2012). Expression of the nucleus-encoded chloroplast division genes and proteins regulated by the algal cell cycle. *Mol. Biol. Evol.* 29, 2957-2970.

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



Two-photon images of an RFP-labeled neuron in the barrel cortex at P5. Morphological changes during the 18-h-long. Arrowheads: dendritic tips (yellow: elongated; white: stable; blue: retracted). Green: barrel center filled with thalamocortical axon terminals.

二光子顕微鏡によって観察した、新生仔マウスバレル野第4層の神経細胞が正常に成長する様子。樹状突起の先端(矢頭)が伸び縮みしていることがわかります。(4.5h, 9h, 18hの白の矢頭: 変化しなかった枝。黄色の矢頭: 伸びた枝。青色の矢頭: 縮んだ枝。緑色の部分は視床-軸索終末のクラスター。)

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.

Specific Aims:

- Activity-dependent development of neural circuits in the neocortex: We are using mouse somatosensory cortex as an ideal model system of activity-dependent circuit maturation.
- Roles of RacGAP α -chimerin in neural circuit development and function: We are studying roles of α -chimerin in various aspects of neuronal circuit development and function such as axon guidance, synapse formation and learning and memory.

哺乳類の脳は高度な情報処理を行います、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。哺乳類の神経回路が発達し機能する分子・細胞機構を、マウス遺伝学（遺伝子ノックアウトなど）、二光子顕微鏡、共焦点顕微鏡、組織学、行動解析など幅広い技術を用いて研究しています。

主に以下の二つのテーマに取り組んでいます。

- 大脳皮質神経回路の神経活動依存的発達: ヒトの脳表面の大部分を占める大脳皮質は、哺乳類に特有の脳構造であり、知覚、随意運動、思考、記憶など様々な高次脳機能を担います。大脳皮質の神経回路は、生まれた後、外界などから入る様々な刺激の影響を強く受けながら発達します。大脳皮質神経回路の生後発達の分子・細胞機構を、マウス体性感覚野（バレル野）をモデルとして研究しています。
- 神経回路発達におけるRacGAP α キメリンの役割: 神経回路形成は神経細胞の形（樹状突起、軸索、シナプスなど）の変化を伴います。細胞骨格の制御に関わる α キメリン蛋白質を軸に神経回路の発達と機能を研究しています。

Division of Neurogenetics 形質遺伝研究部門

Iwasato Group 岩里研究室

<http://homepage3.nifty.com/iwasato/>



IWASATO, Takuji
Professor
岩里琢治 教授



MIZUNO, Hidenobu
Assistant Professor
水野秀信 助教

Publications

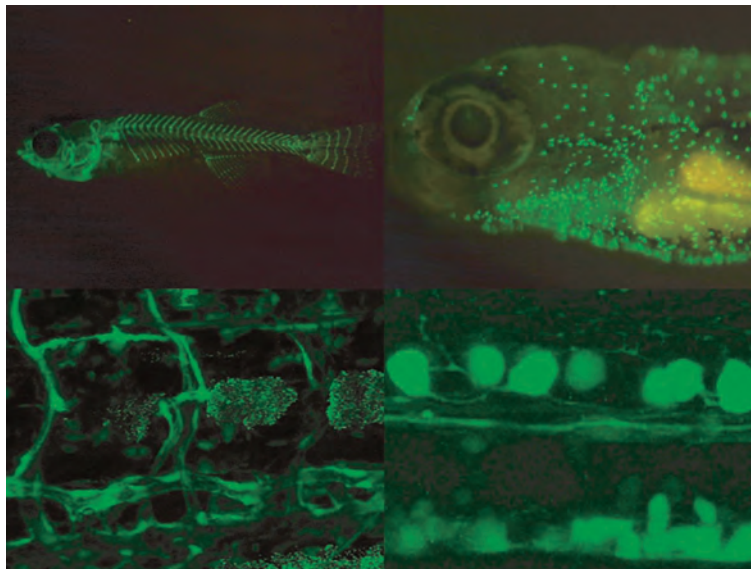
Suzuki, A., Lee, L.J., Hayashi, Y., Muglia, L., Itohar, S., Erzurumlu, R.S., and Iwasato, T. (2015). Thalamic adenylyl cyclase 1 is required for barrel formation in the somatosensory cortex. *Neuroscience* 290, 518-529.

Iwata, R., Ohi, K., Kobayashi, Y., Masuda, A., Iwama, M., Yasuda, Y., Yamamori, H., Tanaka, M., Hashimoto, R., Itohar, S., and Iwasato, T. (2014). RacGAP α 2-chimaerin function in development adjusts cognitive ability in adulthood. *Cell Rep.* 8, 1257-1264.

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

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



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.

.....
 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。

Zebrafish is an excellent model vertebrate because of high fecundity, rapid embryonic development, and transparency at the embryonic and larval stages. 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. These transgenic fish serve as valuable resources for the studies of developmental biology, organogenesis, and neuroscience. We have applied these methods and the transgenic fish resource to study functional neuronal circuits. Currently, we are analyzing the structure and function of specific neuronal circuits that regulate locomotion, learning and memory. Also, we visualize neuronal activity during animal's behaviors by calcium imaging to identify functional neuronal circuits in the brain.

.....
 小型熱帯魚ゼブラフィッシュ (*Danio rerio*) は、脊椎動物の発生・器官形成・行動等の高次生命現象を遺伝学的に研究するためのモデル動物として世界中で使われています。私たちは、世界で初めてゼブラフィッシュにおいて効率のよいトランスポゾン転移システムを開発し、それを用いたトランスジェニックゼブラフィッシュ作製法、遺伝子トラップ法、エンハンサートラップ法、Gal4-UAS法の開発に成功してきました。私たちの研究室では、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、特定の組織・細胞・器官で目的とする遺伝子を自由自在に発現させ、組織や細胞を可視化すること、あるいは機能操作することを可能にできました。

.....
 私たちはこれらの遺伝学的方法論やトランスジェニックフィッシュを用いて、国内外の研究者とはばひろく共同研究を展開するとともに、脊椎動物の行動・学習・記憶などを制御する神経回路、分子メカニズムの解明に取り組んでいます。私たちは、行動・学習・記憶に重要な中枢神経回路の可視化、それらの機能阻害と行動解析、神経活動のカルシウムイメージングなどの研究を精力的に行っています。

.....
 zTrap データベース : <http://kawakami.lab.nig.ac.jp/ztrap/>

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

Kawakami Group 川上研究室

<http://kawakami.lab.nig.ac.jp/>



KAWAKAMI, Koichi
 Professor
 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

Publications

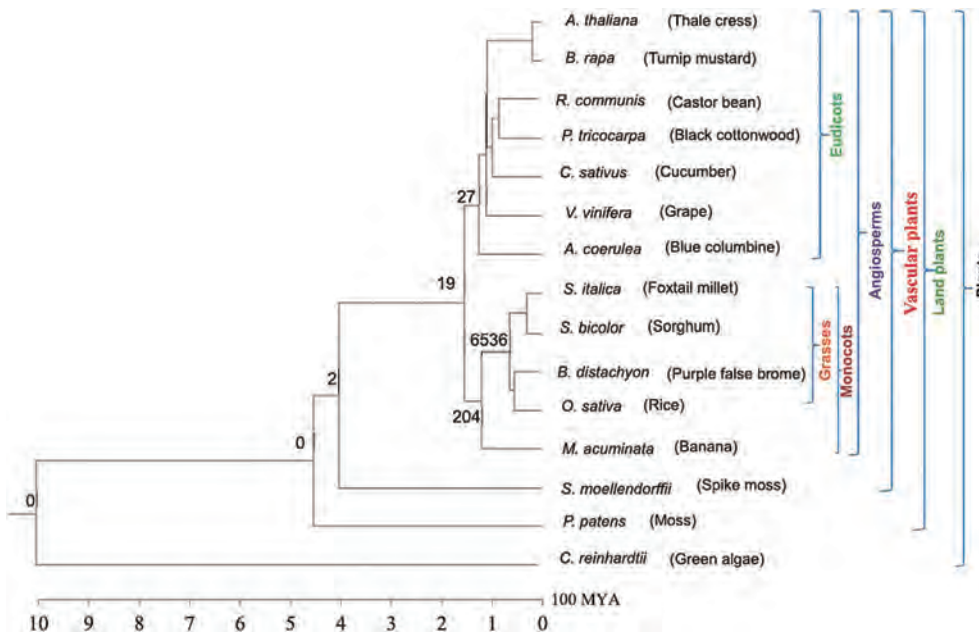
Muto, A., Ohkura, M., Abe, G., Nakai, J., and Kawakami, K. (2013). Real-Time Visualization of Neuronal Activity during Perception. *Current Biology* 23, 307-311.

Asakawa, K., Abe, G., and Kawakami, K. (2013). Cellular dissection of the spinal cord motor column by BAC transgenesis and gene trapping in zebrafish. *Front. Neural Circuits* 7, 100.

Wada, H., Ghysen, A., Asakawa, K., Abe, G., Ishitani, T., and Kawakami, K. (2013). Wnt/Dkk negative feedback regulates sensory organ size in zebrafish. *Current Biology* 23, 1559-1565.

Evolution of organisms at genomic level

ゲノムレベルにおける生物進化



Numbers of lineage-specific CNSs (evolutionarily Conserved Non-coding Sequences) of plant genomes. From Hettiarachchi *et al.* (2014).
 植物ゲノムにおける系統特異的CNS(進化的に保存された非コード配列)の数。Hettiarachchi *et al.* (2014)より。

We study evolution of organisms at the genomic levels through computer analyses and wet experiments. We are particularly interested in evolution of modern humans and primate and mammalian evolution toward human.

- DNA analysis of human populations: We study genetic affinities of modern humans with special reference to those in Asia. We also proceed ancient DNA analysis.
- Analysis of genome evolution: We study lineage-specific evolutionary changes at different levels of organism groups, such as vertebrates, mammals, primates, and human.
- Development of methods useful for evolutionary genomic studies.

生物の進化をゲノムレベルでコンピュータ解析と実験の両面から研究しています。特に現代人集団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。

- 古代DNA解析をふくめた、さまざまな人類集団のゲノム規模データの解析
- 哺乳類や植物において進化的に保存された非コード領域の解析
- ゲノム進化学研究に有用な解析法の開発



SAITOU, Naruya
 Professor
 斎藤成也 教授



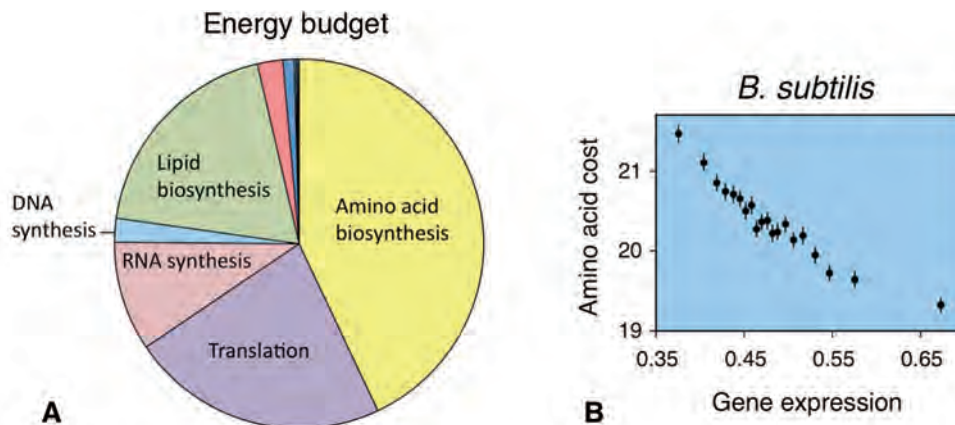
JINAM, Timothy A.
 Assistant Professor
 ジナム ティモシー A. 助教

Publications

- Hettiarachchi, N., Kryukov, K., Sumiyama, K., and Saitou, N. (2014). Lineage-specific conserved noncoding sequences of plant genomes: their possible role in nucleosome positioning. *Genome Biol. Evol.* 6, 2527-2542.
- Babarinde, I. A., and Saitou, N. (2013). Heterogeneous tempo and mode of conserved noncoding sequence evolution among four mammalian orders. *Genome Biol. Evol.* 5, 2330-2343.
- Jinam, T. A., Phipps, M. E., Saitou, N., and the Hugo Pan-Asian SNP Consortium. (2013). Admixture patterns and genetic differentiation in negrito groups from West Malaysia estimated from genome-wide SNP data. *Hum. Biol.* 85, 173-188.

Population genetics and genome evolution

集団遺伝とゲノム進化



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.

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。

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

- Studying lineage-specific patterns of silent and protein evolution. Both weak selection and departures from steady state appear to be prevalent features of molecular evolution in *Drosophila*.
- Modeling evolutionary processes. We employ computer simulations of weak selection with genetic linkage and fitness interactions among mutations to determine statistical methods to detect subtle forces in evolution.
- Identifying biosynthetic constraints in protein evolution. Natural selection is thought to act upon protein structures to optimize their functions. Selection for efficient synthesis may also be important to understand protein size, composition, and evolutionary rate; relationships between gene expression and protein evolution may reveal adaptation for metabolic and translational efficiency.

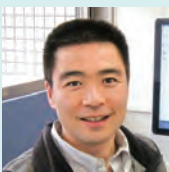
本研究室では、ゲノム進化のメカニズムを解明するために、理論と実験を組み合わせた研究を行っています。現在の研究テーマは以下のようなものです。

- サイレント座位とタンパク質との系統特異的な進化パターンの研究。キロショウジョウバエでの分子進化は、弱い淘汰と非平衡状態が一般的特徴であると考えられます。
- 弱い力が変動する場合の進化過程のモデル化。変異間の連鎖と適応度の相互作用を組み入れたコンピューターシミュレーションを用いて、進化上の弱い淘汰を検出するための手法を開発しています。
- タンパク質の進化と生合成過程の研究。タンパク質の構造は、細胞内での機能が自然選択によって最適化された結果であると考えられます。また、タンパク質の生合成効率に働く自然選択もタンパク質の大きさ、組成、進化速度などを決めていると考えられます。われわれは、遺伝子発現とタンパク質進化パターンとの関連を研究することにより、代謝および翻訳の効率に関する適応について研究しています。

Division of Evolutionary Genetics 進化遺伝研究部門

Akashi Group 明石研究室

<http://www.nig.ac.jp/labs/EvoGen/index.html>



AKASHI, Hiroshi
Professor
明石 裕 教授

Publications

- Akashi, H., Osada, N., and Ohta, T. (2012). Weak selection and protein evolution. *Genetics* 192, 15-31.
- Osada, N., and Akashi, H. (2012). Mitochondrial-Nuclear Interactions and Accelerated Compensatory Evolution: Evidence from the Primate Cytochrome c Oxidase Complex. *Mol Biol. Evol.* 29, 337-346.
- Akashi, H. (2003). Translational selection and yeast proteome evolution. *Genetics* 164, 1291-1303.

Genetics of adaptive radiation

適応放散の遺伝機構



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.

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マイクロ生態系での生態実験を用いて分子から生態までをつないでいきます。

Our research 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.

- Genetic basis of key traits that trigger adaptive radiation
- Molecular mechanisms of hybrid abnormality
- Molecular mechanisms underlying variation in phenotypic plasticity
- Genetic mechanisms of the evolution of sexually dimorphic traits

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。

- 適応放散を引き起こした鍵形質の分子基盤
- 雑種異常の原因遺伝子の特定
- 表現型可塑性変異の遺伝機構
- 性的二型の進化遺伝機構

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

Kitano Group 北野研究室

<http://www.nig.ac.jp/labs/EcoGene/>



KITANO, Jun
Professor
北野 潤 教授

Publications

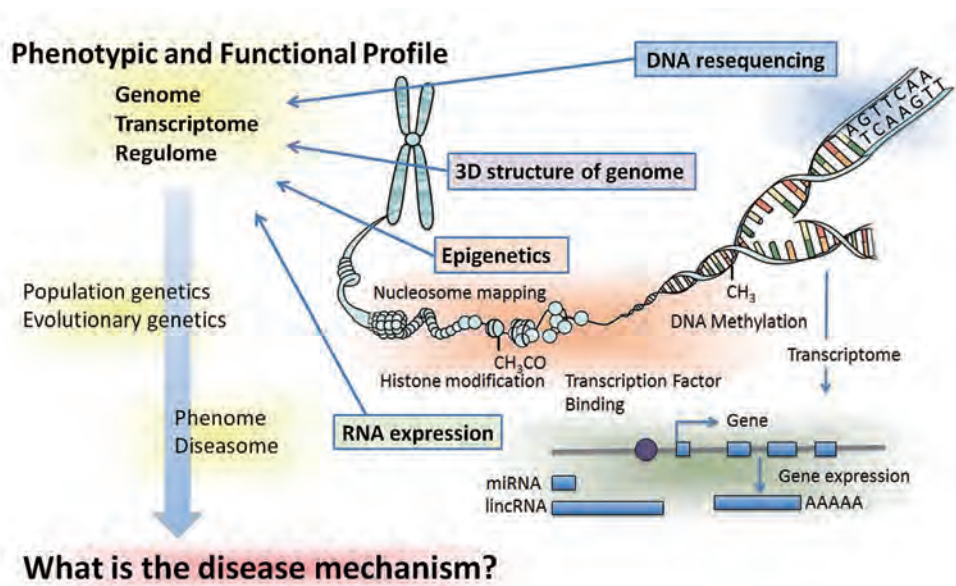
Yoshida, K., Makino, T., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Hasebe, M., Kawata, M., Kume, M., Mori, S., L. Peichel, C. L., Toyoda, A., Fujiyama, A., and Kitano, J. (2014). Sex chromosome turnover contributes to genomic divergence between incipient stickleback species. *PLoS Genetics*, 10, e1004223.

Ishikawa, A., Takeuchi, N., Kusakabe, M., Kume, M., Mori, S., Takahashi, H., and Kitano, J. (2013). Speciation in ninespine sticklebacks: reproductive isolation and phenotypic divergence among cryptic species of Japanese ninespine stickleback. *Journal of Evolutionary Biology* 26, 1417–1430.

Yoshida, K., and Kitano, J. (2012). The contribution of female meiotic drive to the evolution of neo-sex chromosomes. *Evolution* 66, 3198–3208.

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



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.
 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。

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

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。

- Exome analyses of monogenic and complex diseases
- Genetic susceptibility of intracranial aneurysms and its pathophysiology
- Haploid sequencing of HLA genes
- Mathematical modeling of phenome-genome relationship

- 全エクソンシーケンスによる希少遺伝性疾患遺伝子同定
- 脳動脈瘤感受性遺伝子同定と疾患メカニズム解明
- HLA 遺伝子のハプロイドゲノム配列決定
- 統計数理モデルによる高次表現型と遺伝型との関連

Division of Human Genetics 人類遺伝研究部門

Inoue Group 井ノ上研究室

<http://humgen.lab.nig.ac.jp/>



INOUE, Ituro
Professor
井ノ上逸朗 教授



NAKAOKA, Hirofumi
Assistant Professor
中岡博史 助教

Publications

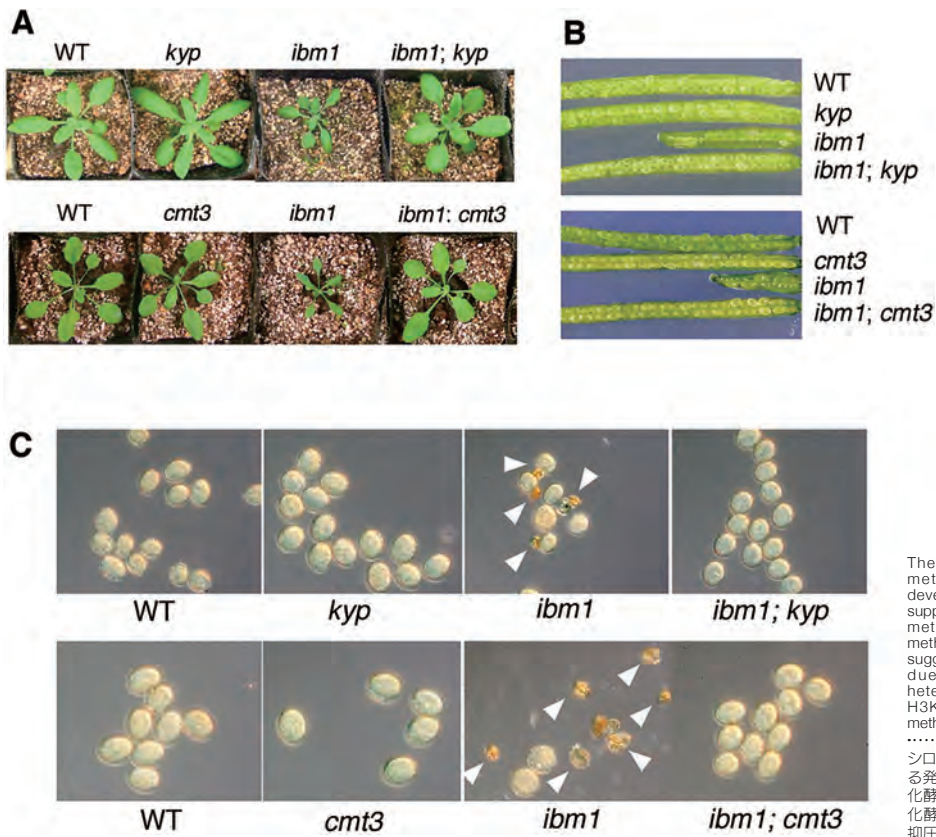
Hayano, T., Yokota, Y., Hosomichi, K., Nakaoka, H., Yoshihara, K., Adachi, S., Kashima, K., Tsuda, H., Moriya, T., Tanaka, K., Enomoto, T., and Inoue, I. (2014). Molecular characterization of an intact p53 pathway subtype in high-grade serous ovarian cancer. *PLoS ONE*. 9, e114491.

Omer, W.H., Narita, A., Hosomichi, K., Mitsunaga, S., Hayashi, Y., Yamashita, A., Krasniqi, A., Iwasaki, Y., Kimura, M., and Inoue, I. (2014). Genome-wide linkage and exome analyses identify variants of HMCN1 for splenic epidermoid cyst. *BMC Med. Genet.* 15, 115.

Yu, W., Zheng, H., Lin, W., Tajima, A., Zhang, Y., Zhang, X., Zhang, H., Wu, J., Han, D., Rahman, N.A., Korach, K.S., Gao G, F., Inoue, I., and Li, X. (2014). Estrogen promotes Leydig cell engulfment by macrophages in male infertility. *J. Clin. Invest.* 124, 2709-2721.

Genetics of epigenetics

エピジェネティクスの遺伝学



The *ibm1* (increase in *BONSAI* methylation) mutation induces developmental defects, which are suppressed by mutation in the H3K9 methylase gene *KYP* or non-CG methylase gene *CMT3*. The results suggest that these phenotypes are due to ectopic deposition of heterochromatin marks, such as H3K9 methylation and non-CG methylation.

シロイヌナズナの *ibm1* 突然変異による発生異常表現型は、H3K9 メチル化酵素遺伝子 *KYP* や非 CpG メチル化酵素遺伝子 *CMT3* の突然変異で抑圧される。

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.

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の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。私達は、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。

Division of Agricultural Genetics 育種遺伝研究部門

Kakutani Group 角谷研究室

<http://www.nig.ac.jp/labs/AgrGen/home-j.html>



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

Publications

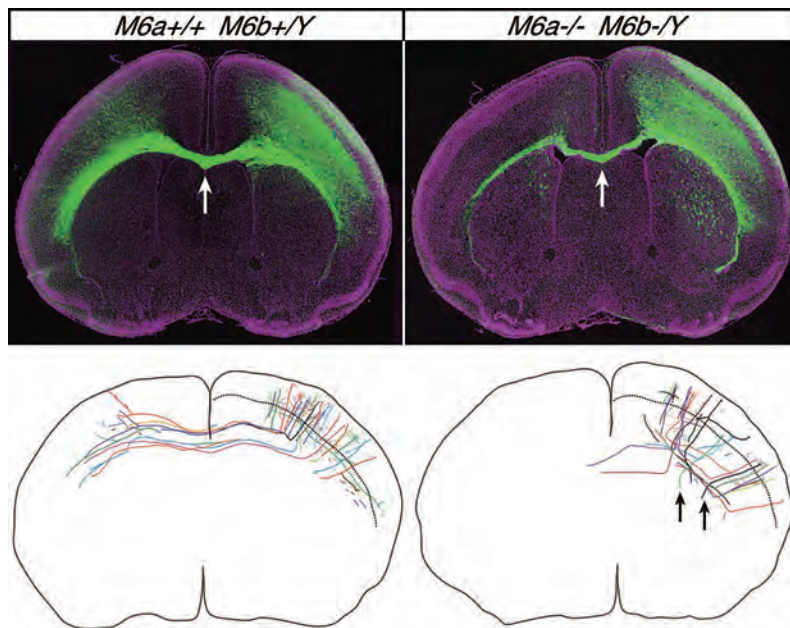
Tsukahara, S., Kawabe, A., Kobayashi, A., Ito, T., Aizu, T., Shin-I, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Tarutani, Y., and Kakutani, T. (2012). Centromere-targeted de novo integrations of an LTR retrotransposon of *Arabidopsis lyrata*. *Genes Dev.* 26, 705-713.

Inagaki, S., Miura-Kamio, A., Nakamura, Y., Lu, F., Cao, X., Kimura, H., Saze, H., and Kakutani, T. (2010). Autocatalytic differentiation of epigenetic modifications within the *Arabidopsis* genome. *EMBO J.* 29, 3496-3506

Tsukahara, S., Kobayashi, A., Kawabe, A., Mathieu, O., Miura, A., and Kakutani, T. (2009). Bursts of retrotransposition reproduced in *Arabidopsis*. *Nature* 303, 423-426

Approaching brain function through studying development of nervous systems

神経発生から眺める脳機能



Top: The bundle of callosal axons (green) connecting brain hemispheres (arrow) is thinner in the M6a/M6b double mutant brain (right). Bottom: callosal axon trajectories traced with Supernova system. In the double mutant brain (right), the axons are not simply shorter but also disorganized, and some are even misdirected subcortically (arrows).

M6a/M6b二重変異マウスの脳(右)では、左右大脳半球をつなぐ脳梁軸索(緑)の本数が著しく減少し、束が細くなる(矢印)。下: Supernovaシステムによりトレースした軸索の形態。M6a/M6b二重変異マウスの脳(右)では、軸索が短だけでなく、走行方向が乱れ、誤った部位に伸びている(矢印)。

The brain circuitry is made up of an enormous number of neurons. It is constructed by sequential developmental steps, such as neuronal differentiation, migration, axon guidance, and target recognition, under the genetic control. The resulting wiring patterns determine the characteristics of animals' behavior and mental activities. Although the brain has a plastic feature and can change through learning and adapting, the core element of brain circuitry is almost fixed and non-rewireable after the completion. We focus on this rigid feature of the brain constructed by the rules of neural development and are trying to examine how the developmental wiring design can shape brain function. We are currently pursuing the following projects.

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。具体的には次のテーマで研究しています。

- Central Olfactory Circuits and Function
- Neuronal Migration
- Axon Guidance
- Evolution of Brain Architecture

- 嗅覚中枢神経回路と機能の研究
- 神経細胞移動の研究
- 軸索ガイドの研究
- 脳構造の進化的研究

Division of Brain Function 脳機能研究部門

Hirata Group 平田研究室

http://www.nig.ac.jp/labs/Brain/new/j/hirata_lab_j/toppu.html



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

Publications

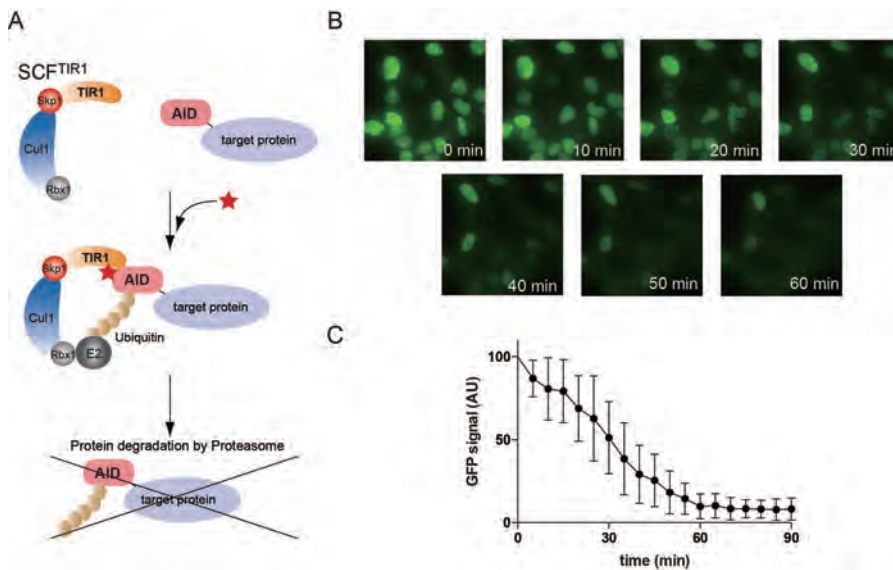
Mita, S., de Monasterio-Schrader, P., Fünfschilling, U., Kawasaki, T., Mizuno, H., Iwasato, T., Nave, KA., Werner, HB., and Hirata, T. (2014). Transcallosal Projections Require Glycoprotein M6-Dependent Neurite Growth and Guidance. *Cereb. Cortex.* bhu129.

Suzuki, K., and Hirata, T. (2014). A common developmental plan for neocortical gene-expressing neurons in the pallium of the domestic chicken *Gallus gallus domesticus* and the Chinese softshell turtle *Pelodiscus sinensis*. *Front. Neuroanat.* 8, 20.

Suzuki, I.K., Kawasaki, T., Gojobori, T., and Hirata, T. (2012). The temporal sequence of the mammalian neocortical neurogenetic program drives mediolateral pattern in the chick pallium. *Dev. Cell* 22, 863-870.

A new molecular genetics to understand DNA transactions in human cells

ヒト細胞における新たな分子遺伝学を用いたDNAトランスアクションの解析



The AID system

(A) Schematic illustration of the AID system. TIR1 derived from a plant forms an SCF-TIR1 E3 ubiquitin ligase with the endogenous factors when expressed in human cells. Auxin promotes the interaction between TIR1 and AID for poly-ubiquitylation of AID. Therefore, AID-fused proteins are degraded by the proteasome. (B) TIR1 and GFP-AID fused with a nuclear localization signal were expressed in human 293 cells. After addition of auxin, GFP was detected by a time-lapse microscopy. (C) Quantification of GFP signal. Most of GFP was degraded by 60 min.

オーキシン誘導デグロン (AID) 法

(A) AID法の原理。植物由来のF-box因子TIR1を発現させた細胞において、TIR1は内在性因子とSCF-TIR1 E3ユビキチンリガーゼ複合体を形成する。オーキシンはTIR1とAIDタグの結合を促進することで、AID融合タンパク質を分解に導く。(B) TIR1とGFP-AIDに核局在シグナルを融合したタンパク質を入293細胞に発現させた。培地にオーキシン添加後、経時的にGFPを観察した。(C) GFPシグナルを定量化した。60分程度で大部分のGFPが分解されていることがわかる。

We are aiming to generate a new molecular genetics of human cells by using new technologies. By transplanting a plant-specific degradation pathway to human cells, we have established the auxin-inducible degron (AID) system, with which the expression of proteins of interest can be timely controlled by addition of a plant hormone, auxin. By combining the gene-editing technology with the AID system, 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.

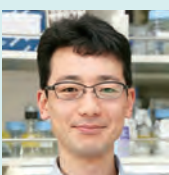
当研究室では、新技術を利用することでヒト細胞における新たな分子遺伝学を創生したいと思っています。すでに、私たちは植物ホルモンオーキシンにより活性化される、植物内のタンパク質分解メカニズムをヒト細胞に移植することで、特定のタンパク質をオーキシン依存的に分解除去する方法を開発しました (AID法)。さらには、ゲノム編集技術と組み合わせAID法を利用することで、ヒト細胞のゲノムDNAがいかに維持されているのか、特にDNA複製と他のDNAトランスアクションの関連性を明らかにしようとしています。

- Improvement and application of the AID system in human cells
- Development of genome-editing technologies for the use of the AID system
- Understanding of the relationship between DNA replication and homologous recombination in DNA inter-strand crosslink repair
- Understanding of DNA transactions at the replication fork

- ヒト細胞での利用に向けたAID法の改良と応用
- AID法を発展させるためのゲノム編集技術開発
- DNA二本鎖架橋修復に対するDNA複製と相同組換えの関係性の理解
- 複製フォークにおけるDNAトランスアクションの解明

Molecular Function Laboratory 分子機能研究室

Kanemaki Group 鐘巻研究室

http://www.nig.ac.jp/labs/MolFunc/Molecular_Function_HP/Home.html

KANEMAKI, Masato
Associate Professor
鐘巻将人 准教授

Publications

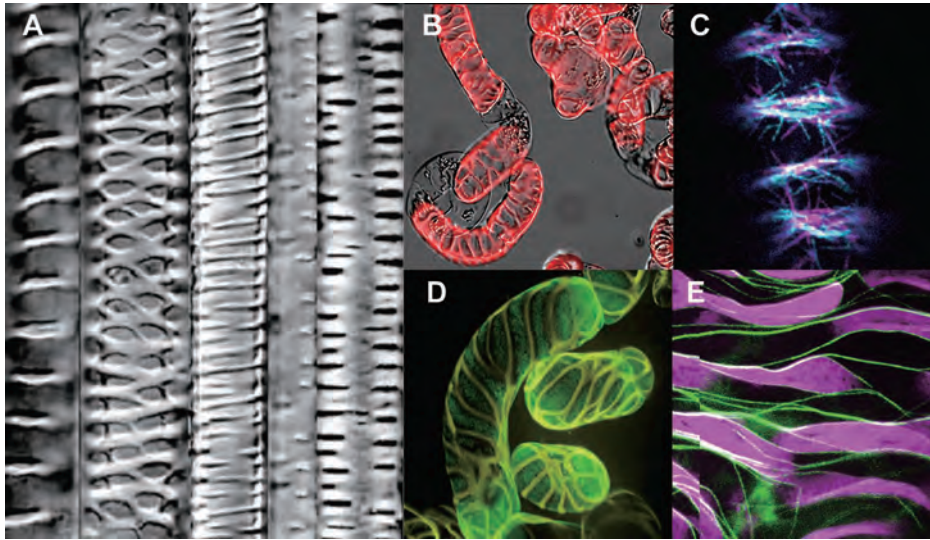
Nishimura, K., and Kanemaki, MT. (2014). Rapid Depletion of Budding Yeast Proteins via the Fusion of an Auxin-Inducible Degron (AID). *Current Protocols in Cell Biology*, 64, 20.9.1-20.9.16.

Kubota, T., Nishimura, K., Kanemaki, MT., and Donaldson, AD. (2013). The Elg1 Replication Factor C-like Complex Functions in PCNA Unloading during DNA Replication. *Molecular Cell*, 50, 273-280.

Nishimura, K., Ishiai, M., Horikawa, K., Fukagawa, T., Takata, M., Takisawa, H., and Kanemaki, MT. (2012). Mcm8 and Mcm9 Form a Complex that Functions in Homologous Recombination Repair Induced by DNA Interstrand Crosslinks. *Molecular Cell*, 47, 511-522.

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) Xylem vessels develop various secondary cell wall patterns. (B) Xylogenic 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.

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 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 xylogenic 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.

- Regulation of cortical microtubules and cortical actin microfilaments
- Spatial interaction between cortical cytoskeleton and plasma membrane domains
- Spontaneous pattern formation by Rho GTPases
- Modeling of cell wall pattern establishment

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。

- 表層微小管・アクチン繊維の制御因子の探索と機能解析
- 細胞骨格と細胞膜ドメインの相互作用の研究
- Rho GTPase による自発的な空間パターンの構築機構の研究
- 細胞壁パターン形成のモデリング

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

Oda Group 小田研究室



ODA, Yoshihisa
Associate Professor
小田祥久 准教授

Publications

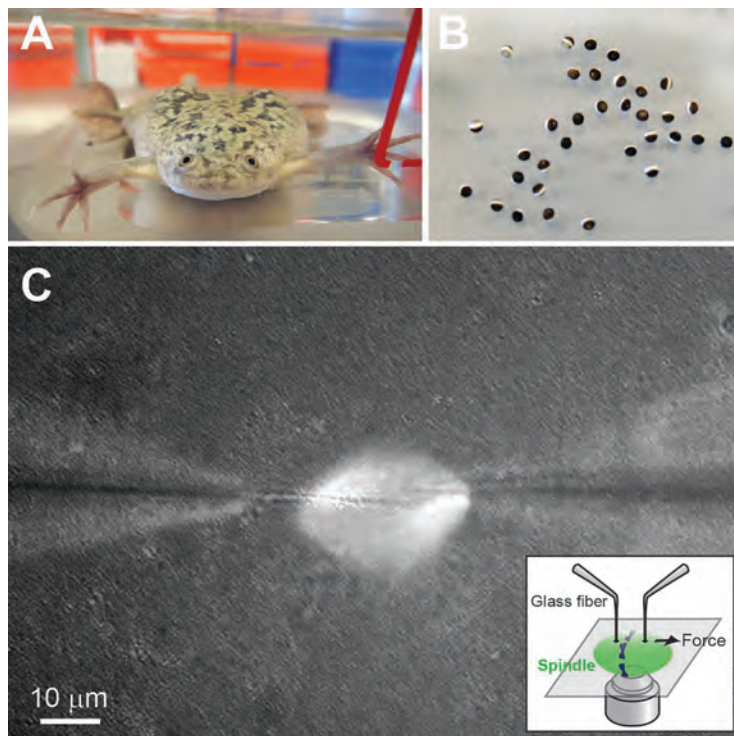
Oda, Y., and Fukuda, H. (2013). Rho of plant GTPase signaling regulates the behavior of Arabidopsis kinesin-13A to establish secondary cell wall patterns. *Plant Cell* 25, 4439-4450.

Oda, Y., and Fukuda, H. (2012). Initiation of cell wall pattern by a Rho- and microtubule-driven symmetry breaking. *Science* 337, 1333-1336.

Oda, Y., Iida, Y., Kondo, Y., and Fukuda, H. (2010). Wood cell-wall structure requires local 2D-microtubule disassembly by a novel plasma membrane-anchored protein. *Current Biology* 20, 1197-1202.

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



(A) *Xenopus laevis*, our primary model organism. Eggs from female frogs (B) are used to prepare cytoplasmic extracts, in which the spindle apparatus and the cell nucleus can be *in vitro* assembled and micromanipulated. Image in (C) shows a metaphase spindle assembled in extracts and visualized by fluorescently labeled tubulin. A pair of glass microfibers can be used to apply mechanical force. Inset illustrates the geometry of the set-up

(A) モデル生物として主に用いているアフリカツメガエル。メスの卵 (B) から調製される細胞質抽出液を用いて紡錘体や細胞核を *in vitro* 再構成し、顕微鏡下で直接力学操作することができる。(C) の写真は、抽出液内で形成した分裂中期紡錘体 (写真中央) に2本の微小ガラスファイバーを用いて力の刺激を与えているところ。挿絵はその模式図。

The cell's ability to sense and respond to mechanical force is crucial to many biological processes, including cell division and differentiation. Our laboratory uses novel biophysical methods which combine controlled micromanipulation techniques (e.g., laser tweezers, glass microfibers) and high-resolution fluorescence microscopy (e.g., confocal and TIRF imaging) to characterize physicochemical nature of the mitotic spindle and the cell nucleus. Thorough 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 cellular behavior.

細胞がメカニカルな力を感知して応答する能力は、細胞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マイクロマニピュレーション技術と高解像度の蛍光イメージング手法を用いて、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関係を定量的に明らかにすることを通して、細胞が規定された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。

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

Publications

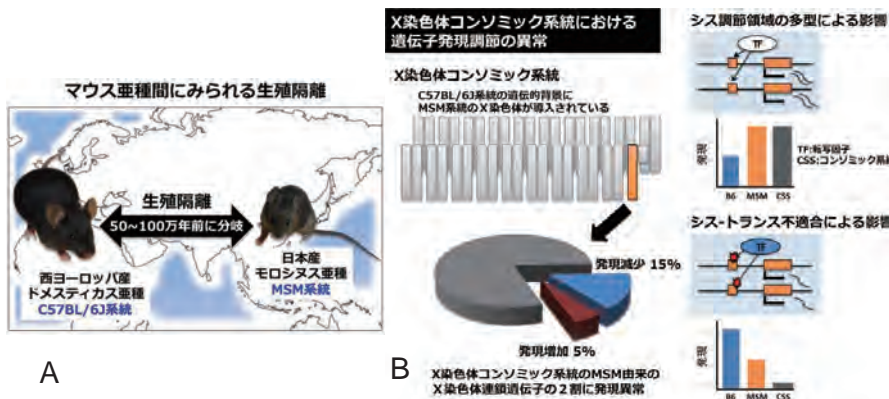
Takagi, J., Itabashi, T., Suzuki, K., Kapoor, T. M., Shimamoto, Y., and Ishiwata, S. (2013). Using micromanipulation to analyze control of vertebrate meiotic spindle size. *Cell Rep.* 5, 44-50.

Shimamoto, Y., and Kapoor, T. M. (2012). Microneedle-based analysis of the micromechanics of the metaphase spindle assembled in *Xenopus laevis* egg extracts. *Nat. Protoc.* 7, 959-969.

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.

Integrative genetics of mouse complex traits

マウス高次形質の統合的遺伝解析



The sexual isolation caused by incompatibility in gene regulatory system. (A) The sexual isolation is established between two mouse subspecies, *M. m. domesticus* and *M. m. molossinus*. (B) An X-chromosome substitution strain, B6-ChrX^{MSM}, in which X chromosome of *domesticus*-derived C57BL/6J is replaced by counterpart of *molossinus*-derived MSM strain, shows reproductive isolation. Transcriptome analysis showed misregulation in 20% of X-linked genes expressed in the testicular cells of B6-ChrX^{MSM} strain. This misregulation was partly caused by the regulatory incompatibility between C57BL/6J-derived *trans*-acting regulatory factors and MSM-derived *cis*-regulatory elements. This study was done as a project of "Life Systems" of Trans-Disciplinary Research Integration Center, ROIS. (From Oka et al. 2014).

遺伝子発現調節の不適合による生殖隔離。(A) マウスのドメスティカス亜種とモロシナス亜種の間には生殖隔離が成立している。(B) ゲノムの9割以上がドメスティカス亜種由来の実験用系統C57BL/6Jの遺伝的背景に、モロシナス亜種MSM系統のX染色体を導入すると、生殖隔離が再現されることから、X染色体に原因遺伝子が存在すると考えられた。X染色体コンソミック系統の精巣細胞で、X染色体連鎖遺伝子の2割に発現異常がみられた。これは、MSM由来のシス調節因子の影響、またはC57BL/6J系統由来の転写因子とMSM由来シス調節因子との間に起こった不適合が原因と考えられた。本研究は、新領域融合研究プロジェクトの一環として行われた(岡ら(2014))。

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.

Current ongoing research projects are as follows:

- Chromosomal dynamics for gene regulation
- Evolution of cis-regulation systems of developmental genes
- Data banking of genome diversity and phenotypes of mouse strains
- Genetic mechanism of reproductive isolation in mice
- Genetic dissection of complex traits by use of mouse consomic strains

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パイオリソースの開発を進めています。個別研究課題は以下の通りです。

- 遺伝子発現制御の染色体ダイナミクス
- シス制御因子を中心とした遺伝子発現制御システムの進化発生学
- マウスゲノム多型情報と表現型情報の収集とデータベース構築
- マウスコンソミック系統を利用した生殖隔離成立の遺伝メカニズム
- マウスコンソミック系統を利用した形態・代謝の遺伝制御システム

Mammalian Genetics Laboratory 哺乳動物遺伝研究室

Shiroishi Group 城石研究室

<http://www.nig.ac.jp/labs/MamMalg/home-j.html>



SHIROISHI, Toshihiko
Professor
城石俊彦 教授



TAKADA, Toyoyuki
Assistant Professor
高田豊行 助教



AMANO, Takanori
Assistant Professor
天野孝紀 助教

Publications

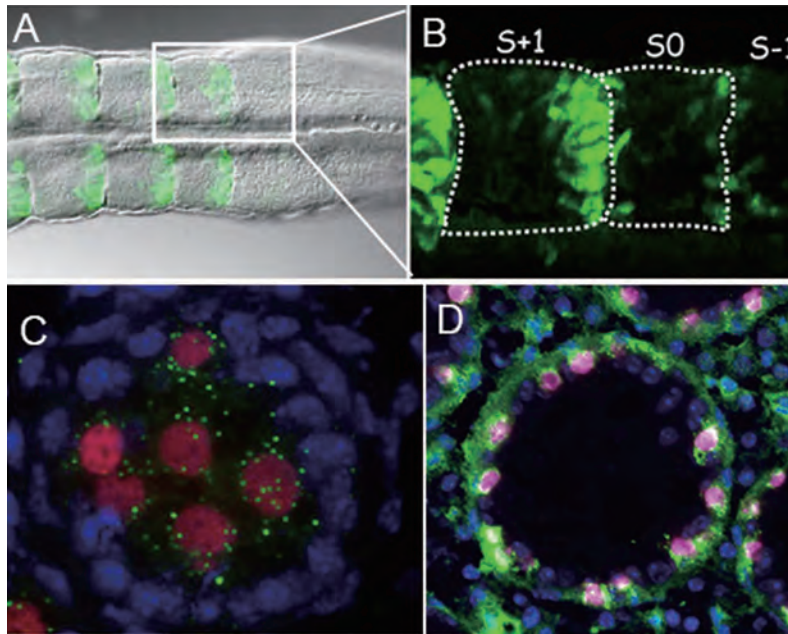
Oka, A., Takada, T., Fujisawa, H., and Shiroishi, T. (2014). Evolutionarily diverged regulation of X-chromosomal genes as a primal event in mouse reproductive isolation. *PLoS Genet.* 10, e1004301.

Tamura, M., Amano, T., and Shiroishi, T. (2014). The Hand2 gene dosage effect in developmental defects and human congenital disorders. *Curr. Top. Dev. Biol.* 110, 129-152.

Takada, T., Ebata, T., Noguchi, H., Keane, T.M., Adams, D.J., Narita, T., Shin-I, T., Fujisawa, H., Toyoda, A., Abe, K., Obata, Y., Sakaki, Y., Moriawaki, K., Fujiyama, A., Kohara, Y., and Shiroishi, T. (2013). The ancestor of extant Japanese fancy mice contributed to the mosaic genomes of classical inbred strains. *Genome Res.* 23, 1329-1338.

Developmental genetic studies using gene engineering technology in mice

マウス発生工学を用いた初期発生現象の解析



(A-B) Notch signaling is activated only in the caudal part of each somite. (C) Nanos2 proteins (green) are localized in the P-bodies in cytoplasm of embryonic male germ cells (red). (D) A section of adult seminiferous tubule, in which Nanos2 (green) expression is maintained in the spermatogonial stem cell (magenta). Only stem cells remain, while sperm differentiation is suppressed.

.....
 A-B. 体節におけるNotchシグナルの活性をGFPレポーターで可視化した。Notchシグナルは体節の後方部でのみ活性化。C. 胎生期の雄生殖細胞(赤)におけるNanos2タンパク質(緑)の局在。D. Nanos2を持続発現(緑)すると、分化した精子細胞は失われ、幹細胞(マゼンタ)が増加する。生後6週の小精細管。

We are interested in the mechanism of germ cell development, especially the function of RNA binding proteins, Nanos2 and Nanos3. We aim to elucidate the target RNAs to understand the events associated with Nanos-mediated RNA regulation. We are also interested in the molecular mechanism of heart formation and somite segmentation. Mesp2 initiates somite segmentation via repressing the upstream factor Tbx6. We are focusing on the repression mechanism. Recently we have introduced CAS9-mediated genome editing method to facilitate mutant mouse production. Our research themes include:

.....
 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多くの遺伝子ノックアウトマウス、蛍光タンパク質ノックインマウスやトランスジェニックマウスを自ら作成し個体レベルで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。最近ではクリスパーを用いた遺伝子改変技術を導入し、研究を推進しています。主な研究課題は、

- Sexual differentiation of germ cells
- Establishment of spermatogonial stem cells
- RNA-mediated germ cell regulation
- Somite segmentation
- Heart morphogenesis

- 生殖細胞の性分化に関わる分子機構
- 精子幹細胞システムの構築と制御
- 生殖細胞のRNA制御
- 脊椎動物の分節性確立機構の解析
- 心臓刺激伝導系の発生

Mammalian Development Laboratory 発生工学研究室

Saga Group 相賀研究室

<http://www.nig.ac.jp/labs/MamDev/home-j.html>



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

Publications

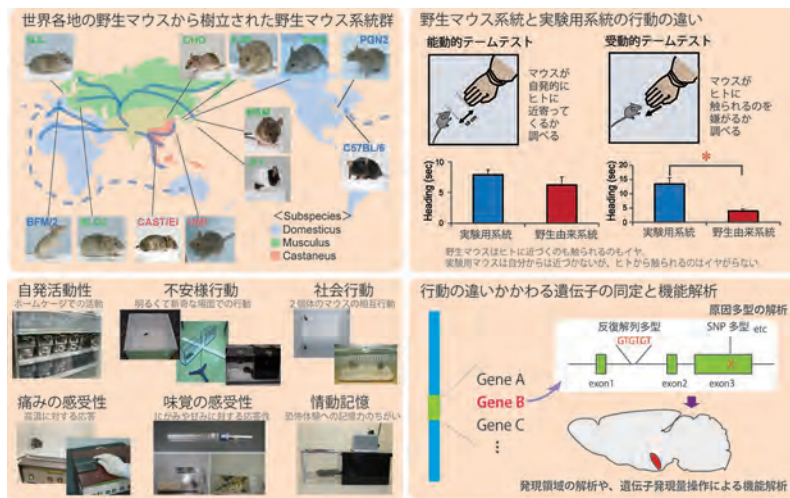
Zhao, W., Ajima, R., Ninomiya, Y., and Saga, Y. (2015). Segmental border is defined by Ripply2-mediated Tbx6 repression independent of Mesp2. *Dev. Biol.* 400, 105-117.

Wu, Q., Fukuda, K., Weinstein, M., Graff, JM., and Saga, Y. (2015). SMAD2 and p38 signaling pathways act in concert to determine XY primordial germ cell fate in mice. *Development.* 142, 575-578.

Saba, R., Kato, Y., and Saga, Y. (2014). NANOS2 promotes male germ cell development independent of meiosis suppression. *Dev. Biol.* 385, 32-40.

Behavioral genetics using wild-derived mouse strains

野生由来マウスを用いた行動遺伝学



In a variety of behavioral studies using wild-derived and laboratory strains, we observed notable strain differences of behavioral patterns. We aim to understand the genetic basis of behavioral differences between strains.

さまざまな行動テストを行うと、野生由来マウス系統や実験用マウス系統は系統に特徴的な行動を示すことが分かります。これらの行動の系統差に関わる遺伝的メカニズムの解明を進めています。

Understanding the genetic basis for individual differences in complex traits is one of the most important issues in current genetics. In order to clarify the mechanisms related to behavioral diversity, we are using a series of wild-derived mouse strains as well as standard laboratory strains. Wild-derived strains originate from mice that naturally inhabit a particular area, and they exhibit a prominent degree of wildness and phenotypic diversity among the strains. We are identifying genes related to behavioral differences between the strains, and are aiming to understand the role of these genes in the molecular, cellular, and neural mechanisms that underlie this behavioral diversity.

近年の遺伝学では個人差をもたらす遺伝的機構の解明が重要なテーマとなっています。私たちは行動の多様性を生み出すメカニズムを明らかにするために、世界各地から捕獲された野生由来マウス系統をもちいて行動遺伝学の研究を進めています。野生マウスをもとに樹立された近交系統は、野生に特徴的な行動に加えて、表現型の顕著な系統差を示します。このような行動の多様性に関わる遺伝子を同定し、その機能を分子レベル、細胞レベル、更には神経レベルで明らかにしてゆくことを目指しています。

- Comparative studies of behavioral patterns among wild-derived strains
- Genetic studies of domestication in mice
- Genetic studies of home-cage activity
- Genetic studies of anxiety-like behavior
- Genetic studies of social/aggressive behavior

- 野生由来マウス系統の行動パターン解析
- マウス家畜化の遺伝解析
- 自発活動性の遺伝解析
- 不安様行動の遺伝解析
- 社会行動・攻撃行動の遺伝解析

Mouse Genomics Resource Laboratory (MGRL) マウス開発研究室

Koide Group 小出研究室

<http://www.nig.ac.jp/labs/MGRL/index.html>



KOIDE, Tsuyoshi
Associate Professor
小出 剛 准教授



YOSHIMI, Kazuto
Assistant Professor
吉見一人 助教

Publications

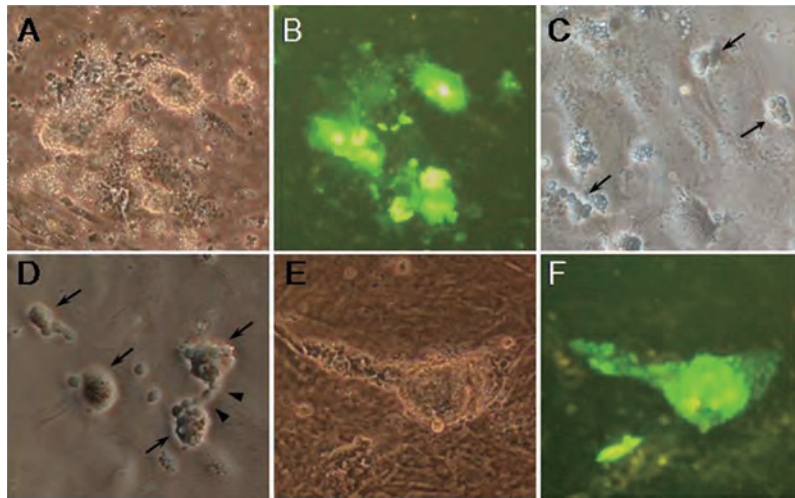
Kato, S., Ishii, A., Nishi, A., Kuriki, S., and Koide, T. (2014). Segregation of a QTL cluster for home-cage activity using a new mapping method based on regression analysis of congenic mouse strains. *Heredity* 113, 416-423.

Takahashi, A., Shiroishi, T., and Koide, T. (2014). Genetic mapping of escalated aggression in wild-derived mouse strain MSM/Ms: association with serotonin-related genes. *Frontiers in Neuroscience* 8, 156.

Takahashi, A., Nagayasu, K., Nishitani, N., Kaneko, S., and Koide, T. (2014). Control of intermale aggression by medial prefrontal cortex activation in the mouse. *PLoS ONE* 9, e94657.

Genetic modification and analyses of regulatory factors in zebrafish germ cells

ゼブラフィッシュ生殖細胞における遺伝子改変と制御因子の解析



Successful propagation and maintenance of zebrafish spermatogonial stem cells in culture. A, B. Culture of *vas::efgp* spermatogonia for 3 days. C. Spermatogonia (arrows) just after a first replating on day 4. D. Spermatogonia (arrows) just after a second replating on day 10. Arrowheads indicate chain-like structures of spermatogonia. E, F. A clump of *vas::efgp* spermatogonia after culturing for one month that express GFP.

ゼブラフィッシュ精原幹細胞の培養。A, B. *vas::efgp* 精原細胞の培養 3 日目。C. 培養 4 日目で 1 回目の継代直後。矢印は精原細胞を示す。D. 培養 10 日目で 2 回目の継代直後。矢印は精原細胞が鎖状につながったところを示す。E, F. 培養 30 日目。生殖細胞特異的な GFP が発現している。

Zebrafish have become a laboratory favorite because their embryos are transparent: geneticists can easily observe gene effects in the developing fish. We have developed techniques to culture male germ line stem cells, spermatogonial stem cells, and focus on developing reliable protocols for producing transgenic lines by the culture system. In addition, male germ cell culture systems are useful also in analyzing the spermatogenesis. 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, through analyses of genes responsible for these mutants both *in vivo* and *in vitro*.

- Establishment of protocols for producing transgenic lines by the spermatogonial stem cell culture
- Analyses of genes to regulate spermatogenesis with spermatogenic mutants

ゼブラフィッシュは、胚が透明で発生過程で働く遺伝子を容易に見いだすことができるため、優れた実験動物として発展してきました。私たちは、この魚の雄生殖系幹細胞、精原幹細胞の培養系を確立し、細胞培養系を用いた新たな遺伝子改変魚作出技術の確立を進めています。また、雄生殖細胞の培養系は精子形成制御因子の解析にも優れています。既に、精子形成に異常をもつ ENU 誘導変異体をいくつか単離しており、それらの原因遺伝子を *in vivo* と *in vitro* を組み合わせて解析し、脊椎動物に普遍的な精子形成制御因子の研究を進めています。

- 精原幹細胞培養系による遺伝子改変魚作出技術の確立
- 精子形成異常変異体による精子形成制御因子の解析

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

Sakai Group 酒井研究室

<http://www.nig.ac.jp/labs/FishDev/index.html>



SAKAI, Noriyoshi
Associate Professor
酒井則良 准教授

Publications

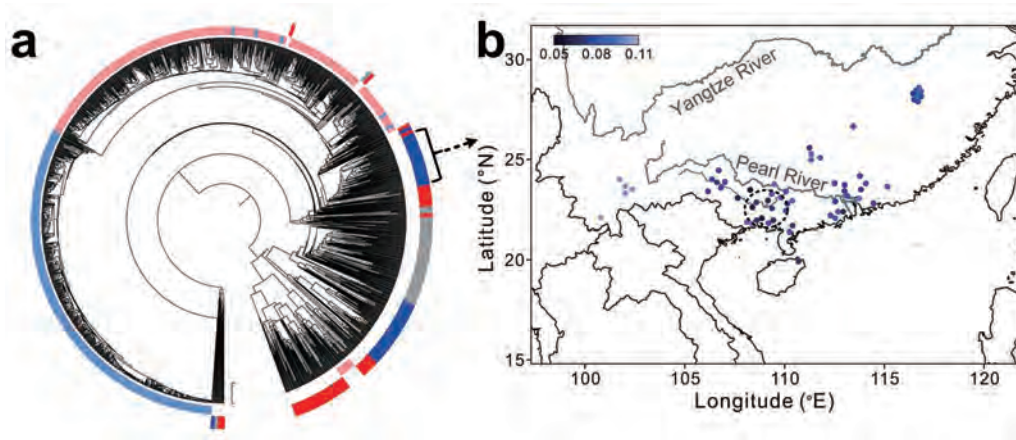
Saito, K., Sakai, C., Kawasaki, T., and Sakai, N. (2014). Telomere distribution pattern and synapsis initiation during spermatogenesis in zebrafish. *Dev. Dyn.* 243, 1448-1456.

Shinya, M., Kobayashi, K., Masuda, A., Tokumoto, M., Ozaki, Y., Saito, K., Kawasaki, T., Sado, Y., and Sakai, N. (2013). Properties of gene knockdown system by vector-based siRNA in zebrafish. *Dev. Growth Differ.* 55, 755-765.

Kawasaki, T., Saito, K., Sakai, C., Shinya, M., and Sakai, N. (2012). Production of zebrafish offspring from cultured spermatogonial stem cells. *Genes Cells* 17, 316-325.

Studies on genetic diversity of *Oryza* genomes/species and mechanisms in reproductive isolation

イネ属の種・ゲノム多様性および生殖隔離メカニズムの研究



Genetic and geographic origins of rice domestication. a, Phylogenetic tree of 446 *O. rufipogon* accessions and 1,083 *O. sativa* varieties calculated from SNPs in the 55 major domestication sweeps. b, Geographic locations of 62 *O. rufipogon* accessions, whose phylogenetic positions during domestication are indicated. Color index represents the average of the genetic distance of *O. rufipogon* accessions to all cultivated rice accessions.

イネ栽培化の遺伝的、地理的起源地。(a) 446の*O. rufipogon*系統と1083の*O. sativa*系統の55の栽培化選抜圧領域における遺伝変異から算出した進化系統樹 (b) 進化経過を説明する62の系統群の地理的位置。系統毎の色は、遺伝的距離を示す (a)における色と対比)

We are carrying out two major research subjects. One is analysis of genetic diversity of *Oryza* species in genome structure and phenotype by sequencing and phenotyping of a large number of strains. Genetic association studies are going to be done to identify responsible genes for genome and phenotype differentiation. The other is analysis of genetic factors playing roles in the reproductive isolation mechanism. This is performed by combining with the analysis of genetic programs underlying the processes from gametogenesis to embryogenesis in rice. 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.

- Analysis of genetic diversity of wild species of rice for comparative genomics and speciation studies
- Analysis of genetic factors working in the reproductive isolation mechanism for speciation
- Dissection of genetic programs underlying in reproductive development

本研究室では、野生イネと栽培イネのゲノム多様性研究および比較ゲノム解析を進めています。次世代シーケンサーを用いた多数系統ゲノムの解析、および発現遺伝子解析と表現型との遺伝的相関解析を行い、種や形質の分化に関わる遺伝子を同定し、種の多様性や進化の仕組みを明らかにすることを目指しています。この中で、生殖的隔離の分子メカニズムの解明と、生殖発生過程における遺伝的プログラムの解明にも取り組んでいます。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。

- 野生イネ遺伝的多様性、比較ゲノム、進化解析
- 生殖的隔離に関わる遺伝因子の同定
- イネ生殖発生過程の遺伝的プログラムの解明

Plant Genetics Laboratory 植物遺伝研究室

Kurata Group 倉田研究室

<http://www.nig.ac.jp/labs/PlantGen/japanese/home-j.html>



KURATA, Nori
Professor
倉田のり 教授



KUBO, Takahiko
Assistant Professor
久保貴彦 助教

Publications

- Tsuda, K., Kurata, N., Ohyanagi, H., and Hake, S. (2014). Genome-wide study of KNOX regulatory network reveals brassinosteroid catabolic genes important for shoot meristem function in rice. *Plant Cell*. 26, 3488-3500.
- Kubo, T., Fujita, M., Takahashi, H., Nakazono, M., Tsutsumi, M., and Kurata, N. (2013). Transcriptome analysis of developing ovules in rice isolated by laser microdissection. *Plant Cell Physiol*. 54, 750-765.
- Huang, X., Kurata, N., Wei, X., Wang, ZX., Wang, A., Zhao, Q., Zhao, Y., Liu, K., Lu, H., Li, W., Guo, Y., Lu, Y., Zhou, C., Fan, D., Weng, Q., Zhu, C., Huang, T., Zhang, L., Wang, Y., Feng, L., Furuumi, H., Kubo, T., Miyabayashi, T., Yuan, X., Xu, Q., Dong, G., Zhan, Q., Li, C., Fujiyama, A., Toyoda, A., Lu, T., Feng, Q., Qian, Q., Li, J., and Han B. (2012). A map of rice genome variation reveals the origin of cultivated rice. *Nature*. 490, 497-501.

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



Hyphal cells of *Schizosaccharomyces japonicus*. Green fluorescent protein indicates nuclei and red fluorescent protein indicates cytosolic region.

ジャポニカス分裂酵母の菌糸型細胞。核を緑色蛍光タンパク質で、細胞質を赤色蛍光タンパク質で識別した。

Bacteria and yeasts are suitable model organisms to understand the fundamental mechanisms on cell proliferation. Our laboratory studies the mechanisms behind chromosome or 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.

- Chromosome separation mechanism in *E. coli* and *B. subtilis* cells
- Synthetic pathway of pantothenic acid in *E. coli* cells
- Genetic analysis on *S. japonicus* chromosomal and nuclear envelope segregation
- Analysis of Pim1/RCC1 that is a RanGEF in *S. japonicus*
- Hyphal growth mechanism and photoresponse mechanism in *S. japonicus* yeast

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適宜に取り扱い、染色体やプラスミドDNAが動く仕組み、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、このような細胞観察に適したジャポニカス分裂酵母は菌糸増殖と細胞周期のモデル細胞として適しており、酵母から菌糸に転換する遺伝的制御が次々と明らかになってきています。

- 大腸菌と枯草菌における染色体の分配機構
- 大腸菌におけるパントテン酸合成経路の制御機構
- ジャポニカス分裂酵母の染色体・核膜動態因子の解析
- ジャポニカス分裂酵母のRanGEFであるPim1/RCC1の機能解析
- ジャポニカス分裂酵母の菌糸形成の誘導機構、光応答機構

大腸菌/バイオリソース <http://www.shigen.nig.ac.jp/ecoli/strain/top/top.jsp>
枯草菌/バイオリソース <http://www.shigen.nig.ac.jp/bsub/>

Microbial Genetics Laboratory 原核生物遺伝研究室

Niki Group 仁木研究室

<http://www.nig.ac.jp/labs/MicroGen/>



NIKI, Hironori
Professor
仁木宏典 教授



AOKI, Keita
Assistant Professor
青木敬太 助教

Publications

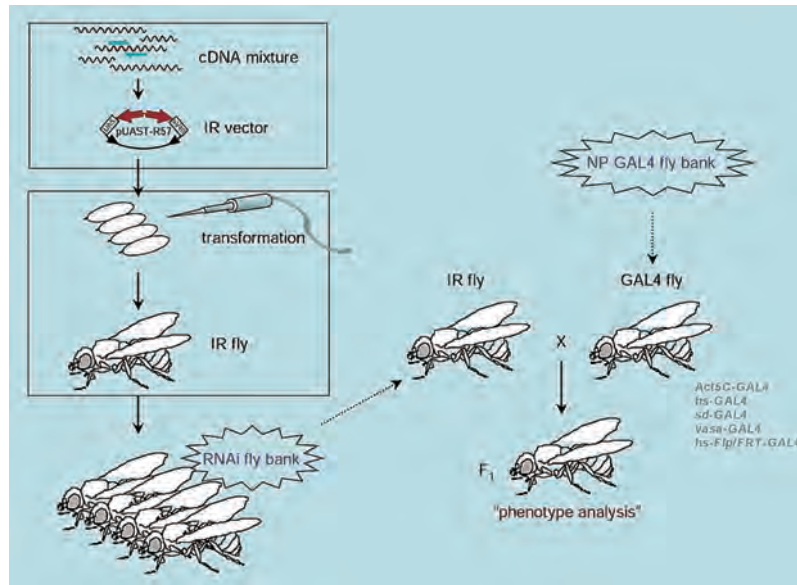
Niki, H. (2014). *Schizosaccharomyces japonicus*: the fission yeast is a fusion of yeast and hyphae. *Yeast* 31, 813-890.

Aoki, K., Shiwa, Y., Takada, H., Yoshikawa, H., and Niki, H. (2013). Regulation of nuclear envelope dynamics via APC/C is necessary for the progression of semi-open mitosis in *Schizosaccharomyces japonicus*. *Genes Cells* 18, 733-752.

Okamoto, S., Furuya, K., Nozaki, S., Aoki, K., and Niki, H. (2013). Synchronous activation of cell division by light or temperature stimuli in the dimorphic yeast *Schizosaccharomyces japonicus*. *Eukaryot Cell* 12, 1235-1243.

Comprehensive analyses of genome function in *Drosophila*

RNAi 変異体を使ったゲノム機能の体系的解析



Although the entire human genome sequence has been determined, real functions of human genes are far from being completely understood. *Drosophila* has a total of 15,000 genes which is about half of the genes found in humans but a large amount of these genes (approx. 70%) were discovered to have similar functions and shows significant homology to humans. We are planning to investigate the function of fly genes comprehensively as a suitable model for studying the functional genomics of multicellular organisms.

The RNAi is one of the post-transcriptional gene silencing phenomena, in which double-stranded RNA produced within host cells can effectively inhibit host gene expression in a sequence-specific manner. By combining with GAL4-UAS gene expression system, we can utilize the RNAi for knocking down gene expression in a target cell or tissue at a specific developmental stage. We are trying to construct inverted repeat transgenes and to establish transgenic fly lines covering almost genes in *Drosophila*. This RNAi mutant fly library is now providing us a fundamental tool for understanding gene functions and genetic networks working in the fly individuals.

ショウジョウバエの遺伝子はおよそ1万5千個と推定され、その70%はヒト遺伝子と相同です。これらの遺伝子を壊すと生体どのような影響が現れるのか、お互いがどのように協働して生体の機能を担っているのか、ヒト遺伝子の機能を知るためにもハエを使った包括的な遺伝学的解析が望まれています。

私たちはショウジョウバエの全遺伝子についての変異体を作製し、遺伝子の機能を網羅的に解析する系を作りました。方法はRNAiです。RNAiとは、二本鎖RNAが細胞内で配列特異的に遺伝子の機能を阻害する現象です。ターゲットする遺伝子の断片を逆向き反復配列の形でベクターに組み込み、ハエの染色体に導入して形質転換ハエを作ります。GAL4-UAS遺伝子強制発現法を利用して、狙った細胞や組織で二本鎖RNAを細胞内で発現させ、配列特異的に遺伝子の機能を阻害します。このようにして構築したRNAi変異体バンクは、個体レベルでの遺伝子機能の理解や遺伝子間のネットワークを明らかにするための有用なツールであり、多くの共同研究が進められています。

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

Ueda Group 上田研究室

<http://www.nig.ac.jp/section/ueda/ueda-j.html>

UEDA, Ryu
Professor
上田 龍 教授



KONDO, Shu
Assistant Professor
近藤 周 助教

Publications

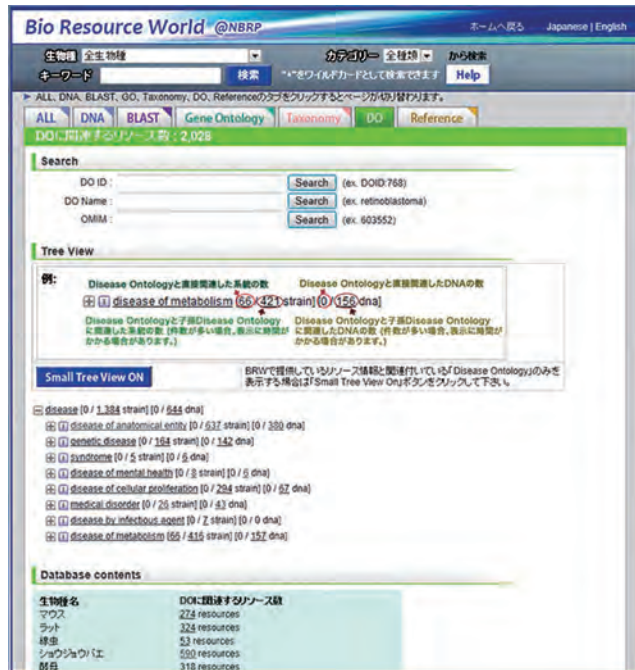
Kondo, S., and Ueda, R. (2013). Highly improved gene targeting by germlinespecific Cas9 expression in *Drosophila*. *Genetics* 195, 715-721.

De Graeve, F.M., Van de Bor, V., Ghiglione, C., Cerezo, D., Jouandin, P., Ueda, R., Shashidhara, L.S., and Noselli, S. (2012). *Drosophila* *apc* regulates delamination of invasive epithelial clusters. *Dev. Biol.* 368, 76-85.

Kondo, S., and Perrimon, N. (2011). A genome-wide RNAi screen identifies core components of the G2-M DNA damage checkpoint. *Sci. Signal* 4, rs1.

Sophisticated utilization of biological resource information

遺伝資源情報の高度利用に関する研究



National BioResource Project – Integrated BioResource Database (BRW)- The BRW provides access to a collection of 6.3 million records on biosources and supports summary browsing, keyword searching, and searching by DNA Sequences, gene ontology, disease ontology, or references. ナショナルバイオリソースプロジェクト総合検索サイト (BRW)- 全リソース約630万件を、keyword、sequence、gene ontology、diseaseontology、Referenceなどで検索することができる。

It is important to have an intelligent data retrieval system to extract meaningful information from huge amount of data through the internet. One of the solutions is to use ontology. The term “ontology” means a structure of concepts. The use of ontology enables data which were originally defined differently to be compatible on a conceptual level. By applying various biological ontologies such as gene ontology, plant ontology and disease ontology to biological resource databases, we have been developing an advanced retrieval system that allows users to conduct cross species search for experimental resources.

インターネットから入手できるデータ量は膨大ですが、かならずしも知識量の増加にはつながりません。意味のある情報の抽出には工夫が必要です。「概念の構造化 (=オントロジー)」とは、実験系や材料、学問の背景などが異なるためそのままでは同じ土俵で比較できない情報を、様々な概念レベルで整理して有効に利用しようという考え方です。

当研究室では遺伝資源情報の整理にこの方法を応用し、生物種によってバラバラに記載されている情報を統合的かつ様々な視点から生物種横断的に利用できるようなシステムを開発しています。

- Database construction of biological resources
- Developing cross-species data retrieval system
- Construction and utilization of biological ontologies
- Gene annotation

- 実験研究用バイオリソースのデータベース構築
- 生物種横断的利用システムの開発
- 生物系オントロジーの構築と利用
- 遺伝子情報のアノテーション



YAMAZAKI, Yukiko
Associate Professor
山崎由紀子 准教授

Publications

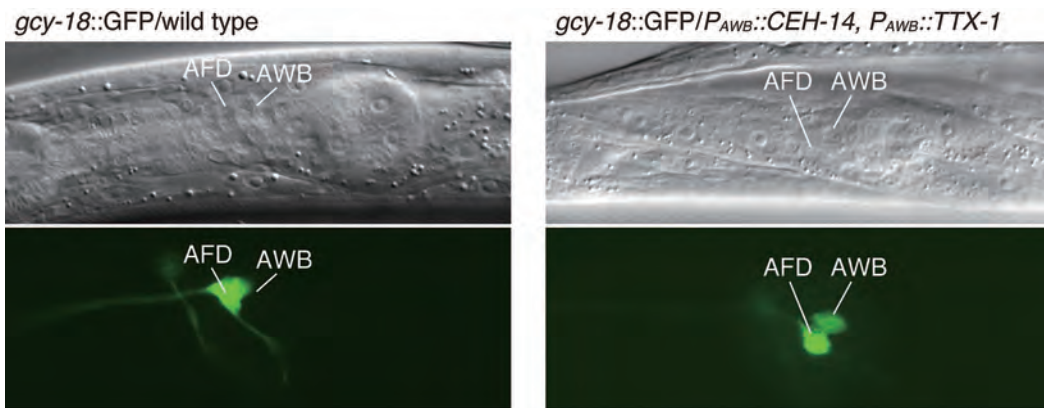
Kurata, T., Nakanishi, S., Hashimoto, M., Taoka, M., Yamazaki, Y., Isobe, T., and Kato, J. (2014). Novel Essential Gene Involved in 16S rRNA Processing in *Escherichia coli*. *J. Mol. Biol.* 427, 955-965.

Shimada, T., Yamazaki, Y., Tanaka, K., and Ishihama, A. (2014). The Whole Set of Constitutive Promoters Recognized by RNA Polymerase RpoD Holoenzyme of *Escherichia coli*. *PLoS ONE* 9, e90447.

Laurel, C. *et al.* (2013). The Plant Ontology as a Tool for Comparative Plant Anatomy and Genomic Analyses. *Plant and Cell Physiology* 54, 2.

Genome biology of *C. elegans* development

線虫発生ゲノム生物学



Gene expression regulation in nerve cells of the nematode *C. elegans*

We have identified the regulatory sequence for the gene *gcy-18* that is expressed only in the thermo-sensory neuron AFD: The regulatory sequence drove the GFP reporter only in AFD (Fig. left). We have also revealed that a pair of homeobox transcription factors (TFs) CEH-14 and TTX-1 is necessary and sufficient for the proper expression of *gcy-18* in another thermo-sensory neuron AWB (Fig. right).

線虫 *C. elegans* の神経細胞での遺伝子発現調節

温度感受神経細胞 AFD だけに発現する遺伝子 *gcy-18* の転写制御に必要な配列を明らかにしました。この配列に GFP レポーターをつなぐと AFD だけで発現が見られます (図左)。この発現には、一組のホメオボックス転写因子 CEH-14 と TTX-1 が同時に働くことが必要不可欠なことがわかりましたが、さらに、これらを異所発現させることにより AFD とは別の感覚神経 AWB でも *gcy-18* が発現したことから (図右)、AFD における *gcy-18* の発現には、転写因子 CEH-14 と TTX-1 の協調的な働きが必要かつ十分であることがわかりました。

We are performing a systematic analysis of expression and function of the genome of the nematode *C. elegans*, aiming at understanding of the genetic program for development. We have already identified 14,000 genes through EST project, and have analyzed their expression patterns by using of whole mount in situ hybridization and their function by RNAi. All the information has been integrated in NEXTDB <http://nematode.lab.nig.ac.jp/>. Based on the information, we are conducting the following studies;

- Mechanisms of localization and translational control of maternal mRNAs
- Clustering analysis of gene expression patterns
- Functional analysis of microRNAs
- Systematic identification of regulatory elements of genes
- Comparative genomics using closely related nematodes

We are also organizing a supporting system for large-scale genome analysis in the academic domain.

「ゲノム情報から個体がどうやってできるのか？」そのメカニズム解明のために線虫 *C. elegans* を用いて研究を進めています。基盤的な情報を網羅的に得る作業と個別的な研究がバランスよく有機的に進むよう心がけています。基盤情報としては cDNA プロジェクトを出発点として全遺伝子の半分以上の約 14,000 遺伝子の発現パターンを明らかにしてきました。さらに RNAi、抗体作成などによって機能解析を進め、「どの遺伝子が、いつ、どの細胞で、何をしているか」というゲノムの発現・機能マップデータベース NEXTDB <http://nematode.lab.nig.ac.jp/> に統合化しています。これらの情報を最大限活用した個別研究では、以下のテーマで進めています。

- 細胞運命決定に関わる母性遺伝子の mRNA 局在や翻訳制御メカニズム
- 遺伝子発現クラスタリング解析と遺伝子カスケードの解析
- マイクロ RNA の機能解析
- 細胞特異的発現調節領域の同定と発生の遺伝子制御機構
- 近縁種の発生パターンと遺伝子発現パターンの比較解析

また、学術におけるゲノム分野の大規模解析支援体制構築を進めています。

Genome Biology Laboratory 生物遺伝資源情報研究室

Kohara Group 小原研究室

<http://www.nig.ac.jp/labs/GenBio/>



KOHARA, Yuji
Project Professor

小原雄治 特任教授



ANDACHI, Yoshiaki
Assistant Professor

安達佳樹 助教

Publications

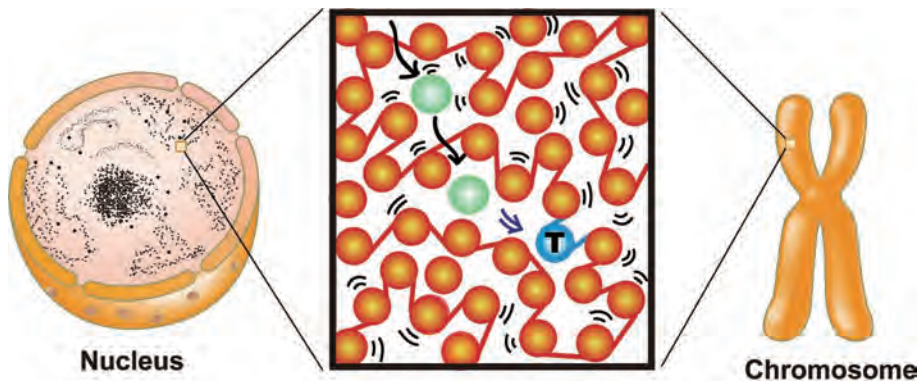
Kagoshima, H., and Kohara, Y. (2015). Co-expression of the transcription factors CEH-14 and TTX-1 regulates AFD neuron-specific genes *gcy-8* and *gcy-18* in *C. elegans*. *Dev. Biol.* 399, 325-336.




Sumiyoshi, E., Takahashi, S., Obata, H., Sugimoto, A., and Kohara, Y. (2011). The β -catenin HMP-2 functions downstream of Src in parallel with the Wnt pathway in early embryogenesis of *C. elegans*. *Dev. Biol.* 355, 302-312.

Mangone, M., Manoharan, A.P., Thierry-Mieg, D., Thierry-Mieg, J., Han, T., Mackowiak, S.D., Mis, E., Zegar, C., Gutwein, M.R., Khivansara, V., Attie, O., Chen, K., Salehi-Ashtiani, K., Vidal, M., Harkins, T.T., Bouffard, P., Suzuki, Y., Sugano, S., Kohara, Y., Rajewsky, N., Piano, F., Gunsalus, K.C., and Kim, J.K. (2010). The landscape of *C. elegans* 3'UTRs. *Science* 329, 432-435.

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



-  **Nucleosome (Fluctuated by Brownian motion)**
-  **Diffusing protein (e.g. transcription factor)**
-  **Target for the diffusing protein**

In the cell, chromatin (red balls) is irregularly folded. A chromatin fluctuation, driven by Brownian motion, facilitates chromatin accessibility and proteins (green ball) to target a certain site (blue ball).

クロマチン（赤いボールと赤線）が細胞の中に不規則に収納されている。クロマチンの揺らぎ（小刻みな動き）のおかげで、タンパク質（緑のボール）はより自由に動ける。この結果、ターゲット（青ボール）へたどり着きやすくなる。

Our research interest is to know how a long string of genomic DNA is three-dimensionally organized in the cell, and how the organized genome functions during cellular proliferation, differentiation, and development. We are using a novel combination of molecular cell biology and biophysics to elucidate 3D-organization and dynamics of human genome chromatin. Recently, we found that the chromatin in mammalian cells is irregularly folded without a 30-nm chromatin fiber. This kind of irregular folding has a high dynamics (chromatin fluctuation), and leads to advantage of various genome functions.

本研究室では、「ヒトゲノムDNAが細胞のなかに、三次元的にどのように折り畳まれ、そしてどのようにゲノムが機能しているのか？」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、さらにはマウス細胞を用いた発生分化・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分子ヌクレオソームイメージング、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。

- Analysis of chromatin structure and dynamics in live cells by single nucleosome imaging
- Structural study of nuclei and mitotic chromosomes by X-ray scattering
- Genome-wide study and epigenetics of higher-order chromatin change(s) during mouse cell differentiation
- Analysis of local chromatin function by a novel chromatin purification procedure

- 1分子ヌクレオソームイメージングを用いたクロマチンの構造とダイナミクスの解析
- X線散乱を用いたヒトクロマチンの高次構造解析
- マウス細胞をつかった細胞分化におけるクロマチンの高次構造変化とエピジェネティクス
- 新しいクロマチン精製法をもちいた局所的クロマチンの機能解析

Biological Macromolecules Laboratory 生体高分子研究室

Maeshima Group 前島研究室

<http://www.nig.ac.jp/labs/MacroMol/index.html>



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

Publications

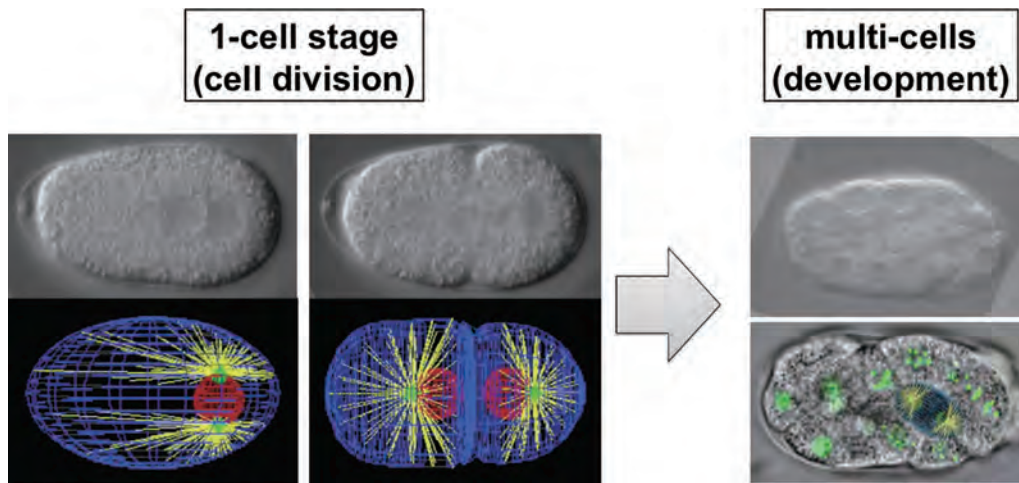
Maeshima, K., Imai, R., Tamura, S., and Nozaki, T. (2014). Chromatin as dynamic 10-nm fibers. *Chromosoma* 123, 225-237.

Hihara, S., Pack, C.G., Kaizu, K., Tani, T., Hanafusa, T., Nozaki, T., Takemoto, S., Yoshimi, T., Yokota, H., Imamoto, N., Sako, Y., Kinjo, M., Takahashi, K., Nagai, T., and Maeshima, K. (2012). Local nucleosome dynamics facilitate chromatin accessibility in living Mammalian cells. *Cell Rep.* 2, 1645-1656.

Nishino, Y., Eltsov, M., Joti, Y., Ito, K., Takata, H., Takahashi, Y., Hihara, S., Frangakis, A.S., Imamoto, N., Ishikawa, T., and Maeshima, K. (2012). Human mitotic chromosomes consist predominantly of irregularly folded nucleosome fibres without a 30-nm chromatin structure. *EMBO J.* 31, 1644-1653.

Understanding cell architecture through quantification and modeling

細胞建築学：定量計測とモデル構築をととして細胞構造を理解する



Our quantitative models on cell division at 1-cell stage (left) and on spindle elongation at different developmental stages (right) in *C. elegans*. The upper panels show actual *C. elegans* embryos and the lower panels show our models.

我々が製作した定量的模型。(左) 線虫1細胞期の細胞分裂。(右) 異なる発生ステージにおける紡錘体構造の伸長モデル。上側が実際の細胞の顕微鏡像で、下側が我々の模型を表しています。

Cells are the minimal unit of life, and are beautiful architecture in nature. One of the biggest mysteries in Cell Biology is ‘how a huge number of tiny macromolecules assemble into a cell with organized and dynamic structure that performs a harmonized function.’ To tackle this question, we are constructing quantitative 4-dimensional models of cells that explain and predict the structure and function of Cell Architecture. These models serve as compilation of our current understanding of the cell and, more importantly, clarify future questions to be addressed. We are using the nematode *Caenorhabditis elegans* embryo as a model system. The ongoing research projects are followings:

- Modeling the forces determining the intracellular positioning of the centrosomes
- Modeling the dynamics of intracellular organelles during oocyte-to-embryo transition
- Modeling the cell positioning during embryogenesis
- Prediction and measurement of the forces inside the cells

細胞は生命の最小単位であると同時に、自然が作り上げたみごとな建築物です。「どのようにして多くの小さな分子があつまって、細胞という調和のとれた構造体ができあがり機能するのか？」この問いに答えるために、我々は細胞の3次元な構造とその時間軸に伴う動きを再現し予測する「4次元模型」の製作を行っています。このような「模型」は、我々が細胞をどこまで理解できているかを表すだけでなく、我々に新たな問題を提示してくれます。我々は、線虫という生き物を実験材料としてつかって、以下のようなテーマに取り組んでいます。

- 細胞内の構造に重要な中心体の配置を支配する力の解析
- 卵細胞が胚へと転換する際の細胞内小器官の動きの解析
- 胚発生の際に、細胞の配置がどのように決定づけられるか
- 細胞内の力の予測と測定

Cell Architecture Laboratory 細胞建築研究室

Kimura Group 木村研究室

http://www.nig.ac.jp/labs/CelArchi/cell_archi_home.html



KIMURA, Akatsuki
Associate Professor
木村 暁 准教授



KIMURA, Kenji
Assistant Professor
木村健二 助教

Publications

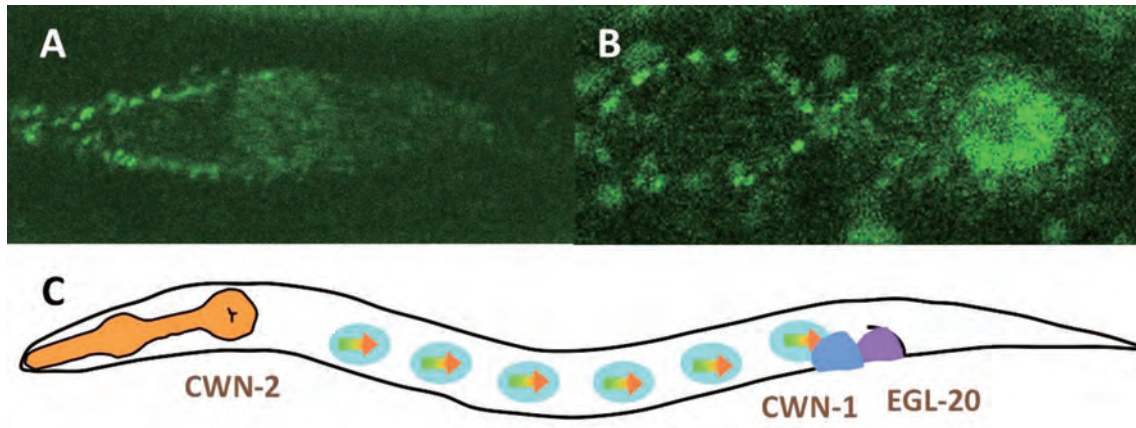
Kimura, A., Celani, A., Nagao, H., Stasevich, T., and Nakamura, K. (2015). Estimating cellular parameters through optimization procedures: elementary principles and applications. *Front. Physiol* 6, 60.

Hara, Y., Iwabuchi, M., Ohsumi, K., and Kimura, A. (2013). Intranuclear DNA density affects chromosome condensation in metazoans. *Mol. Biol. Cell* 24, 2442-2453.

木村健二, 木村暁 (2013). 細胞分裂の力学的理解. *細胞工学* 32, 280-284.

Mechanisms of asymmetric division in *C. elegans*

線虫を用いた非対称細胞分裂機構の研究



Asymmetric localization of β -catenin during an asymmetric division. The localization before the division (A) and at telophase of division (B). Arrowheads indicate cell boundary. Similar localization can be observed during most cell divisions in *C. elegans*. (C) Polarity orientation (arrows) of epithelial stem cells (light blue) is redundantly controlled by three Wnt molecules (CWN-1, CWN-2, EGL-20).

非対称分裂中の β カテニンの非対称な局在 (A) 分裂前の局在 (B) 分裂終期での局在 矢印は細胞の輪郭を示す。同様の局在は線虫のほとんどの細胞分裂時に観察される。(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。

Proper development of multicellular organisms requires organized production of a variety of cell types. Asymmetric cell division that produces daughter cells with distinct cell fates is a fundamental mechanism by which cellular diversity is produced. For example, a variety of stem cells undergo self-renewing asymmetric divisions. The nematode *C. elegans* is best-suited to study asymmetric division, because we can easily analyze cell lineages. By combining genetic and cell lineage analyses in *C. elegans*, we showed that asymmetries of a number of cell divisions that occur during development are controlled by Wnt signaling. We will elucidate how asymmetries of divisions are coordinately regulated to produce functional tissues and organs.

- Identification of genes involved in asymmetric cell division
- Elucidation of mechanisms of asymmetric cell division
- Elucidation of mechanisms that coordinate cell polarity
- Elucidation of mechanisms of cell invasion

多細胞生物体の構築には多種多様な細胞を秩序だてて作り出す必要があります。一つの細胞が分裂して生じた二つの娘細胞が異なる運命 (その後の分化、分裂などのふるまい) を持つ非対称細胞分裂は細胞の多様性を生み出す基本的な機構です。例えば幹細胞は非対称に分裂して幹細胞自身とより分化した細胞を作り出します。私たちは生きている状態で細胞の運命を観察することができる線虫をモデルとして用い非対称分裂のメカニズムを研究しています。また数多くの非対称分裂がどのように協調され機能的な細胞集団を作り出すのか研究しています。

- 非対称分裂に関与する遺伝子の同定
- 非対称分裂の制御機構の解明
- 細胞極性が協調される機構の解明
- 細胞浸潤の機構の解明

Multicellular Organization Laboratory 多細胞構築研究室

Sawa Group 澤 研究室

<http://www.nig.ac.jp/section/sawa/sawa-j.html>



SAWA, Hitoshi
Professor
澤 斉 教授



IHARA, Shinji
Assistant Professor
伊原伸治 助教

Publications

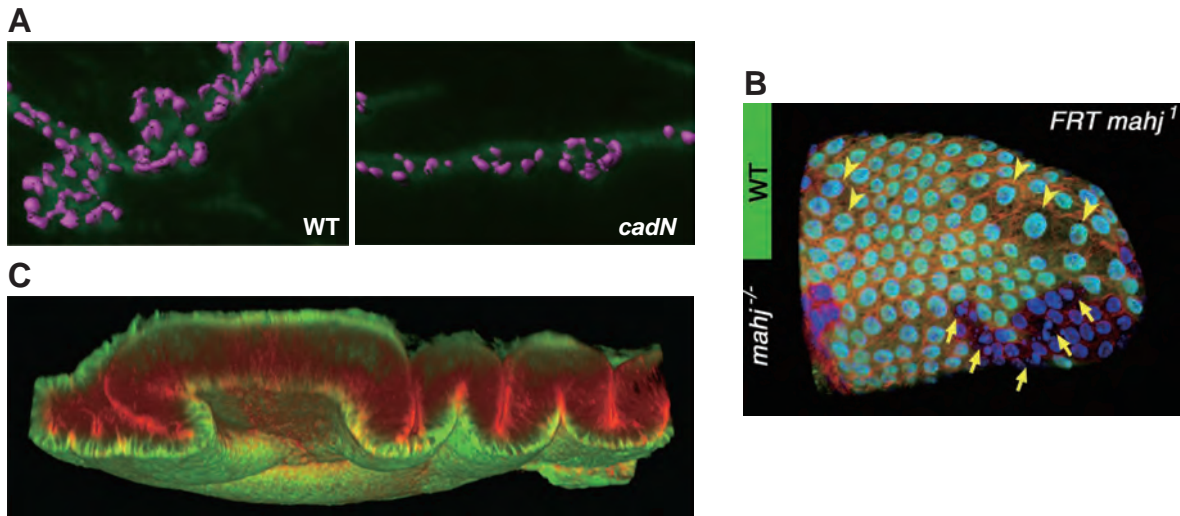
Ihara, S., Hagedorn, E. J., Morrissey, M. A., Chi, Q., Motegi, F., Kramer, J. M., and Sherwood, D. R. (2011). Basement membrane sliding and targeted adhesion remodels tissue boundaries during uterine vulval attachment in *C. elegans*. *Nature Cell Biology* 13, 641-51

Sugioka, K., Mizumoto, K., and Sawa, H. (2011). Wnt regulates spindle asymmetry to generate asymmetric nuclear β -catenin in *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 Genetics* 7, e1002308

Molecular genetic studies on cell structure – function relation using *Drosophila* as a model

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) Impairment in synapse (magenta) development of motoneuron terminals (green) by genetic mutation of a cell-adhesion protein (*cadN*). (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.

(A) 細胞接着タンパク質の遺伝子突然変異 (*cadN*) による運動神経終末 (緑) のシナプス (マゼンタ) 発達障害。(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。

Our laboratory is interested in relation of cellular fine structures and their functions. 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, the following projects are on going.

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。現在下記のテーマを中心に研究を行っています。

- Studies on the molecular and cellular mechanisms for formation, maintenance, and plasticity of the synapse
- Studies on the mechanisms for cell competition, compensatory cell proliferation and compensatory cell hypertrophy, in homeostasis of the tissue organization
- Studies on molecular and cellular mechanism for initiation of epithelial tumorigenesis

- シナプス形成・維持・可塑性の分子・細胞機構の研究
- 組織構築の恒常性維持における細胞競合、補償的細胞分裂、及び補償的細胞成長の制御機構の研究
- 上皮内腫瘍形成における極初期過程の細胞・分子メカニズムの研究

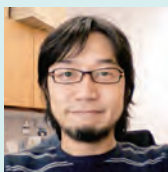
Gene Network Laboratory 遺伝子回路研究室

Suzuki Group 鈴木研究室

<http://www.nig.ac.jp/labs/GenNetwk/kairo-hp/home/index.html>



SUZUKI, Emiko
Associate Professor
鈴木えみ子 准教授



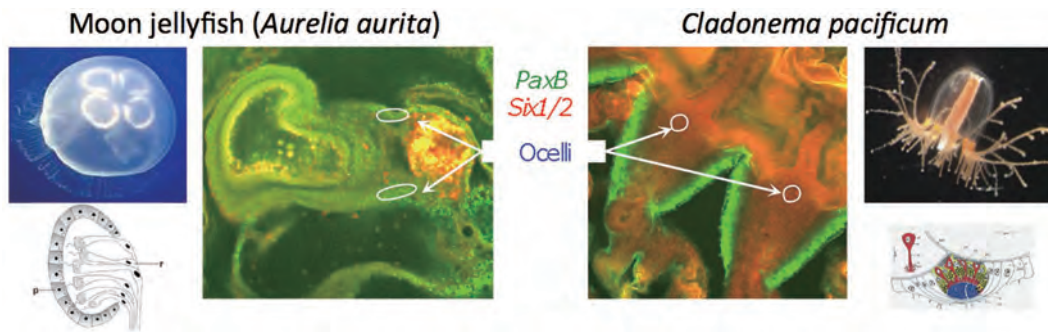
TAMORI, Yoichiro
Assistant Professor
田守洋一郎 助教

Publications

- Tamori, Y., and Deng, WM. (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 cell-intrinsic program during neuronal differentiation. *Dev. Biol.* 366, 204-217.
- Suzuki, E., Masai, I., and Inoue, H. (2012). Phosphoinositide metabolism in *Drosophila* phototransduction: A Coffee break discussion leads to 30 years of history. *J. Neurogenet.* 26, 34-42.

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



Expression of eye patterning genes, *paxB* and *six1/2* in two species of jellyfishes. While *pax6* is well known as a master control gene for eye formation, *six1/2* is also expressed in the area adjacent to ocellus and possibly takes a major role in the eye formation of these jellyfishes.

2種の刺胞動物における*paxB*と*six1/2*の発現。(左) ミズクラゲ、(右) エダアシクラゲ、Ocelli: 眼点。ミズクラゲはカップ眼、エダアシクラゲはレンズ眼を持つ。*pax6* (*paxB*) は動物全般において眼の形成を司るマスター遺伝子であるが、刺胞動物においては*six1/2*がより眼の近傍に発現しており、眼形成において重要な役割を果たしている可能性がある。

We have studied the evolutionary process for acquisition of novel phenotypic characters by comparative genomics and molecular evolutionary approaches, using various materials such as an animals or bacteria. Particularly, we have recently focused more on (1) Biodiversity and dynamics of marine microbes based on metagenomic analysis, (2) Evolutionary dynamics of gene expression profiles underling the evolution of central nervous system and sensory organs, (3) Molecular mechanism of endosymbiosis between hydra and algae and its evolutionary significance, (4) Evolutionary process of dosage compensation in *Drosophila*, and (5) Study of Bioinformatics by using big-data. In addition, we have tackled the following projects.

- Molecular analysis of coral-algal endosymbiosis
- Gene expression analysis of apical nervous system in sea urchin larvae
- Comparative genomic analysis of Japanese sea urchins
- Evolution of miRNA-mRNA pairs
- Comparative genomic analysis of cephalopods and the giant brain evolution
- Evolutionary process of acquisition of fungal septa in dikarya
- Developing pipelines for analyzing data from next-generation sequencers
- Establishing cloud computing system and its sophistication for structural life science

本研究室では、生物が新規の形質や特性を獲得するための分子基盤とその進化過程の解明を目指し、動物や細菌など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用いた様々な研究を行っています。特に(1)メタゲノム解析を用いた海洋微生物の多様性とダイナミクスの解明、(2)中枢神経系や感覚器の起源と進化に伴う遺伝子ネットワーク変化の解明、(3)ヒドラ-緑藻間の細胞内共生の分子機構の解明とその進化的意義、(4)シヨウジョウバエにおける遺伝子量補償機構の進化過程の解明、(5)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。また、以下のような研究課題にも取り組んでいます。

- 造礁性サンゴと褐虫藻の細胞内共生メカニズムの解明
- 次世代シーケンサーを用いたウニ幼生頂上神経系の遺伝子発現解析
- 日本産ウニ類の比較ゲノム解析
- miRNA-mRNA ペアの進化過程解明
- 頭足類比較ゲノムに見る巨大脳進化のメカニズム
- 隔壁形成がもたらす二核菌界の進化
- 次世代シーケンサーから得られた配列情報の解析手法のパイプライン開発
- 構造生命科学データクラウドの構築運用と高度化

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

Ikeo Group 池尾研究室

<http://www.nig.ac.jp/labs/DnaData/index.html>



IKEO, Kazuho
Associate Professor
池尾一穂 准教授



NOZAWA, Masafumi
Assistant Professor
野澤昌文 助教

Publications

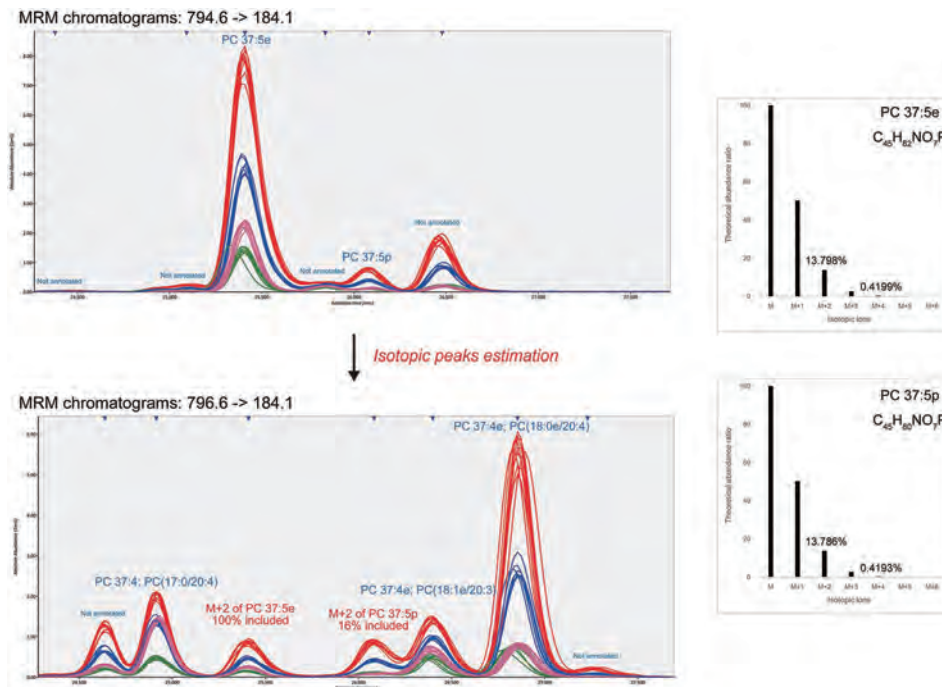
Monma, N., Gojobori, T., and Ikeo, K. (2014). Human genome network platform: a resource for TFRN analysis. *Methods Mol. Biol.* 1164, 147-162.

Liu, QX., Wang, XF., Ikeo, K., Hirose, S., Gehring, WJ., and Gojobori, T. (2014). Evolutionarily conserved transcription factor Aponic controls the G1/S progression by inducing cyclin E during eye development. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 111, 9497-9502.

Yu, Q., Li, XT., Zhao, X., Liu, XL., Ikeo, K., Gojobori, T., and Liu, QX. (2014). Coevolution of axon guidance molecule Slit and its receptor Robo. *PLoS ONE* 9, e94970.

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



Isotopic peaks of carbon is useful for metabolite identification in the MRM analysis (Figure is copied from Tsugawa *et al.* 2015 *Frontiers in Genetics* (open access) 5:471)

質量分析計を用いたMRM解析結果において炭素の同位体情報が代謝物の同定に使えることを示した図 (Tsugawa *et al.* 2015 *Frontiers in Genetics* (open access) 5:471 から転載)

Our activity is summarized as metabolic network analysis using genomics and metabolomics (this word comes from 'metabolism'). Biological species we focus are wide: from lactobacilli and microalgae to higher plants and mice. Our research goal is to clarify how various metabolites are synthesized and utilized 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.

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。対象とする生物種は幅広く、乳酸菌や微細藻類から、高等植物やマウスまで扱っています。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。

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

Arita Group 有田研究室

<https://sites.google.com/site/aritalab/>



ARITA, Masanori
Professor
有田正規 教授

Publications

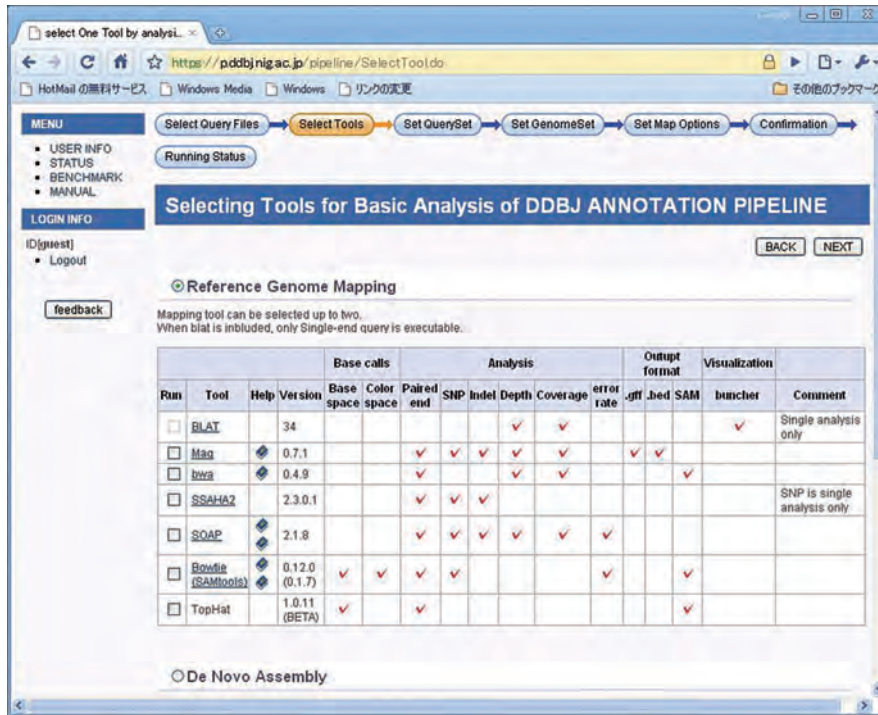
Tsugawa, H., Ohta, E., Izumi, Y., Ogiwara, A., Yukihira, D., Bamba, T., Fukusaki, E., and Arita, M. (2015). MRM-DIFF: data processing strategy for differential analysis in large scale MRM-based lipidomics studies. *Front. Genet.* 5, 471.

Hasegawa, Y., and Arita, M. (2014). Optimal implementations for reliable circadian clocks. *Phys. Rev. Lett.* 113, 108101.

Tsugawa, H., Kanazawa, M., Ogiwara, A., and Arita, M. (2014). MRMPROBS suite for metabolomics using large-scale MRM assays. *Bioinformatics.* 30, 2379-2380.

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



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

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

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 “TogoAnnotation” 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.

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。これ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。

Genome Informatics Laboratory 大量遺伝情報研究室

Nakamura Group 中村研究室

<http://charles.genes.nig.ac.jp/>NAKAMURA, Yasukazu
Professor
中村保一 教授KAMINUMA, Eii
Assistant Professor
神沼英里 助教

Publications

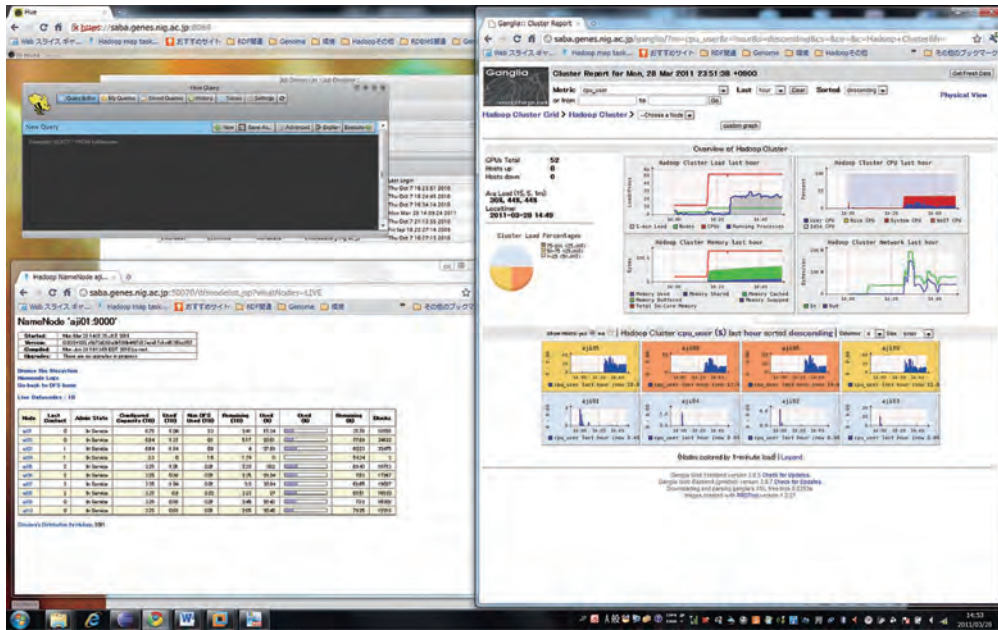
Kodama, Y., Mashima, J., Kosuge, T., Katayama, T., Fujisawa, T., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Takagi, T., and Nakamura, Y. (2015). The DDBJ Japanese Genotype-phenotype Archive for genetic and phenotypic human data. *Nucleic Acids Res.* 43 (Database issue), D18-22.

Iida, N., Yamao, F., Nakamura, Y., and Iida, T. (2014). Mudi, a web tool for identifying mutations by bioinformatics analysis of whole-genome sequence. *Genes Cells* 19, 517-527.

Fujisawa, T., Okamoto, S., Katayama, T., Nakao, M., Yoshimura, H., Kajiya- Kanegae, H., Yamamoto, S., Yano, C., Yanaka, Y., Maita, H., Kaneko, T., Tabata, S., and Nakamura, Y. (2014). CyanoBase and RhizoBase: databases of manually curated annotations for cyanobacterial and rhizobial genomes. *Nucleic Acids Res.* 42 (Database issue), D666-70.

Large scale data processing methods of genome data and 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



Data processing tests using Hadoop distributed environment

Hadoopを利用した分散データ処理のテスト

We have been conducting application study of parallel-distributed computing technology and wide area distributed computing technology to genome data processing. We have also been carrying out a study for statistical classification and semantic disambiguation of large-scale unstructured text.

We conduct feasibility study for applying new parallel-distributed computing technology such as Hadoop and distributed key-value store to genome data processing. We conduct research to handle large genome data in distributed-memory type parallel cluster computer which has elasticity for rapid data growth in bioinformatics.

Most biomedical knowledge are not fully utilized because they are embedded in large unstructured databases, and also because they are written in free text with limited machine understandability. We are tackling the situation by exploiting the methodologies based on computer science.

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、およびバイオメディカル知識の非構造テキストデータの統計的意味的な解析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為の技術として、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（Hadoop、分散Key-ValueStore等）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為の研究を行っています。

バイオメディカル知識の多くは、未整理の大規模データ集合に埋もれており、機械で検索しにくい自然文で書かれているために十分に活用されているとは言えません。この課題に対し、情報検索・分類、自然言語処理の観点からの取り組みを行っています。

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

Takagi Group 高木研究室

<http://www.nig.ac.jp/section/tt/tt-j.html>



TAKAGI, Toshihisa
Professor
高木利久 教授

Publications

Hara, K., Suzuki, I., Shimbo, M., Kobayashi, K., Fukumizu, K., and Radovanovic, M. (2015). Localized Centering: Reducing Hubness in Large-Sample Data. In Proc. 29th AAAI Conference on Artificial Intelligence (AAAI), to appear, Austin, Texas, USA.

Kodama, Y., Mashima, J., Kosuge, T., Katayama, T., Fujisawa, T., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Takagi, T., and Nakamura, Y. (2014). The DDBJ Japanese Genotype-phenotype Archive for genetic and phenotypic human data. Nucl. Acids Res. 43, D18-D22.

Hara, K., Suzuki, I., Okubo, K., and Muto, I. (2014). Annotating Cohesive Statements of Anatomical Knowledge Toward Semi-Automated Information Extraction. In Proc. 6th International Conference on Knowledge Discovery and Information Retrieval (KDIR), pp. 324-327, Rome, Italy.

Knowledge discovery through genome-wide measurements

ゲノムワイドな測定からの知識発見

DNAデータベース (DDBJ/EMBL/GenBank=INSD) 総覧と検索

DNAデータベースをプロジェクト単位で閲覧、検索、分析、取得 詳細>>

トップ キーワード検索(プロジェクト検索) レコード検索() 実行&二元分類 配列検索(blastn): 実行&二元分類 登録データ数の全容 ダウ

すべてのレコード

生物群区分 (1049229) ヒト (1049229) 霊長 (68904) 霊長 (68904) 哺乳 (20650) 哺乳 (20650) 脊椎 (39851) 脊椎 (39851) 無脊椎 (66880) 無脊椎 (66880) 植物 (138950) 植物 (138950) バクテリア (102412) バクテリア (102412) ウイルス (45050) ウイルス (45050) ファージ (2222) ファージ (2222) 合成 (59257) 合成 (59257) 環境 (14072) 環境 (14072) 未分類 (69922) 未分類 (69922) すべて (681043) すべて (681043)

研究の型別分類 (143640) mRNA (143640) 機能RNA・RNAゲノム (20478) 機能RNA・RNAゲノム (20478) 免疫 (6445) 免疫 (6445) 複製 (154) 複製 (154) マーカー (170680) マーカー (170680) エクソン構造 (187936) エクソン構造 (187936) 集団 (44868) 集団 (44868) オルガネラ (1740) オルガネラ (1740) EST (10192) EST (10192) GSS (3298) GSS (3298) STS (1630) STS (1630) HTC (1390) HTC (1390) HTG (34068) HTG (34068) TSA (66) TSA (66) UNA (110) UNA (110) CON (1241) CON (1241) 特許 (197560) 特許 (197560) すべて (681043) すべて (681043)

全生物種 × すべての研究プロジェクト型

レコード数: 134,847,287 表示切替: 研究プロジェクト数: 681,043 登録国単位

3ヶ月ごとの登録数(研究プロジェクト)

研究プロジェクトの一覧
サイズ順 / 登録日順

| 研究プロジェクト名 | 例 | サイズ (レコード) | 比 (%) | バンク登録日 |
|---|----------|------------|-------|------------|
| 1 Genomic Resources generated in support of the Switchgrass Genome Sequencing Project | HR309293 | 185,557 | 1.45 | 2010-12-31 |
| 2 Translational genomics to underpin germplasm improvement for complex traits in crop legumes | HR235486 | 82,814 | 0.47 | 2010-12-31 |
| 3 Characterizing the walnut genome through analyses of BAC end sequences | HR182515 | 49,338 | 0.37 | 2010-12-31 |
| 4 Genome-wide BAC-end sequencing of <i>Cucumis melo</i> (マスクロンメロン) using two BAC libraries | HN291986 | 47,140 | 0.35 | 2010-12-31 |
| 5 Functional annotation of ESTs for yam anthracnose | HO898681 | 44,134 | 0.33 | 2010-12-31 |
| 6 DOE Joint Genome Institute Botryococcus braunii UTEX 572 EST project | HO867842 | 42,793 | 0.32 | 2010-12-31 |
| 7 A BAC-based physical map of zhonghua 11 (<i>sativa</i> L. ssp. <i>japonica</i>) integrated with flanking sequence of T-DNA insertion mutant, for intra-subspecies comparison and gene isolation | GS590267 | 35,919 | 0.27 | 2010-12-31 |
| 8 Functional genomics in sea lice | HO666891 | 35,577 | 0.26 | 2010-12-31 |

DNA database (DDBJ/EMBL/GenBank) overview and search. This enables the DNA databases are browsed and searched in terms of research projects.

DNAデータベース (DDBJ/EMBL/GenBank) 総覧と検索。DNAデータベースを研究プロジェクト単位で閲覧・検索することができる。

1. Sharing and Integration of Data and Knowledge in Life Science: Science in the 21st century will be developed through discovery from digitized data sampled from complex phenomena. There, data integration is inevitable, but there are several pragmatic problems in dealing with scientific data. Being involved in the administration of data sharing for DNA sequence (DDBJ) and for literature and observatory data (DBCLS), we will find new technologies and resources necessary for sharing and integration of data and knowledge.
2. Theoretical studies of gene expression evolution: Gene expression evolution has long been hypothesized to serve as a bridge from molecular to phenotypic evolution. The advent of genome-wide gene expression profiling techniques have prompted the studies of this field, but some conflicts have arisen in the interpretation of the observations caused by the lack of definite theoretical models and the use of inadequate analogies of molecular evolution. We are constructing theoretical models of gene expression evolution which provides consistent explanations of the pattern in the observations.

1. データおよび知識の統合に関する研究：今世紀の科学は生命科学に限らず複雑な現象のデジタル観測に始まる発見科学です。データ (文献データを含む) の多角的組み合わせによる発見には、データの自在な統合が必要になります。データ統合は研究室を超えて行われるため、統合には意味上、形式上、社会制度上の課題が存在します。DDBJおよび統合DBセンターに参加しながら、実際の統合に生じる問題に取り組み、その解決法や再利用可能な資源を作成しています。
2. 遺伝子発現の進化モデルの構築：遺伝子発現進化は形態進化と分子進化をつなぐための鍵と考えられていますが、遺伝子発現進化の観測結果の解釈はまちまちでした。その理由は遺伝子発現進化の明確なモデルが存在せず、配列の分子進化のアナロジーを用いて解釈されていたためと考えられます。そこで我々はこれまでの観察を統一的に説明する遺伝子発現進化のモデルの構築を行っています。

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

Okubo Group 大久保研究室

<http://www.nig.ac.jp/section/okubo/okubo-j.html>



OKUBO, Kousaku
Professor
大久保公策 教授



OGASAWARA, Osamu
Assistant Professor
小笠原 理 助教

Publications

Kodama, Y., Mashima, J., Kosuge, T., Katayama, T., Fujisawa, T., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Takagi, T., and Nakamura, Y. (2015). The DDBJ Japanese Genotype-phenotype Archive for genetic and phenotypic human data. *Nucleic Acids Res.* 43 (Database issue), D18-22.

Kosuge, T., Mashima, J., Kodama, Y., Fujisawa, T., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Takagi, T., and Nakamura, Y. (2014). DDBJ progress report: a new submission system for leading to a correct annotation. *Nucleic Acids Res.* 42 (Database issue), D44-99.

Ikumi, S., Kazuo, H., Masashi, S., Marco, S., and Kenji, F. (2013). Centering Similarity Measures to Reduce Hubs. In Proc. Conference on Empirical Methods in Natural Language Processing (EMNLP), pp. 613-623, Seattle, USA.

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



Picture of the animals whose genomes have been analyzed

比較ゲノム解析研究室でゲノム解読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：カンガルー 下右：オオコオモリ的一种

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. The figures in the left column show examples of such activities.

当研究室では、ヒトを含む霊長類から、生命研究上の重要生物種や極地などの極限環境に棲息する生物まで、ゲノム構造多様性の徹底的な解読を通じて生命現象の原理原則を理解することを目標に研究活動を行っています。

当研究室は、先端ゲノミクス推進センターと協力して最新のゲノム解読技術とインフォマティクスをコアとする先端ゲノミクス研究を進めており、多くの外部研究機関との共同研究を積極的に進めています。

当面の課題として、以下のテーマに取り組んでいます。

- ゲノムの特性と多様性の解明
- 共生や極限環境生物の多様性解析
- 新型シーケンサに関わる微量解析などの技術開発

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

Fujiyama Group 藤山研究室

<http://www.nig.ac.jp/section/fujiyama/fujiyama-j.html>



FUJIYAMA, Asao
Professor
藤山秋佐夫 教授



TOYODA, Atsushi
Project Associate Professor
豊田 敦 特任准教授

Publications

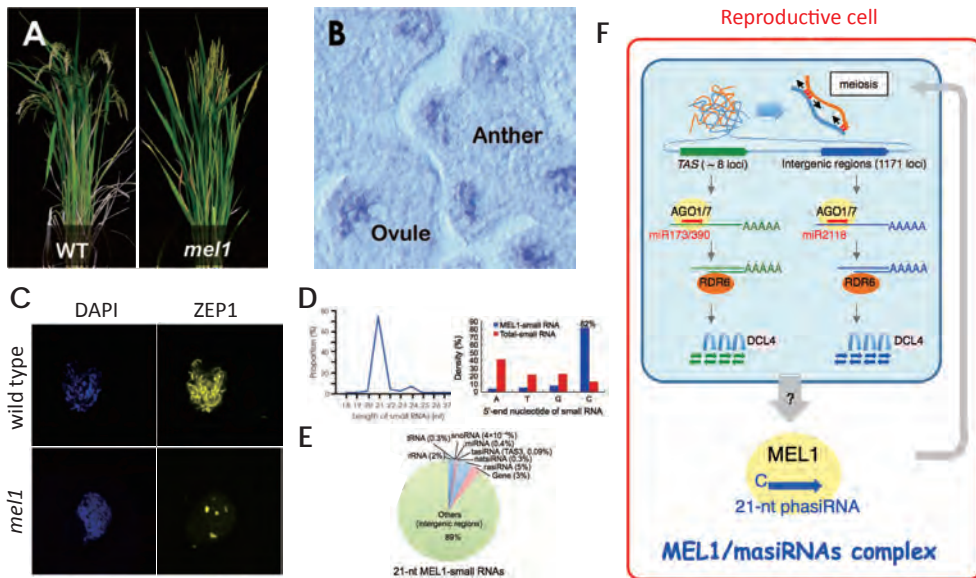
Takehana, Y., Matsuda, M., Myosho, T., Suster, M.L., Kawakami, K., Shin-I, T., Kohara, Y., Kuroki, Y., Toyoda, A., Fujiyama, A., Hamaguchi, S., Sakaizumi, M., and Naruse, K. (2014). Co-option of Sox3 as the male-determining factor on the Y chromosome in the fish *Oryzias danconra*. *Nat. Commun.* 5, 4157.

Nikaido, M., Noguchi, H., Nishihara, H., Toyoda, A., Suzuki, Y., Rei Kajitani, R., Suzuki, H., Okuno, M., Aibara, M., Ngatunga, B.P., Mzighani, S.I., Kalombo, H.W.J., Masengi, K.W.A., Tuda, J., Nogami, S., Maeda, R., Iwata, M., Abe, Y., Fujimura, K., Okabe, M., Amano, T., Maeno, A., Shiroishi, T., Itoh, T., Sugano, S., Kohara, Y., Fujiyama, A., and Okada, N. (2013). Coelacanth genomes reveal signatures for evolutionary transition from water to land. *Genome Research* 23, 1740-1748

Huang, X., Kurata, N., Wei, X., Wang, Z.X., Wang, A., Zhao, Q., Zhao, Y., Liu, K., Lu, H., Li, W., Guo, Y., Lu, Y., Zhou, C., Fan, D., Weng, Q., Zhu, C., Huang, T., Zhang, L., Wang, Y., Feng, L., Furuumi, H., Kubo, T., Miyabayashi, T., Yuan, X., Xu, Q., Dong, G., Zhan, Q., Li, C., Fujiyama, A., Toyoda, A., Lu, T., Feng, Q., Qian, Q., Li, J., and Han, B. (2012). A map of rice genome variation reveals the origin of cultivated rice. *Nature* 490, 497-501.

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



Meiosis is a central event of genetic inheritance, since it generates a new gene combination different from that of parents by homologous recombination. Meicytes of angiosperm species are produced by several rounds of mitotic division of primordial germ cells, which differentiate at hypodermis of anther (male) and pistil (female) primordia. How do plants differentiate and maintain germ cells subsequent to floral development, and how do they achieve meiosis? We aim to settle these questions by means of various techniques from cytological observation to molecular level analyses, mainly using rice mutants.

減数分裂は、両親の遺伝子が組換えによりシャッフルされ、新しい遺伝子組み合わせをもつ染色体が創出される、正に遺伝の根幹を為す現象です。被子植物の減数分裂細胞は、花の各器官の形成が完了した直後に、雄蕊および雌蕊の原基内部で分化する生殖始原細胞が数回の体細胞分裂を経ることにより形成されます。私たちは主にイネの突然変異体を用いて、植物の生殖細胞がどのように分化し、維持されて減数分裂に至るのかについて、細胞レベルの観察や分子レベルの解析など幅広い手法を駆使して研究しています。

- Analyses of causal genes for seed-sterile mutation
- Analyses of small RNA pathways promoting germ-cell development and meiosis
- Studies on the mechanisms controlling transition from mitosis to meiosis
- *Ex situ* conservation and distribution of wild rice accessions, and the use of them for genetic and evolutionary researches on reproductive events

- 種子不稔を生じる突然変異の原因遺伝子の同定と機能解析
- 生殖細胞発生・減数分裂の進行に寄与するsmall RNA経路の機能解析
- 体細胞分裂から減数分裂への移行を制御するメカニズムの解析
- 野生イネ系統の保存・提供と、遺伝学的・進化的な生殖研究への利用



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



TSUDA, Katsutoshi
Assistant Professor
津田勝利 助教

Publications

Komiya, R., Ohyanagi, H., Niihama, M., Watanabe, T., Nakano, M., Kurata, N., and Nonomura, K. (2014). Rice germline-specific Argonaute MEL1 protein binds to phasiRNAs generated from more than 700 lincRNAs. *Plant J.* 78, 385-397.

Nonomura, K., Eiguchi, M., Nakano, M., Takashima, K., Komeda, N., Fukuchi, S., Miyazaki, S., Miyao, A., Hirochika, H., and Kurata, N. (2011). A novel RNA-recognition-motif protein is required for premeiotic G1/S-phase transition in rice (*Oryza sativa* L.). *PLoS Genet.* 7, e1001265.

Yamaki, S., Nagato, Y., Kurata, N., and Nonomura, K. (2011). Ovule is a lateral organ finally differentiated from the terminating floral meristem in rice. *Dev. Biol.* 351, 208-216.

Large-scale chromatin structure and dynamics

クロマチンの高次構造とダイナミクス

Our research focuses on how chromatin folds into interphase and mitotic chromosomes, how chromosomes are organized and move within interphase nuclei, and how chromosome organization and dynamics impact DNA functions.

私たちはクロマチンがどのように間期や分裂期染色体に折り畳まれ、そして染色体がどのように組織化され、そのダイナミックな振る舞いが、DNAの機能に、どのように影響を及ぼしているのかに注目して研究をおこなっています。

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

Belmont Group Belmont 研究室


<http://mcb.illinois.edu/faculty/profile/asbel/>

BELMONT, Andrew S.
Visiting Professor (University of Illinois at Urbana-Champaign)
ベルモント, アンドリュー S.
客員教授 (イリノイ大学教授)

Chromosome folding

染色体の折りたたみ構造

To understand how long chromosomes are folded to fit inside the nucleus, we developed Chromosome Conformation Capture. Using this method we have started to uncover molecular and physical principles that determine chromosome folding.

染色体が折り畳まれるメカニズムを理解するために、Chromosome Conformation Capture 法を開発し、この方法をゲノムワイドで適用しています。染色体が折り畳まれるために必要な分子あるいは物理的な基本原理の理解が可能になります。

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

Dekker Group Dekker 研究室


<http://my5c.umassmed.edu/welcome/welcome.php>

DEKKER, Job
Visiting Professor (University of Massachusetts Medical School)
デッカー, ジョブ
客員教授 (マサチューセッツ医科大学教授)

Bacterial chromosome dynamics

バクテリア染色体の細胞内動態

Our mission is to understand the molecular process that determine chromosome organization in bacteria and how these relate to DNA replication, repair and recombination, and to chromosome segregation and cell division. We use high-resolution live-cell imaging.

私たちの研究目的は、バクテリアの染色体が折り畳まれる分子機構、さらにこれに関連した複製、修復、組み換え、さらに染色体分配や細胞分裂まで理解しようというものです。そのために高解像度の生細胞観察方法を活用しています。

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

Sherratt Group Sherratt 研究室


<http://www.bioch.ox.ac.uk>
<http://www2.bioch.ox.ac.uk/sherrattlab/>

SHERRATT, David
Visiting Professor (Professor, Oxford University)
シェラット, デヴィット
客員教授 (オックスフォード大学教授)

Choreography and genetic control of the DNA damage response

DNA 損傷応答の動的変化と遺伝学的制御

Our goal is to study of mechanisms underlying recognition & repair of DNA damage. We have been studying the formation of repair/recombination foci using time-lapse microscopy of multi-labeled cellular components in living cells.

我々の研究室ではDNA損傷の認識とその修復のメカニズムの解明を目指しています。DNAがダメージを受けると細胞内に修復に関わるタンパク質が「集合体」を形成します。その動態について生細胞中で解析しています。

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

Rothstein Group Rothstein 研究室


<http://www.rothsteinlab.com/>

ROTHSTEIN, Rodney
Visiting Professor (Professor, Columbia University Medical Center)
ロスステイン, ロドニー
客員教授 (コロンビア大学教授)

Neuronal circuits controlling innate behaviors

行動を制御する神経回路研究

The general goal of my laboratory is the development of the larval zebrafish as a model system for the comprehensive identification and examination of neural circuits controlling visually induced behaviors.

私たちは、ゼブラフィッシュ稚魚をモデルシステムとして、視覚によって誘起される行動を制御する神経回路を網羅的に同定し、解析することを目的として研究を行っています。

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

Engert Group Engert 研究室


<http://labs.mcb.harvard.edu/engert/>

ENGERT, Florian
Visiting Professor (Professor, Harvard University)
エンゲルト, フローリアン
客員教授 (ハーバード大学教授)

Brain circuit mapping and cell type characterization

脳回路のマッピングと神経細胞多様性の解析

We aim to unravel the diversity of neuronal cell types in the mouse visual circuits at molecular, anatomical and physiological levels, and their connectivity throughout the brain.

マウス視覚系回路における神経細胞の多様性を分子生物学的、解剖学的、生理学的に明らかにし、それらの神経細胞の脳全体における結合様式を解明することを目指しています。

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

Zeng Group Zeng 研究室



<http://alleninstitute.org/our-institute/our-team/profiles/hongkui-zeng/>

ZENG, Hongkui
Visiting Professor (Senior Director, Allen Institute for Brain Science)
ゼン, ホンクイ
客員教授 (アレン脳科学研究所シニアディレクター)

Computational population genomics

計算集団遺伝学

Analysis of genomic data to infer population demographic history and patterns of selection. Describe the effects of range expansions on neutral and functional genomic diversity.

ゲノムデータ解析による集団の人口変動と淘汰パターンの推定および、居住域拡大による中立進化と遺伝子の機能に関連したゲノム多様性への影響の解析を行っています。

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

Excoffier Group Excoffier 研究室



http://www.cmpg.lee.unibe.ch/content/about_us/researchers/laurent_excoffier

EXCOFFIER, Laurent
Visiting Professor (Professor, University of Bern)
エクスコフィエ, ローレント
客員教授 (ベルン大学教授)

Origin and evolution of new genes

新しい遺伝子の起源と進化

My research focuses on how genes with novel functions originate. We integrate molecular, genomic, and population analyses to study young genes to observe early processes of origination.

私の研究目標は、どうやって新しい機能を持った遺伝子が生まれてくるかを明らかにすることです。われわれは分子、ゲノム、集団の解析を通して、生まれて間もない「若い」遺伝子を観察し、研究を行っています。

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

Long Group Long 研究室



<http://longlab.uchicago.edu/?q=node/3>

LONG, Manyuan
Visiting Professor (Professor, University of Chicago)
龍 漫遠
客員教授 (シカゴ大学教授)

Epigenomic regulation in mammalian development

哺乳類の発生におけるエピゲノム制御

Each cell of the body has its own epigenome (chromatin modifications), which is critical for gene regulation. We study the mechanisms of epigenomic regulation in mammalian development.

身体を構成する様々な細胞はそれぞれ固有のクロマチン修飾 (エピゲノム) を持っており、これが遺伝子発現を制御しています。私たちは、哺乳類の発生と生殖におけるエピゲノムの制御機構について研究しています。

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

Sasaki Group 佐々木研究室



<http://www.biogre.kyushu-u.ac.jp/labo/epigenome/index.htm>

SASAKI, Hiroyuki
Visiting Professor (Professor, Kyushu University)
佐々木裕之
客員教授 (九州大学教授)

Evolution and function of DNA methylation

DNA メチル化の機能と進化

We study the evolution, mechanism, and biological function of eukaryotic DNA methylation and related chromatin pathways.

真核生物におけるDNAメチル化および関連したクロマチン経路について、その進化、制御機構、生物学的役割を研究しています。

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

Zilberman Group Zilberman 研究室

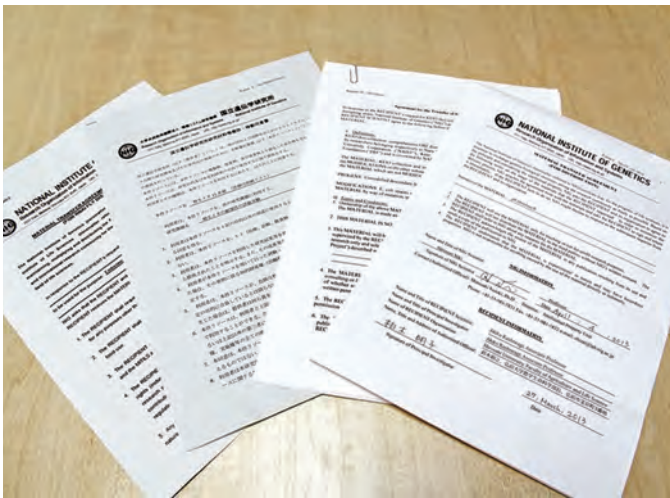


<http://dzlab.pmb.berkeley.edu/>

ZILBERMAN, Daniel
Visiting Associate Professor (University of California, Berkeley)
ジルバマン, ダニエル
客員准教授 (カリフォルニア大学バークレー校)

Communicate research findings at NIG with the outer world

研究成果の社会発信と成果を活かす方策を検討・実行



(2014年度実績)

| 知的財産 IP | 件数 QUANTITY |
|---------------------------------|----------------|
| 国内出願 Patent application | 3件 |
| 特許登録 Patent registration | 1件 |
| ライセンス契約 License agreement | 5件 |
| MTA Material Transfer Agreement | 1199件 |

Our mission is to promote and support the research of NIG researchers from the perspective of intellectual property and; to give back the benefits of research results to society by knowledge and technology transfers through the collaboration with societies, local communities, and industries.

We are mainly engaged in providing a full support to enable our researchers smoothly obtain materials and genetic resources from overseas and managing our intellectual property derived from research by patenting, maintaining, and licensing. We recently started to focusing on facilitating favorable environment for our researchers to collaborate with industries and developing an appropriate way to handle copyrights of digital contents.

We also play an active role as ABS Task Force Team for Academia to support and promote the research utilization of genetic resources.

知的財産室では、知的財産に関わる研究支援を担当し、社会連携、地域連携、産学連携などによる知識移転、技術移転を通し社会への研究成果の還元を行っています。特に、研究成果有体物や海外遺伝資源などのマテリアルの円滑な入手に関する支援、特許等の知的財産権の出願、権利化、ライセンスを行っています。最近では、より企業と連携をしやすい環境づくりや、デジタル関連の著作権についての対応などに力をいれています。

また、全国の大学における海外遺伝資源のアクセスと利益配分（ABS）のための対応のため、名古屋議定書学術対策チームとしての活動も行っています。

Intellectual Property Unit

知的財産室

<http://www.nig.ac.jp/labs/IntProp>


SUZUKI, Mutsuaki
Director

鈴木睦昭 室長

Publications

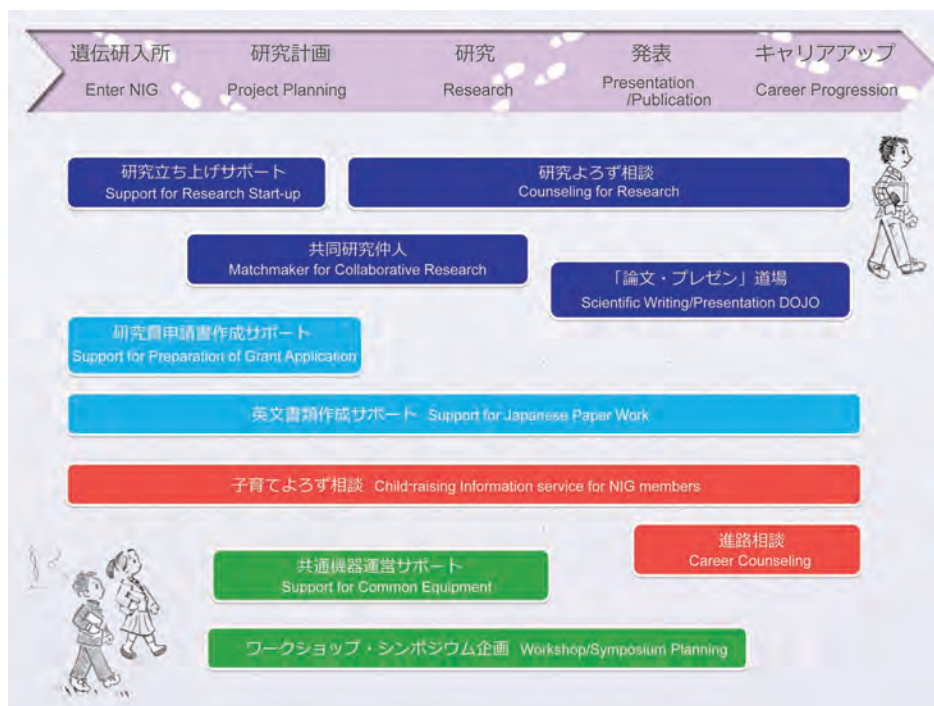
鈴木睦昭 (2014). 学術研究分野における名古屋議定書の国内措置検討の課題 植物科学最前線 5, 67-73.

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

鈴木睦昭 (2013). 遺伝資源のアクセスと利益配分に関する名古屋議定書の国内措置の現状-特に学術における課題について- Microbiol. Cult. Coll. 29, 113-120.

Strengthening and support of research

研究力の強化・支援



National Institute of Genetics (NIG) aims not only to conduct high quality research, but also to create new research fields for the future science and to nurture human resources that play key roles in this process. To contribute to this end, the Office for Research Development offers various help to those involved in research for further development of its research and research abilities.

Activities of our office include organizing workshops, mediate collaborative research, support preparation of manuscripts and scientific presentation, arrange international cooperation, and support research infrastructure such as operation of common equipment. We will also act as a “sounding board” on which you can try out your ideas on your research and research proposals. Synergizing with the superb research environment and the interactive atmosphere of NIG, we hope that our activities will be an additional appeal of the Institute.

遺伝研は、優れた研究をするだけでなく、未来のサイエンスを切り開く新分野の創造と、それを担う人材の育成を使命としています。リサーチ・アドミニストレーター室は、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に、さまざまなお手伝いをします。

私たちの活動の一環として、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のサポート、国際連携活動、共通機器の運用支援、などを行います。また、研究や研究費申請についての議論や助言を通して、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、研究所の新たな魅力となることを目指しています。

Office for Research Development

リサーチ・アドミニストレーター室

<http://www.nig.ac.jp/labs/ORD/index.html>

HIROMI, Yasushi
Director
広海 健 室長



KURUSU, Mitsuhiro
Research Administrator
来栖光彦
リサーチ・アドミニストレーター



SEINO, Hiroaki
Assistant Professor
清野浩明 助教

Writings and Talks

Hiromi, Y. (2015). “Present your science and present yourself --- tips on giving a talk” NIG-NTU Symposium, Taipei, Taiwan (2015.03)

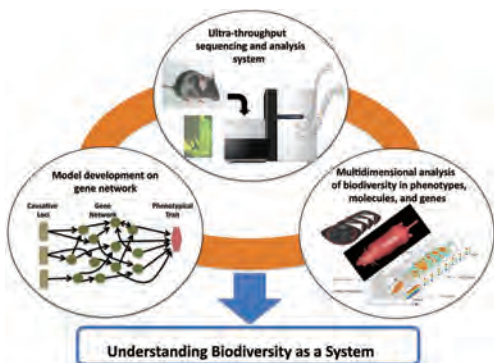
広海 健 (2014) “JREC-IN Portal and Beyond: 研究キャリア形成に有用なウェブツール” 実験医学増刊「今日から使える!データベース・ウェブツール 達人になるための実践ガイド100」32, 233-235.

伊東真知子 (2014) “学際研究の萌芽をいかに促すか: 生命科学の事例から” 研究 技術 計画 29, 144-159.

Systems Biology of Genetic Function

「遺伝機能システム学」プロジェクト

Systems biology is a data-centric inter-disciplinary study of genetics, informatics, and statistics focusing on complex interactions in biological phenomena. This project aims to describe multi-dimensional gene network systems that create biodiversity of organisms in gene expression, morphogenesis and behavioral pattern. Production of massive sequence, gene expression and phenotypic variation data of unique and rich genetic resources at the National Institute of Genetics (NIG), development of information technology at the National Institute of Informatics (NII), and of statistical modeling at the Institute of Statistical Mathematics (ISM) will be performed and be combined together to understand complex functional genetics network.



Development of analytical systems for revealing functional genetics network.
多角的表現型と遺伝因子群のネットワーク解析システムの構築

遺伝機能システム学は、多元的遺伝情報を遺伝学、情報学、統計学により統合的に解析し、複雑な生命・遺伝現象の原理やメカニズムをシステムとして理解することを目的としています。本プロジェクトでは、国立遺伝学研究所や参画機関が保有する自然および誘発変異を豊富に包含した遺伝資源を軸に、大量ゲノム配列多型情報、遺伝子発現多型情報、表現型多型や経時変化等の多次元・多様な遺伝因子の網羅的データを得ます。国立情報学研究所の情報処理技術、統計数理研究所の統計モデリング技術を駆使して、ゲノム機能と遺伝的ネットワークの抽出を行います。生物が持つ複雑な遺伝子(ゲノム)機能を、生物表現型や行動パターン、進化的変異などの高次連関システムとして読み解くことで、遺伝学、情報学、統計学を統合した生命現象の新たな解析の方法論の確立を目指します。

遺伝研で研究しているメンバー

Members at NIG

| | |
|---|---------------------------------------|
| HARUSHIMA, Yoshiaki Postdoc 春島嘉章 博士研究員 | KISO, Ayako Postdoc 木曾彩子 博士研究員 |
| WADA, Hironori Postdoc 和田浩則 博士研究員 | TANAVE, Akira Postdoc 田邊 彰 博士研究員 |
| MOCHIZUKI, Takako Researcher 望月孝子 研究員 | HORIUCHI, Yoko Researcher 堀内陽子 研究員 |

参画研究機関

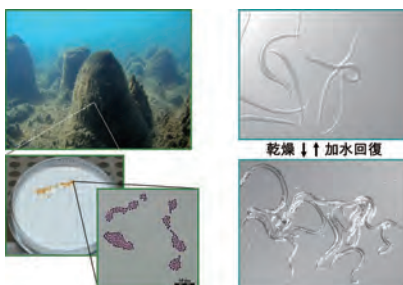
筑波大学、東京工業大学、愛知工科大学、政策研究大学院大学、早稲田大学、九州大学、電気通信大学、山形大学、大阪大学、高知大学、京都工芸繊維大学、首都大学東京、理化学研究所、東京大学、九州工業大学、慶應義塾大学、基礎生物学研究所、東北大学、新潟大学

Systematic Analysis for Global Environmental Change and Life on Earth (SAGE)

「地球生命システム学」プロジェクト

The interaction between life and the surrounding environment should have great impact on the evolution and diversity of life. "Systematic Analysis for Global Environmental Change and Life on Earth (SAGE)" project integrates researches on geoscience, bioscience and informatics in order to understand the life system on the earth. The Transdisciplinary Research Integration Center is responsible for SAGE project, collaborating with National Institute of Polar Research, the National Institute of Genetics, the Institute of Statistical Mathematics and the National Institute of Informatics, and several universities. We are currently approaching functional analysis of adaptation mechanisms to cold and dry environment, using microorganisms and nematodes isolated from Antarctica.

地球環境と生命活動の相互作用を調べることは、生物の進化や多様性を知る上で非常に重要です。そのためには、過去から現在までの地球環境の変動の解析データと各時代に生存していた生物学的解析データを融合し、情報学的な解析を行うことが必要になります。本プロジェクトでは、国立極地研究所が保有している極域の様々な試料から、国立遺伝学研究所が中心となって生物のゲノム情報を解析し、統計数理研究所の統計解析技術と国立情報学研究所のデータベース技術、さらにプロジェクト参加大学が得意とする各専門分野のネットワーク研究により生物の時間的な変遷と環境適応システムの解明をめざします。現在、我々は南極の微生物や線虫が低温で乾燥した環境に適応するためのメカニズムの解明に取り組んでいます。



[Left] Bacteria *Pseudomonas* sp. isolated from "Moss Pillar", ecosystem on bottom of an Antarctic lake. [Right] Desiccation tolerant Antarctic nematode *Plectus murrayi*.

[左] 南極の湖底で発見された「コケ坊主」生態系から分離された *Pseudomonas* 属細菌、[右] 強力な乾燥耐性を持つ南極線虫 *Plectus murrayi*

遺伝研で研究しているメンバー

Members at NIG

| | | |
|--|---|--|
| | | |
| YANAGIHARA, Katsuhiko Project Associate Professor 柳原克彦 特任准教授 | BABA, Tomoya Project Associate Professor 馬場知哉 特任准教授 | KAGOSHIMA, Hiroshi Postdoc 鹿兒島 浩 博士研究員 |

参加研究機関

国立極地研究所、国立遺伝学研究所、統計数理研究所、国立情報学研究所、北海道大学、筑波大学、千葉大学、東京工業大学、玉川大学、長浜バイオ大学、京都大学、京都府立大学、広島大学、海洋研究開発機構、東京大学、理化学研究所、新潟大学

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

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. Last year, 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.

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平成19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、昨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。



DBCLS SRA (<http://sra.dbcls.jp/>) is a highly organized index website of huge quantities of next-generation sequencing data available at public databases (SRA [NCBI], ENA [EBI], DRA [DDBJ]). Users can download NGS data after browsing, comparing, and selecting them in various aspects.

公共データベース (SRA [NCBI], ENA [EBI], DRA [DDBJ]) に登録された「次世代シーケンサ」データについて、さまざまな統計情報から閲覧、比較、データのダウンロードができる目次サイト DBCLS SRA (<http://sra.dbcls.jp/>)

遺伝研で研究しているメンバー

Members at NIG



Ono, Bono, Nakazato, Naito, Ohta (from left)

左から、小野、坊農、仲里、内藤、大田。

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





Intellectual Infrastructure • Collaborative Research

共同利用・共同研究

Genetic Resource Center

生物遺伝資源センター

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.

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、内閣府の日本医療研究開発機構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。

遺伝研のマウス系統
NIG Mouse Genetic Resources
www.shigen.nig.ac.jp/mouse/nig/



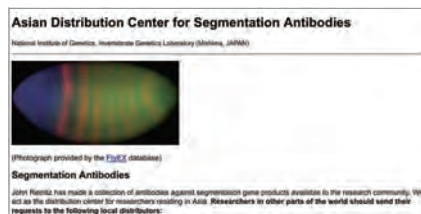
マウス系統間 SNP 情報
NIG Mouse Genome Database
molossinus.lab.nig.ac.jp/msmdb/



日本のマウス系統
Japan Mouse/Rat Strain Resources Database
www.shigen.nig.ac.jp/mouse/jmsr/



ショウジョウバエ・体節形成蛋白質抗体
Asian Distribution Center for Segmentation Antibodies
<http://www.shigen.nig.ac.jp/fly/nigfly/segmentationAntibodies/index.html>



遺伝研のヒドラ系統
Hydra Genetic Resources
www.nig.ac.jp/labs/OntoGen/keitou.html



ナショナルバイオリソースプロジェクト情報公開サイト
National BioResource Project HP
www.nbrp.jp



遺伝研のショウジョウバエ系統
NIG Fly Stocks
www.shigen.nig.ac.jp/fly/nigfly/



遺伝研の野生イネ系統データベース
NIG Wild Species of Rice; Strain Database
www.shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabaseV4/strain/wildCore/



遺伝研のゼブラフィッシュ 遺伝子・エンハンサートラップ系統
Zebrafish Gene trap & enhancer trap DB
kawakami.lab.nig.ac.jp/



イネ総合データベース
Integrated Rice Science Database
www.shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabaseV4/



遺伝研の大腸菌リソース
NBRP E.coli Strain
www.shigen.nig.ac.jp/ecoli/strain/



Advanced Genomics Center

先端ゲノミクス推進センター

NIG 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.

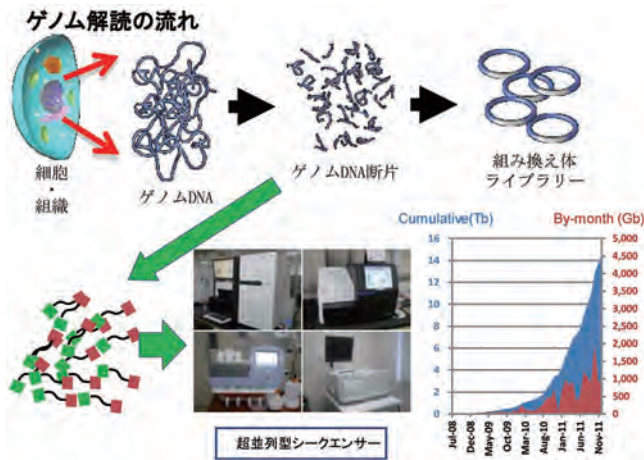
国立遺伝学研究所は、学術コミュニティからの大規模ゲノム解析の要望に応え、国内唯一のアカデミアDNA シークエンスセンターを運用してきました。この間、メダカゲノム、ホヤゲノム、原始紅藻ゲノムの構造決定や、各種の生物を対象としたcDNA 解析など多くの成果を上げています。

2011年10月に設立された先端ゲノミクス推進センターは、コミュニティからの高度なゲノム解読の要請に対し、最新のゲノム解析技術を基盤とした先端的ゲノム科学研究の共同利用・共同研究拠点として活動を進めています。

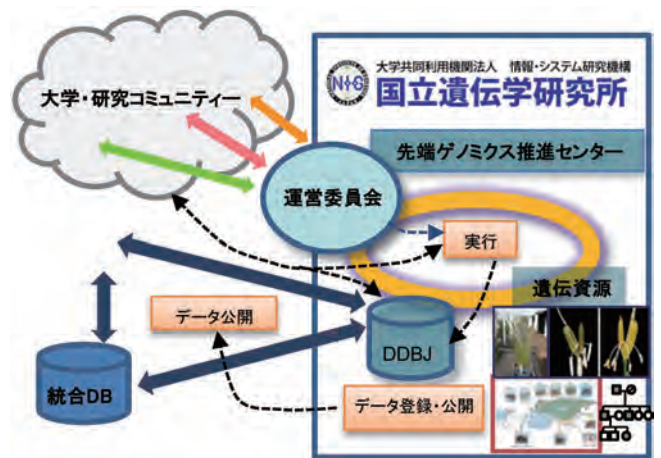
■ 大学や他の研究機関と連携して、さまざまな生物種のゲノムや遺伝子の配列解析を行っています

■ 先端ゲノミクス推進センターの活動

- 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
- 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
- 先端ゲノミクス分野の人材育成



■ 共同研究・共同利用の流れ

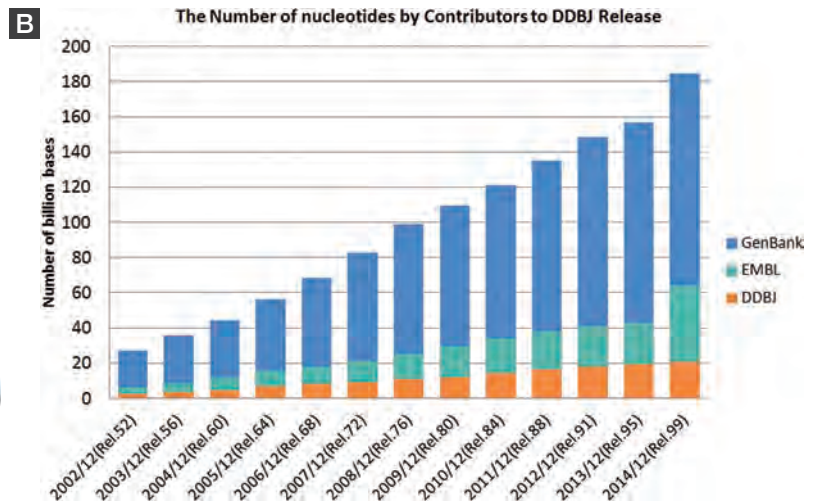
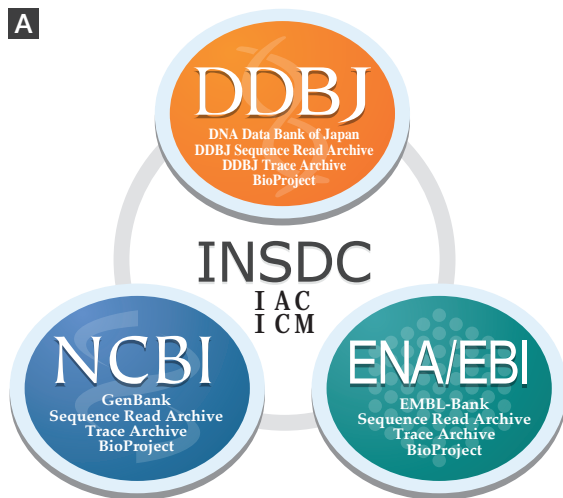


■ 先端ゲノミクス推進センターは、常に最先端の技術と情報をコミュニティに提供できるよう施設の整備を進めています。



DDBJ Center

DDBJセンター



DDBJ (DNA Data Bank of Japan) was established in 1987 and joined international data exchange and archiving scheme between NCBI and ENA/EBI. This tripartite collaboration is called INSDC (International Nucleotide Sequence Database Collaboration).

DDBJ, as well as NCBI and EBI, is serving as one of three data inlet and outlet to the "INSD".

DDBJ is reviewed and advised by its own advisory board and also by international advisory committee to INSDC (panel A).

In 2009, INSDC added a collaborative meeting to deal with mass sequence data produced by the "next" generation sequencers (Sequence Read Archive) and traces produced by traditional sequencers (Trace Archive).

Daily operation of DDBJ is performed by every about 10 bio-annotators and system engineers under staffs' supervision. Every year, sequence data are submitted to DDBJ by almost constant number of groups, 3,000~4000, for the last 10 years. It always consists about 10% of INSD records (panel B).

Since 1993, sequences related to patent claims are also submitted to DDBJ by Japan Patent Office because INSD is used as a framework of sequence data exchange among JPO, USTPO and EPO. In 2008, KIPO started to join this data sharing though DDBJ with help of Korean Bioinformatics Institute.

Researchers who use DDBJ to add their data in INSD have been mostly Japanese (>90% of Japanese submit the data to DDBJ), but recently researchers in neighboring countries also uses DDBJ to some extent.

In 2013, DDBJ started a controlled access database, Japanese Genotype-phenotype Archive (JGA) in collaboration with JST.

DDBJ (DNA Data Bank of Japan) は1987年に設立され学術論文や特許公報等を通じて公知にされる塩基配列データをすべて網羅し、世界の公共財として維持管理する国際学術事業を行っています。

この事業は、欧州のENA/EBIおよび米国のNCBIとの3者の協力体制で行われており、3者の間では受付後公開されるデータは毎日交換され、世界共通のデータベース『INSD国際塩基配列データベース』がつくられます。

またDDBJ事業は所外委員会であるDNAデータ研究利用委員会に加えてEBI, NCBI, DDBJがそれぞれ委嘱する外部委員会である国際諮問委員会によって監督されています (パネルA)。

2009年からいわゆる次世代シーケンサからの出力データを収集するSequence Read Archiveと従来のシーケンサからの出力データを収集するTrace ArchiveもINSDCのメンバーに加わりました。

DDBJの日々の事業は、受付査定・データ交換・データ更新・データ提供の4つの柱からなり教員の指導下で10数名ずつのエンジニアとアナテーターを中心に行われています。DDBJへは毎年3000~4000の研究グループがデータ登録し、件数では全INSDの10%強を占めています (パネルB)。

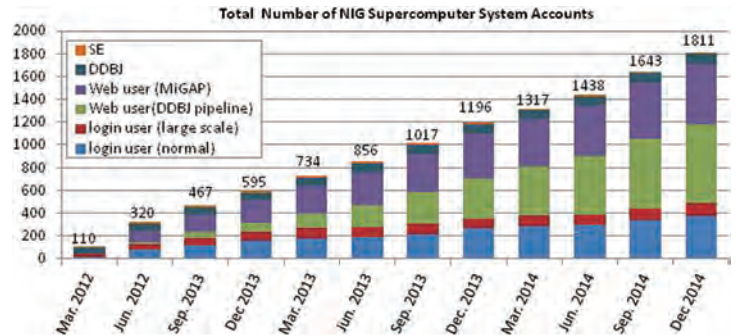
また日本・米国・欧州の特許庁の協力による特許配列の公開事業でも集積交換公開に国際塩基配列データベースが利用されており、日本に加えて韓国特許庁由来のデータも韓国バイオインフォマティクス研究所 (KOBIC) の協力でDDBJに登録されます。

DDBJへ登録する研究者は国内の研究者が中心ですが、アジア諸国や中近東の研究者も含まれます。

また、2013年より科学技術振興機構 (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) の運用を開始しています。

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



NIG operates a supercomputing system that serves as the infrastructure for building the International Nucleotide Sequence Database (INSD) and providing domestic researchers with computing resources as a member of the Inter-University Research Institute Corporation. Furthermore, beginning in 2013, NIG has opened its computing infrastructure to build the Japanese Genotype-Phenotype Archive (JGA), a controlled-access database containing genetic data and anonymized phenotype information of individuals.

NIG Supercomputer System features a specialized analysis environment for the field of life science and provides a rich set of public data. It includes a massive and fast storage system (using the Lustre file system) with 7 PB capacity that enables large-scale data analysis. The infrastructure is accessible from its state-of-the-art distributed memory computing system (thin computing nodes) and shared-memory computing system (medium and fat computing node). Further, there is a power-saving 5.5 PB storage disk for storing INSD and JGA data (refer to table below).

We are always open for user registration and users can login and use the next-generation sequencer analysis pipeline (DDBJ read annotation pipeline) and genome annotation pipeline for microbes (MiGAP). Please refer to the NIG supercomputer website (<http://sc.ddbj.nig.ac.jp>) for further details.

遺伝研は国際塩基配列データベース (INSD) 構築のための計算インフラの提供および大学共同利用機関として計算機資源を国内の研究者に提供すること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。また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となっています。大規模なデータ解析を可能とするために大型の高速ストレージシステム (Lustre ファイルシステム) 7PB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省電力ディスク 5.5PB を備えています。(下表参照)

ユーザー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 pipeline) および微生物の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 (<http://sc.ddbj.nig.ac.jp>) をご参照ください。

| 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 E5-2670x2 16 Core Memory 64GByte CPU Xeon E5-2680v2x2 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 x10 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 ディスク装置 (省電力領域) Electric power saving storage | バックアップ、アーカイブ用途 For archive or backup use. | 5.5 PByte |
| 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 | 7 PByte |

表1 2012年および2014年導入計算機システム概要 Table1: Computing system installed in 2012 and 2014

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 2014, 95 Collaborative Researches and 18 Research Meetings have been held and achieved excellent results.

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、従前より研究所の研究教育職員と研究所以外の研究者による「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、2014年度も計95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。

▶ Collaborative Research

共同研究

Based on the application from researchers outside NIG, NIG researchers collaborate with them for conducting the research on the subject of application. The following two categories are solicited for Collaborative Research: [A] and [B]. In Collaborative Research [A], travel and accommodation expenses are provided to visit NIG for conducting discussion and experiment. In Collaborative Research [B], travel, accommodation and research expenses are provided.

「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2種類に分けて募集を行っています。

「共同研究 (A)」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。

Identification of genetic polymorphisms that determine “animal personality” based on comparison of medaka inbred strain genomes using next-generation sequencing technology.

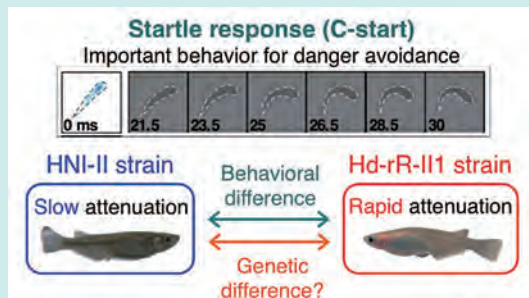
次世代シーケンサー技術を利用したメダカ近交系ゲノム比較による動物個性に関わる遺伝子多型の探索

Laboratory of Molecular Ethology,
Graduate School of Natural Science and Technology, Okayama University
Associate Professor, TAKEUCHI, Hideaki

岡山大学大学院
自然科学研究科分子行動学研究室
准教授 竹内秀明

Various animals exhibit intraspecific behavioral diversities. We found behavioral differences in attenuation of startle response among medaka inbred strains. We generated congenic lines and successfully narrowed down a genomic region for the behavioral trait.

(Written by Satomi Tsuboko)



動物は同じ種の中でも行動の多型を示すことがある。私たちはメダカの驚愕反応の「慣れやすさ」が、近交系によって異なることを発見した。形質に影響する遺伝子を探すため、「慣れやすい」系統のゲノムを背景に持ち、QTL解析での候補領域の一部を「慣れにくい」系統の配列で置き換えた複数のコンジェニック系統を作成し、領域を絞り込むことに成功した。(文：坪子理美)

Inter-strain difference in startle response
メダカの驚愕反応と近交系間での行動差

▶ Research Meetings

研究会



Based on the application from researcher outside of NIG, Research Meetings in small groups are held to exchange information. In each meeting, researchers actively discuss their subject.

「研究会」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比較的少人数で実施する研究集会です。各研究会では、活発な討論が行われています。

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。「共同研究 (A)」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。

共同研究 (A)

研究課題

- 1 超解像顕微鏡を用いた高次クロマチン構造尾検出
- 2 クロマチンにおけるDNA機能発現機構の解析
- 3 ニワトリDT40細胞を用いたmRNA品質管理と小胞体ストレス応答とのクロストーク機構の解析
- 4 哺乳類X染色体のヒストン修飾制御
- 5 ニワトリにおけるゲノムワイドなDNAシトシンのメチル化制御機構の解析
- 6 アセチル化ヒストンバリエーションH2A、Zアイソフォーム機能のゲノムワイド解析
- 7 DNA複製開始因子 - DNA修復酵素複合体のX線結晶構造解析
- 8 ヒト細胞を使った出芽酵母ARSの依存的複製系の開発
- 9 解糖系の亢進によるDNA損傷修復促進機構の解明
- 10 Screening of Gal4 enhancer and gene trap lines for studying visually-guided behavior in zebrafish
- 11 Modeling pediatric soft tissue sarcomas in zebrafish
- 12 Molecular basis for the selective somato-dendritic and neurohypophyseal oxytocin release on the zebrafish model
- 13 先天性関節拘縮症の発症原因解明に向けたゼブラフィッシュ疾患モデルの樹立
- 14 NGSデータ解析のための高性能なパイプラインの構築
- 15 Non-coding DNA evolution in *Drosophila*
- 16 Statistical models infer ancestral genomes
- 17 次世代シーケンサを利用した、パーソナルゲノム解析に基づくヒト遺伝性疾患の原因解明
- 18 患者由来iPS細胞を用いたコーデン病の原因遺伝子の研究
- 19 家族性ヒルシスプルング病遺伝子的解析
- 20 熱活性型トランスポソンの転移とその制御機構の解明
- 21 シロイヌナズナ近縁種における転移因子の制御機構の解明
- 22 F₁雑種と両親系統間でのエピゲノムの比較解析
- 23 MCM8-9複合体とミスマッチ修復因子の相互作用がDNA損傷修復に果たす機能の解析
- 24 MCM結合因子MCM-BPの機能解明
- 25 時期特異的ノックダウン技術を用いた新規染色体均等分配制御分子の同定
- 26 酸素分圧変化により誘導される追いつき成長が個体の運動機能の発達に与える影響の解析
- 27 ゼブラフィッシュ神経伝達系におけるオイグノール受容機構の解析
- 28 Studying defective inhibitory synaptic transmission in zebrafish
- 29 トゲウオエコタイプ間の繁殖タイミングの分化機構
- 30 津波が野外魚の遺伝構造へ与える効果
- 31 メダカ属の日光応答性進化の遺伝機構
- 32 細胞骨格による二次細胞壁パターンの時空間的制御機構の解析
- 33 マウス組換えホットスポット活性化因子の機能解析
- 34 脂肪酸合成酵素阻害剤等を用いたがん予防に関する検討
- 35 日本産野生マウス由来近交系MSM/Msを用いた次世代シーケンサーによる遺伝子発現解析
- 36 X線CT装置を用いた棘皮動物の半・体内および体内寄生動物の自然史学的研究
- 37 マウス胎仔高速表現型解析技術の開発
- 38 日本産野生マウス由来のMSM系統および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
- 39 内耳血管系構築に関わるメラノサイトの機能解析
- 40 野生由来近交系マウス系統群を用いた薬物嗜好性の遺伝子メカニズム解析
- 41 社会的環境要因がマウスの行動に与える影響
- 42 大脳基底核に発現する細胞接着分子の遺伝子欠損マウスの行動解析
- 43 Tol2システムを使用したB6およびMSMマウストランスジェネシス技術の開発

研究代表者

- | | |
|-------------------|---|
| 小布施力史 | 北海道大学大学院 先端生命科学研究院 |
| 胡桃坂仁志 | 早稲田大学 理工学術院 |
| 榎 建二郎 | 東京女子医科大学 医学部 |
| 佐渡 敬 | 近畿大学 農学部 |
| 多田政子 | 鳥取大学 染色体工学研究センター |
| 原田昌彦 | 東北大学大学院 農学研究科 |
| 大山拓次 | 山梨大学大学院 医学工学総合研究部 |
| 釣本敏樹 | 九州大学 理学研究院 |
| 増本博司 | 長崎大学 医学部 共同利用研究センター |
| Fumi Kubo | Max Planck Institute of Neurobiology |
| Genevieve Kendall | University of Texas Southwestern Medical Center |
| Janna Blechman | The Weizmann Institute of Science |
| 永田健一 | 理化学研究所 脳科学総合研究センター |
| 植田信太郎 | 東京大学大学院 理学系研究科 |
| 高橋 文 | 首都大学東京 理工学研究科 |
| Ziheng Yang | University College London |
| 要 匡 | 琉球大学 医学研究科 |
| 佐藤健人 | 東海大学 医学部 |
| 加治 建 | 鹿児島大学大学院 歯学部総合研究科 |
| 伊藤秀臣 | 北海道大学大学院 理学研究院 |
| 河邊 昭 | 京都産業大学 総合生命科学研究科 |
| 藤本 龍 | 神戸大学大学院 農学研究科 |
| 高橋達郎 | 大阪大学 理学研究科 |
| 田中克典 | 関西学院大学 理工学部 |
| 田中耕三 | 東北大学 加齢医学研究所 |
| 亀井宏泰 | 東京大学大学院 農学生命科学研究科 |
| 肥塚崇男 | 山口大学 農学部 |
| Robert J. Harvey | UCL School of Pharmacy |
| 日下部 誠 | 東京大学 大気海洋研究所 |
| 森 誠一 | 岐阜経済大学 経済学部 |
| 山平寿智 | 琉球大学 熱帯生物圏研究センター |
| 福田裕穂 | 東京大学大学院 理学系研究科 |
| 太田邦史 | 東京大学大学院 総合文化研究科 |
| 折田 創 | 順天堂大学附属静岡病院 外科 |
| 清澤秀孔 | 高知大学 医学部 |
| 近藤真理子 | 東京大学大学院 理学系研究科附属臨海実験所 |
| 田村 勝 | 理化学研究所 バイオリソースセンター |
| 宮下信泉 | 香川大学 総合生命科学研究センター |
| 山本博章 | 長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部 |
| 笠井慎也 | 東京都医学総合研究所 依存性薬物プロジェクト |
| 下位香代子 | 静岡県立大学 食品栄養科学部 |
| 霜田 靖 | 長岡技術科学大学 生物系 |
| 隅山健太 | 理化学研究所 生命システム研究センター |

研究課題

- 44 WHSを用いたジアゼパム感受性の遺伝学的解析
- 45 琵琶湖固有魚介類における生殖細胞の培養とその分化系の開発
- 46 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
- 47 Analysis of the transcriptome of the CC-genome wild rice *Oryza officinalis*
- 48 イネのジテルペン生成遺伝子の進化に関する研究
- 49 酵母と植物細胞の環境ストレス応答における細胞壁オートリシスと細胞内オートファジー機能の解析
- 50 細菌細胞骨格タンパク質の動態解析
- 51 分裂酵母接合型変換の分子機構の解析
- 52 DNA 相同組換えによる染色体構造維持の分子メカニズム
- 53 チェックポイントタンパク質のフィードバック制御の分子遺伝解析
- 54 ショウジョウバエ近縁集を利用した遺伝子・細胞機能の進化研究のための解析ツールの開発
- 55 *Lactobacillus bulgaricus*の乳酸による細胞壁合成および細胞分割の正常化と関連遺伝子群からの分子系統解析
- 56 エストロゲン受容体 β (ER β)と Δ^9 -テトラヒドロカナビノール (Δ^9 -THC)との結晶構造
- 57 4Åに代表される低分解能での構造精密化法の確立
- 58 膜蛋白質複合体結晶化のための膜調製方法の検討
- 59 電子顕微鏡を用いたシナプスタンパク質Digの局在解析
- 60 神経変性症状を呈するショウジョウバエ変異体の微細形態解析
- 61 電子顕微鏡を用いたショウジョウバエ化学感覚系の構造解析
- 62 Evolutionary studies of marine metagenomics
- 63 発光プランクトン (海産カイアシ類) の遺伝的多様性と生物発光能の地球レベルでの解析
- 64 ヒト免疫老化表現型を特徴付けるトランスクリプトームおよび分子経路解析
- 65 パイオインフォマティクスを応用した新たなウコン変異株の生成変動解析
- 66 シニア専門家との協働作業による遺伝学関係データベースのアーカイブの高品質化
- 67 次世代シーケンサーを利用した進化研究
- 68 ピルビン酸低減清酒酵母一倍体のゲノム解析
- 69 マカクザル脳発達トランスクリプトーム・エピゲノム解析
- 70 毒蛇ハブの全ゲノム解析と染色体マッピング
- 71 次世代シーケンサーによるパーキンソン病カイコモデル変異体 *op* の全ゲノム解析
- 72 環境メタゲノム解析から大深度環境の微生物生態系の機能的特徴を見る
- 73 島嶼環境における捕食者ヘビ類の食性、色彩パターン、体サイズ進化のエコゲノミクス
- 74 ショウジョウバエの生殖様式を決定づける遺伝的機構の解明
- 75 イネにおける形態多様性に関わる遺伝的機構の解析
- 76 イネの発生や生殖を制御する遺伝子機能の解明
- 77 大型類人猿におけるサブテロメア近傍領域の比較ゲノム解析
- 78 Identification and study of new genes in the pineal gland, gonads and bone in zebrafish
- 79 Screening and identification of Habenula- and neuromodulatory pathway-relevant transgenic zebrafish
- 80 Identification and characterization of lines labeling neurons important for learning in larval zebrafish
- 81 Identification and Characterization of novel regulators of liver growth
- 82 三叉神経核における体部位マップ特異的Creマウスの作成
- 83 環境依存的エピゲノム形成機構を支える分子基盤の解明
- 84 野生種マウスにおける情動伝染様式の解析
- 85 代謝シミュレーション及び構造生物学手法による泡盛芳香成分の合成機構の解明
- 86 計算資源の連携を目指したデータ共有機構の開発
- 87 次世代シーケンサーを利用した、新規ゲノム配列/転写産物配列決定手法の開発に関する研究

研究代表者

- 半澤直人 山形大学 理学部
- 高田達之 立命館大学 薬学部
- 中嶋正道 東北大学大学院 農学研究所
- Benildo G. de los Reyes University of Maine
- 豊増知伸 山形大学 農学部
- 井上雅裕 愛媛大学大学院 理工学研究所
- 塩見大輔 立教大学 理学部
- 筒井康博 東京工業大学大学院 生命理工学研究所
- 菱田 卓 学習院大学 理学部
- 古谷寛治 京都大学 放射線生物研究センター
- 栗崎 健 杏林大学 医学部
- 齋藤忠夫 東北大学大学院 農学研究所
- 荒牧弘範 第一薬科大学 薬学部
- 近藤英昌 産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門
- 村上 聡 東京工業大学大学院 生命理工学研究所
- 浜 千尋 京都産業大学 総合生命科学部
- 曾根雅紀 東邦大学 理学部
- 田中暢明 北海道大学 創成研究機構
- John AC Archer Computational Bioscience Research Center, King Abdullah University of Science and Technology
- 茂里 康 産業技術総合研究所 健康工学研究部門
- 吉田健吾 放射線影響研究所 放射線生物学/分子疫学部
- 田中 謙 立命館大学 薬学部
- 阿部貴志 新潟大学 自然科学系
- 阿形清和 京都大学大学院 理学研究科
- 北垣浩志 佐賀大学 農学部
- 郷 康広 自然科学研究機構 新分野創成センター
- 柴田弘紀 九州大学 生体防御医学研究所
- 天竺桂弘子 東京農工大学 農学研究院
- 高見英人 海洋研究開発機構 海洋・極限環境生物圏領域
- 長谷川雅美 東邦大学 理学部
- 平井和之 杏林大学 医学部
- 伊藤純一 東京大学大学院 農学生命科学研究科
- 平野博之 東京大学大学院 理学系研究科
- 黒木陽子 東北大学東北メディカル・メガバンク機構 ゲノム解析部門
- Han Wang Center for Circadian Clocks, Soochow University, Suzhou, China
- Jiulin Du Institute of Neuroscience, Shanghai Institutes for Biological Sciences, Chinese Academy of Sciences
- Martin Haesemeyer Harvard University MCB
- Wolfram Goessling Brigham and Women's Hospital, Harvard Medical School, Harvard Stem Cell Institute
- 宮田麻理子 東京女子医科大学 医学部
- 田嶋 敦 金沢大学 医薬保健研究域医学系
- 菊水健史 麻布大学 獣医学部
- 仲宗根 薫 近畿大学 工学部
- 松岡 聡 東京工業大学 学術国際情報センター
- 伊藤武彦 東京工業大学大学院 生命理工学研究所

共同研究 (B)

研究課題

- 1 真核細胞におけるDNA損傷修復と複製開始制御連携の解析
- 2 ゼブラフィッシュの後脳血管ネットワークの形成と分子関与
- 3 AID法とCRISPR/Casシステムの融合によるヒトRan-GTP濃度勾配の分裂期特異的破壊操作と機能解析
- 4 新規巨大タンパク質ミステリンの機能解析
- 5 大腸菌染色体の複製ヘリカーゼと新奇分配因子CrfCの細胞内分子動態の解析
- 6 中枢シナプスの神経活動依存的な増強に伴う構造的変化
- 7 次世代シーケンサー技術を利用したメダカ近交系ゲノム比較による動物個性に関わる遺伝子多型の探索
- 8 イネ花粉突然変異体Tos0113, Tos0251, Tos0330, Tos0403, Tos0425の遺伝学的解析

研究代表者

- 滝澤温彦 大阪大学 理学研究科
藤田深里 東洋大学 生命科学部
清光智美 名古屋大学大学院 理学研究科
森戸大介 京都産業大学 総合生命科学部
片山 勉 九州大学 薬学研究院
鈴木崇之 東京工業大学大学院 生命理工学研究科
竹内秀明 東京大学大学院 理学系研究科
上田健治 秋田県立大学 生物資源科学部

研究会

研究課題

- 1 クロマチンにおけるゲノムDNAの機能発現メカニズム
- 2 哺乳類脳の機能的神経回路の構築メカニズム
- 3 DNAから見た日本列島人の地域的多様性を生み出した要因をさぐる
- 4 ゲノム医学とバイオインフォマティクスの接点と集学研究
- 5 転移因子と宿主の相互作用による生命進化
- 6 第7回エボデボ青年の会 「変動する環境と発生への衝撃」
- 7 表現型と遺伝子型のミッシングリンクをつなぐ ―ゲノムダイナミクスによる遺伝子発現の質的量的制御―
- 8 Looking to the future of Notch signaling
- 9 イネ分子遺伝学への期待
- 10 染色体DNAの安定維持の分子メカニズム
- 11 第1回日本微生物若手連合研究会
- 12 細菌細胞の増殖と代謝研究会
- 13 2014年線虫発生生物学国際集会、第6回アジア太平洋線虫集会 合同大会における「形態形成」セッション
- 14 New horizon in *C. elegans* Biology
- 15 ゲノム編集時代の分子進化
- 16 スフィンゴ脂質データベースワークショップ
- 17 塩基配列データアーカイブをフル活用するための大規模データ解析技術開発
- 18 オルガネラゲノムに支配される生命現象

研究代表者

- 胡桃坂仁志 早稲田大学 理工学術院
河崎洋志 金沢大学 医薬保健研究域
斎藤成也 国立遺伝学研究所 集団遺伝研究部門
井ノ上逸朗 国立遺伝学研究所 人類遺伝研究部門
一柳健司 九州大学生体防御医学研究所
北野 潤 国立遺伝学研究所 生態遺伝学研究室
高田豊行 国立遺伝学研究所 哺乳動物遺伝研究室
松野健治 大阪大学大学院 理学研究科
伊藤純一 東京大学大学院 農学生命科学研究科
石合正道 京都大学 放射線生物研究センター
島田友裕 東京工業大学 資源化学研究所
渡辺 智 東京農業大学 応用生命科学部
木村 暁 国立遺伝学研究所 細胞建築研究室
澤 斉 国立遺伝学研究所 多細胞構築研究室
野澤昌文 国立遺伝学研究所 遺伝情報分析研究室
中村和生 北里大学 一般教育部(生物学)
坊豊秀雅 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター
木下 哲 横浜市立大学 木原生物学研究所

Joint Research with the Private Sector

2014年度 民間等との共同研究

共同研究先

研究課題 (研究題目)

研究代表者

契約期間

| | | | |
|---------------|---|-----------------------|-------------------|
| 協和発酵キリン株式会社 | トランスポソンの哺乳動物細胞への応用に関する研究 | 初期発生研究部門 教授 川上浩一 | '10.1.1~'16.3.31 |
| 株式会社ブリヂストン | パラゴムノキゲノム情報をベースにした遺伝子データベースの構築 | 大量遺伝情報研究室 教授 中村保一 | '14.4.1~'15.3.31 |
| 理化学研究所 | 形態異常を示す各種突然変異マウスの解析 | 哺乳動物遺伝研究室 教授 城石俊彦 | '08.4.1~'16.3.31 |
| 理化学研究所 | 非対称細胞分裂に関与する遺伝子の研究 | 多細胞構築研究室 教授 澤 斉 | '11.10.1~'15.3.31 |
| 理化学研究所 | FANTOM5プロジェクトのための新データセットの作成 | 生命情報研究センター 特任教授 五條堀 孝 | '11.2.18~'15.3.31 |
| 理化学研究所 | 次世代シーケンサーの定量データベースDDBJ Omics Archive (DOR) の登録補助ツール仕様構築 | 大量遺伝情報研究室 教授 中村保一 | '11.9.1~'15.3.31 |
| 東京都医学総合研究所 | 被毛の有無とエネルギー代謝関連表現型変化の相関解析 | 哺乳動物遺伝研究室 教授 城石俊彦 | '14.2.1~'15.3.31 |
| 静岡大学 | イネ種子の成熟・発芽バランスを制御するメカニズムの解明 | 植物遺伝研究室 教授 倉田のり | '14.6.10~'16.3.31 |
| 東北メディカル・バンク機構 | 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 | データベース運用開発研究室 教授 高木利久 | '14.8.1~'19.3.31 |
| 海洋研究開発機構 | 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 | 比較ゲノム解析研究室 特任教授 豊田 敦 | '14.4.1~'15.3.31 |
| 東海大学 | 臍帯血を利用した再生医学、免疫学、腫瘍医学研究 | 人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗 | '15.2.19~'18.3.31 |

| 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 | X線顕微鏡を用いた細胞及び染色体の観察 | 生体高分子研究室 教授 前島一博 | '12.4.1～'16.3.31 |
| 科学技術振興機構 | 高いバイオマス生産能及び環境耐性を持つ藻類の作出 | 共生細胞進化研究室 特任教授 宮城島進也 | '12.4.1～'16.3.31 |
| 科学技術振興機構 | メタゲノム解析による微生物叢の動態の把握及び環境評価技術の開発 | 生命情報研究センター 特任教授 五條堀 孝 | '12.4.1～'16.3.31 |
| 科学技術振興機構 | デグロン変異細胞創出のための基盤技術開発 | 分子機能研究室 准教授 鐘巻将人 | '13.10.1～'16.3.31 |
| 科学技術振興機構 | 細胞内自己組織化制御と生体ナノマシンの開発による新規木質バイオマス素材の創出 | 細胞空間制御研究室 准教授 小田祥久 | '14.4.1～'15.3.31 |
| 科学技術振興機構 | グリシン作動性シナプスの活動依存的形成と臨界期の分子基盤 | 運動神経回路研究室 准教授 平田普三 | '12.4.1～'15.3.31 |
| 科学技術振興機構 | 有糸分裂紡錘体におけるミクロな力学反応の再構成 | 定量メカバイオロジー研究室 准教授 島本勇太 | '14.7.1～'16.3.31 |
| 科学技術振興機構 | 遺伝統計学的計算手法の開発とデータ登録 | 人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗 | '14.4.1～'16.3.31 |
| 科学技術振興機構 | 微生物DBの高度化と配列解析支援系の開発と提供 | 大量遺伝情報研究室 教授 中村保一 | '14.4.1～'16.3.31 |
| 科学技術振興機構 | HLA 遺伝子完全配列決定パイプラインの構築 | 人類遺伝研究部門 外務員 細道一善 | '14.9.1～'15.3.31 |
| 科学技術振興機構 | スペクトル解析プラットフォームの構築 | 生命ネットワーク研究室 教授 有田正規 | '13.11.1～'16.3.31 |
| 産業技術総合研究所 (科学技術振興機構) | 生体防御系を利用した疾患診断の基盤技術開発ーHLA タイピング解析 | 人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗 | '13.10.1～'15.3.31 |
| 農林水産省 | メタゲノム解析による微生物相DNA情報の抽出技術の開発 | 生命情報研究センター 特任教授 五條堀 孝 | '14.4.1～'15.3.23 |
| 農業生物資源研究所 (農林水産省) | カンキツの育種選抜に利用可能なゲノムワイドSNPの拡充 | 大量遺伝情報研究室 助教 神沼英里 | '14.4.1～'15.3.23 |
| 高機能遺伝子デザイン技術研究組合 (経済産業省) | 生合成パスウェイデータベースの構築 | 生命ネットワーク研究室 教授 有田正規 | '14.4.1～'15.2.'15 |
| 長崎大学 (厚生労働省) | ゲノム不安定性を示す難治性遺伝性疾患群の症例収集とゲノム分子機能解析による病態解明研究 | 人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗 | '14.6.2～'15.3.31 |
| 長崎大学 (厚生労働省) | ゲノム不安定性を示す難治性遺伝性疾患群の症例収集とゲノム分子機能解析による病態解明研究 | 大量遺伝情報研究室 教授 中村保一 | '14.6.2～'15.3.31 |

2014年度 科学技術人材育成費補助金

テニュアトラック普及・定着事業 (若手研究者の自立的な研究環境整備促進)

| 課題名 | 事業実施センター責任者 | 事業実施期間 |
|---------------------------|-----------------------|-------------------|
| 文部科学省 生命科学の新分野創造若手育成プログラム | 新分野創造センター センター長 相賀裕美子 | '10.7.13～'15.3.31 |

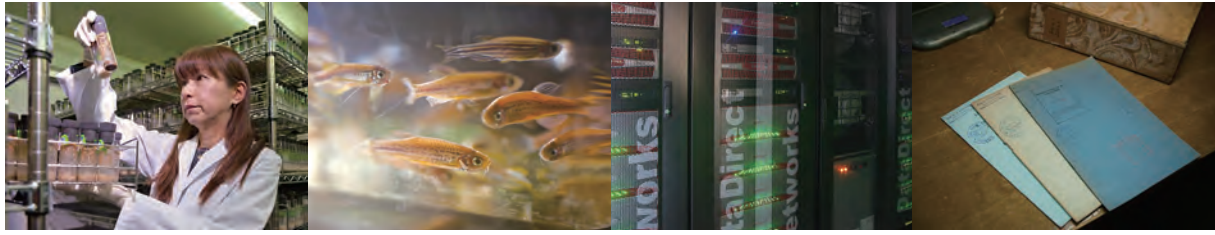
2014年度 研究開発施設共用等促進費補助金

ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP)

| 研究課題 | 課題管理者 | 研究期間 |
|--|--------------------|------------------|
| 文部科学省 イネ属の多様性を生かすリソース基盤の構築 | 植物遺伝研究室 教授 倉田のり | '14.4.1～'15.3.31 |
| 文部科学省 モデル原核生物 (大腸菌・枯草菌) 遺伝資源の整備と活用 | 原核生物遺伝研究室 教授 仁木宏典 | '14.4.1～'15.3.31 |
| 文部科学省 ショウジョウバエ遺伝資源の総合的維持管理および提供 | 無脊椎動物遺伝研究室 教授 上田 龍 | '14.4.1～'15.3.31 |
| 文部科学省 ゼブラフィッシュの収集・保存および提供 (トランスジェニックゼブラフィッシュ系統及び近交系ゼブラフィッシュの収集・保存及び提供) | 初期発生研究部門 教授 川上浩一 | '14.4.1～'15.3.31 |
| 文部科学省 情報発信体制の整備とプロジェクトの総合的推進 | 系統情報研究室 准教授 山崎由紀子 | '14.4.1～'15.3.31 |
| 文部科学省 野生イネリソースのゲノム多様性情報の整備 | 植物遺伝研究室 教授 倉田のり | '14.4.1～'15.3.31 |
| 文部科学省 多様な特性を持つショウジョウバエ種のゲノム配列 | 無脊椎動物遺伝研究室 助教 近藤 周 | '14.4.1～'15.3.31 |

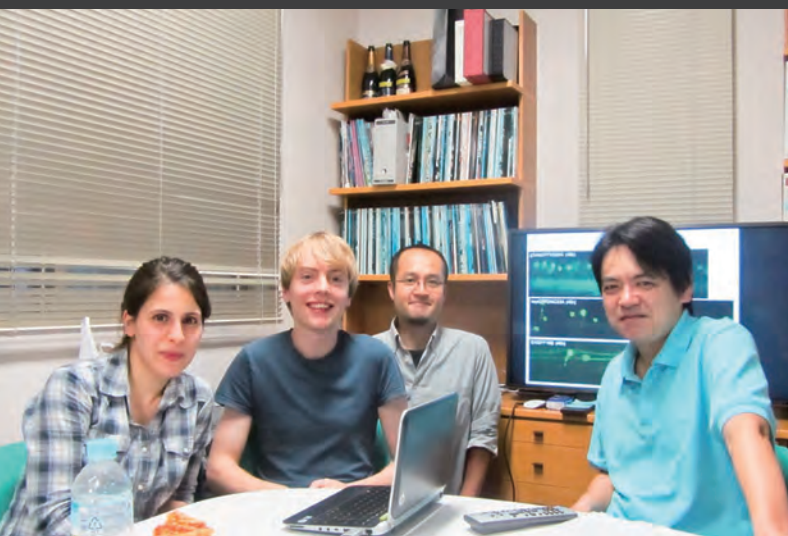
創薬等ライフサイエンス研究支援基盤事業

| | | |
|---|---------------------|------------------|
| 文部科学省 構造生命科学データクラウドの構築運用と高度化 | 遺伝情報分析研究室 特任教授 由良 敬 | '14.4.1～'15.3.31 |
| 文部科学省 創薬等支援のための大規模シーケンスによるゲノミクス解析支援と高度化 (創薬等支援のための大規模シーケンスデータのためのゲノミクス解析支援と高度化) | 生命情報研究センター 准教授 池尾一穂 | '14.6.1～'15.3.31 |



International Activities

国際交流



■ Collaboration with Researchers from Foreign Countries

National Institute of Genetics promotes collaborations not only with Japanese researchers but also researchers from foreign countries. Division of Molecular and Developmental Biology (Kawakami lab) has the world largest transgenic zebrafish resource that is useful for developmental biology and neuroscience. In 2014, researchers from Harvard University (USA), Harvard Medical School (USA), University of Texas South western Medical Center (USA), Max Plank Institute of Neurobiology (Germany), The Weizmann Institute of Science (Israel), Soochow University (China), and Chinese Academy of Science (China) visited Kawakami lab and performed genetic screens to find fish that will be useful for their research ("shelf-screen"). Thus, National Institute of Genetics is aiming to establish a basis of international collaborations.

■ 海外の研究者との共同研究

国立遺伝学研究所では、国内の研究者のみならず国外の研究者との共同研究を推進しています。「初期発生研究部門 川上研究室」では、発生生物学・神経科学研究に有用なトランスジェニックゼブラフィッシュの世界最大規模のリソースを有しています。このリソースを基にした共同研究を展開するために、2014年度は、Harvard University (USA)、Harvard Medical School (USA)、University of Texas South western Medical Center (USA)、Max Plank Institute of Neurobiology (Germany)、The Weizmann Institute of Science (Israel)、Soochow University (China)、Chinese Academy of Science (China) 等からの研究者を短期間受け入れ、それぞれの研究者の研究対象となるトランスジェニックフィッシュをスクリーニングにより見つけ出す「shelf-screening」を実施しました。このような活動を通じて、国立遺伝学研究所は、国際的な研究拠点としての発展を目指しています。



■ NIG International Symposium

In order to contribute to advancing the frontiers of genetics, NIG has been organizing and sponsoring international symposium and promoting academic interactions among researchers from diverse backgrounds and disciplines. This year we supported an international symposium "3R (DNA replication, Recombination and Repair)". Prof. Takehiko Kobayashi (Division of cytogenetics, NIG) organized the symposium.

The conference was attended by 194 investigators (including 70 from abroad and 45 students)

- Date: Nov. 17-21, 2014
- Venue: Gotemba-Kogen Hotel, Gotemba, Shizuoka

■ 国際シンポジウム

国立遺伝学研究所は、国際的な学術交流を推進することにより多様な分野の研究者との連携を強化し、遺伝学および共同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支援しています。2014年度は遺伝研細胞遺伝研究部門の小林武彦教授が主催者となり国際シンポジウム「3R (DNA複製・組換え・修復)」を開催しました。

海外からは招待講演者22名を含む70名の参加があり、総勢194名が5日間にわたり熱い議論を繰り広げました。

- 会期: 2014年11月17-21日
- 場所: 静岡県御殿場市 御殿場高原ホテル
- 参加者数: 194名 (内学生 45名、外国人 70名)



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

Please feel free to contact us if you have any questions about working/studying at NIG / SOKENDAI.

- GIP Help Desk Coordinator (General Affairs /Education Team):
MIURA, Chikako cmiura@nig.ac.jp
- Chair of Internationalization Promotion Committee:
Professor AKASHI, Hiroshi hiakashi@nig.ac.jp

■ 外国人研究者に対するサポート

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。外国人研究員・留学生が言葉の壁を感じることなく研究に専念できるよう、国際化推進グループ（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。日本語の無料レッスンも行っています。



Hosting Foreign Scientists 外国人研究者の受け入れ

Name / Subject title / Affiliation 氏名/研究課題/所属

| | | |
|---|--|---|
| Postdoc 博士研究員 SHENTON, Matthew Richard | Characterization of biodiversity and species variation in genus <i>Oryza</i> . イネ属の多様性および種間変異の調査解析 | Plant Genetics Laboratory 植物遺伝研究室 |
| 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 ZHOU, Zhi 周 智 | Identification of target genes of <i>Nanos 2</i> in germ cell. マウス雄性生殖細胞特異的因子 <i>Nanos2</i> の標的RNAの同定と機能解析 | Mammalian Development Laboratory 発生工学研究室 |
| Postdoc 博士研究員 WU, Quan 吳 泉 | Study on the mechanism of sex determination of murine germ cells. マウス生殖細胞の性分化決定機構の解析 | Mammalian Development Laboratory 発生工学研究室 |
| Postdoc 博士研究員 LIU, Hua 劉 華 | Analysis of RNA-binding proteins promoting germ-cell development in rice. イネの生殖細胞発生に関わるRNA結合蛋白質の解析 | Experimental Farm 実験農場 |
| Postdoc 博士研究員 JIN, Yinhua 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 |
| Researcher 研究員 AHMADLOO, Somayeh | Functional analyses of common diseases using three dimensional chromatin structure. クロマチン高次元構造からのcommon disease機能解析 | Division of Human Genetics 人類遺伝研究部門 |

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. Stephen Kowalczykowski
バイオロジカルシンポジウム Dr. Stephen Kowalczykowski講演

■ 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

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

■ 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90回行われています。

▶ Events

行事



Open House on April 4, 2015
一般公開 2015年4月4日



Public Lecture Presented by Dr. Kimura Akatsuki
公開講演会 木村 暁 准教授講演

■ 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.

■ 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 2014年度の公開講演会

● 講演タイトル

自然が創った名建築、細胞のお話／木村 暁 准教授
なぜ細胞はDNAを正確に複製できるのか？／鐘巻将人 准教授
マウスで迫る「こどもの脳の発達のおもしろさ」／岩里琢治 教授



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、少しでも中身を紹介しましょう。

■ 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Mendel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いたします。

■ 生物種の遺伝学 …… いろんな生物のゲノム研究

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

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

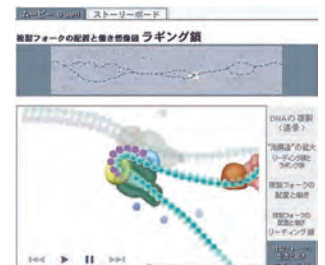
DNAが複製・転写・翻訳される様子が3Dのムービーになりました。RNAポリメラーゼの専門家とタンパク質の立体構造の専門家が製作に参加し、分子生物学の正確な知見を踏まえて作られています。

■ クイズ遺伝学 ゲノムアニメ劇場 电脑紙芝居 …… 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。



生物種の遺伝学



マルチメディア資料館：DNAの複製



生物・ザ・ムービー



ゲノムアニメ劇場

遺伝学専攻

Department of Genetics

SOKENDAI

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.

<http://www.nig.ac.jp/jimu/soken/index-e.html>

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中で、幅広い視野をもつ研究者を育成し、次世代の生命科学研究に貢献したいと考えています。

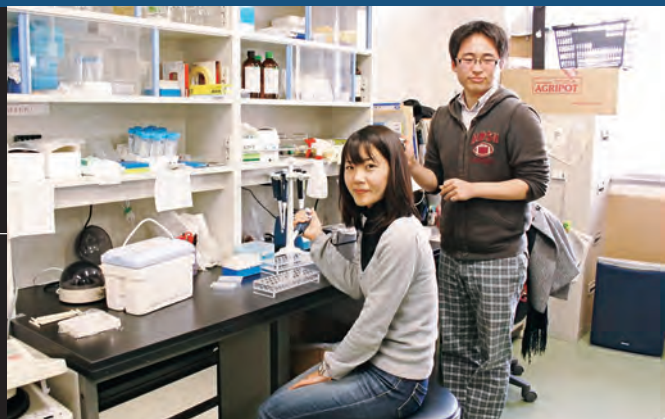
5年一貫制博士課程と3年間の博士後期課程の2種類の課程があります。5年一貫制課程の対象者は大学卒業、または、それと同等の資格を有する方；博士後期課程の対象者は修士号取得者、または、それと同等以上の学力があると認められた方です。

<http://www.nig.ac.jp/jimu/soken/index-j.html>



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

■ 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 valuable and mutant strains of various model organisms, and state of the art research equipment.

■ Excellence in Graduate Education

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 indepth 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!

■ 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。

■ 充実した教育

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。教員1人あたりの学生数、学生1人の教育にかかる経費などを総合した「教育の偏差値」は、全国の国立大学のなかでトップに位置しています。



| University/Research Institute 大学・機関 | Number 論文数 | Citation Score 引用度指数 | Rank 順位 |
|---|---------------|-------------------------|------------|
| National Institute of Genetics 国立遺伝学研究所 | 656 | 132.6 | 2 |
| National Institute for Physiological Sciences 生理学研究所 | 600 | 130.1 | 4 |
| The University of Tokyo 東京大学 | 36,938 | 125.7 | 6 |
| Tokyo Institute of Technology 東京工業大学 | 11,669 | 125.6 | 8 |
| Kyoto University 京都大学 | 27,234 | 122.6 | 10 |
| Osaka University 大阪大学 | 21,598 | 122.5 | 11 |

(朝日新聞出版刊 大学ランキング2015)



■ 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. For example, in the course “Perspectives of Frontiers”, students can obtain credit by taking two short lecture series that deal with fundamental principles at the boundary of biology and another field. Molecular and Cellular Biology and Developmental Biology are offered in two forms: e-learning in which you can learn basic concepts over the internet, and courses that center on critical reading and discussion of the primary literature. Courses on scientific presentation and scientific writing are also offered.

A large number of seminars covering various fields of life sciences are held by NIG. About 90 “Biological Symposia” featuring eminent scientists from all over the world are held annually. In addition, members of NIG present their progress during the past year at weekly “NIG Colloquia”. These seminars also include question and answer session with active discussions in which students can learn how to discuss and debate various scientific issues. 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. As in other institutions, most research activities of a student are done in a particular research group, headed by a thesis advisor. However, each student in the NIG graduate program elects four faculty members outside their own research group as members of their “Progress Report Committee”. 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. Every year students will have opportunities to present their work in poster sessions or at the NIG Colloquium, and have discussions with the committee, as well as the audience. 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.

■ 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。分子細胞生物学や発生生物学では、e-learningによる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。SOKENDAI・遺伝学専攻で学ぶ大きな利点です。遺伝研で行われている授業だけでなく、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。総研大の講義リソースの中から自分の興味で授業を組み合わせ「自分の科目」を造ることもできます。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り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Biological Symposiumが年間約90回も開かれ、活発な議論が行われています。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「プログレスレポート制度」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、学生の相談にのったり助言をおこなう」というものです。5年一貫制博士課程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）。研究成果がまとまって学位論文を提出すると、多くの場合、プログレスレポート小委員会のメンバーに所外の委員を加えて審査委員会が組織されます。指導教員は審査委員会メンバーにはなれません。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。



■ 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 merit 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.

■ 研究者間の活発な交流

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

■ 生命科学リトリート

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





▶ Various Aids to Students

学生に対する様々な支援活動

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

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

■ Financial Aid

Students accepted to the International Graduate Program at NIG will be nominated as candidates to receive the scholarship from the Japanese government (MEXT fellowship). Third year students can also apply to a "Research Fellowship for Young Scientists" grant sponsored by JSPS. Other financial aids are also available.

■ 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 newly developed curriculum: English for Scientists. For details please take a look at the following URLs:

Scientific writing: <http://www.nig.ac.jp/jimu/soken/courses/sciwri/>

Scientific presentation: <http://www.nig.ac.jp/jimu/soken/courses/EfS/>

■ Aid in Finding a Job

To help our graduates find jobs after obtaining their degrees, NIG collects recruitment information for positions such as postdocs and assistant professors and informs the graduate students and alumni using a web page and a mailing list.

■ 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.

■ 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。入学科、授業料については、経済的理由により納付が困難で、かつ学業優秀な者等に対し、入学後選考のうえ、半額免除又は徴収猶予が認められる制度があります。

■ 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・表現・議論する力」を獲得できるよう、遺伝学専攻は外部講師による英語論文書き方講習会や独自カリキュラムによる科学プレゼンテーション授業など、様々な取り組みを行っています。詳細は以下のURLをご覧ください。

Scientific writing: <http://www.nig.ac.jp/jimu/soken/courses/sciwri/>

Scientific presentation: <http://www.nig.ac.jp/jimu/soken/courses/EfS/>

■ 就職支援活動

遺伝学専攻では在學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。

■ 海外での学会参加の助成

研究成果をあげ、英会話能力を身につけたら次は国際学会での発表です。遺伝学普及会が若手研究者に対する海外渡航費の助成を行っており、申請が認められれば旅費の援助が受けられます。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。



▶ Research Internship

体験入学プログラム

■ Undergraduate Research Internships at NIG

NIG offers a 10-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.

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

■ 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。

<http://www.nig.ac.jp/jimu/soken/html/nyugaku/taiken.html>



■ Graduate education at NIG

Educating future generations of scientists is central to the mission of NIG. Our undergraduate and graduate programs provide many opportunities for students to gain scientific knowledge and experimental techniques as well as professional skills. However, though less tangible, we also believe that developing the “spirit and attitude of research” is critical for young scientists. The accomplishments of our students are perhaps the most important testament to the success of our research and education programs. The figure below shows some NIG graduate students and their first-authored work recently published in top scientific journals.

■ 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。下の表は遺伝学専攻生とその発表論文の一例です。



Publications by NIG Graduate Students



Genome-wide linkage and exome analyses identify *HMCN1* variants for Splenic Epidermoid Cyst.

Omer, H. W., Narita, A., Hosomichi, K., Mitsunaga, S., Hayashi, Y., Yamashita, A., Krasniqi, A., Iwasaki, Y., Kimura, M. and Inoue, I. (2014). *BMC Med Genet.* 15, 115.

OMER AAMER, Waleed Hussein (D3)

When I came to NIG, I had general information about it, however with everyday passing; I feel I made the right decision by coming to NIG. I can safely say now that everything here is ideal for graduate studies, starting from the state-of-the-art facilities to the outstanding supervision system.

Waleed Hussein Omer Aamer (D3)

遺伝研に来た当時は、遺伝研について一般的なことしか知りませんでしたが、ここで日々過ごすうち、来て良かったと思うようになりました。最先端の設備や優れた教育システム等、どれをとっても大学院研究には理想的な環境です。



RacGAP α 2-chimaerin function in development adjusts cognitive ability in adulthood.

Iwata, R., Ohi, K., Kobayashi, Y., Masuda, A., Iwama, M., Yasuda, Y., Yamamori, H., Tanaka, M., Hashimoto, R., Itohara, S. and Iwasato, T. (2014). *Cell Rep.* 8, 1257-1264.

IWATA, Ryohei (Graduated in March 2014)

Many thanks to my colleagues and friends at NIG who made my graduate student life a wonderful experience.

岩田亮平 (2014.3卒業)

遺伝研の素晴らしい環境のおかげで、楽しく大学院での研究生活を過ごすことができました。



SMAD2 and p38 signaling pathways act in concert to determine XY primordial germ cell fate in mice.

Wu, Q., Fukuda, K., Weinstein, M., Graff, JM. and Saga, Y. (2015). *Development* 142, 575-586.

WU, Quan (Graduated in March 2013)

In NIG, you can focus on what you interested in. Moreover, NIG provides the opportunity to discuss with researchers across fields in the world as well as the chance to master the novel technologies to solve the complex questions in science.

呉 泉 (2013.3卒業)

遺伝研では自分が興味がある研究に没頭できます。世界の研究者と分野を超えて議論できるし、複雑な問題を解くために新たな技術を身につける機会も提供してもらえます。

▶ Programs to host researchers

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-founded postdoc positions (NIG postdoctoral fellow; <http://www.nig.ac.jp/english/about/recruit.html>), 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.

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 <http://www.nig.ac.jp/welcome/howtowork-j.html> をご覧ください。

NIG Data

遺伝研データ



Management

(2015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 | 京都大学大学院生命科学系研究科教授 Professor, Graduate School of Biostudies, Kyoto University |
| 篠崎一雄 SHINOZAKI, Kazuo | 理化学研究所環境資源科学研究センター長 Director, Center for Sustainable Resource Science, RIKEN | 花岡文雄 HANAOKA, Fumio | 学習院大学理学部教授 Professor, Faculty of Science, Gakushuin University |
| 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 | 松崎文雄 MATSUZAKI, Fumio | 理化学研究所多細胞システム形成研究センターチームリーダー Team Leader, Center for Developmental Biology, RIKEN |
| 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 | 国際高等研究所チーフリサーチフェロー Chief Research Fellow, International Institute for Advanced Studies (所外委員 五十音順) |

| | | | | | |
|------------------------------|---|---------------------------|--|-------------------------|---|
| 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 | 仁木宏典 NIKI, Hironori | 放射線・アイソトープセンター長 Head, Radioisotope Center |
| 川上浩一 KAWAKAMI, Koichi | 個体遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Developmental Genetics | 倉田のり KURATA, Nori | 系統生物研究センター長 Head, Genetic Strains Research Center | 藤山秋佐夫 FUJIYAMA, Asao | 先端ゲノミクス推進センター長 Head, Advanced Genomics 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 編成順) |

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 | 東京工業大学特任教授 Project Professor, Tokyo Institute of Technology | WIESCHAUS, Eric | Professor, Princeton University |
| 榊 佳之 SAKAKI, Yoshiyuki | 東京大学名誉教授 Professor Emeritus, The University of Tokyo | SULSTON, John | Chair, Institute for Science, Ethics and Innovation, The University of Manchester |
| 竹市雅俊 TAKEICHI, Masatoshi | 理化学研究所多細胞システム形成研究センター特別顧問 Senior Advisor, Center for Developmental Biology, RIKEN | HUNT, Tim | Principal Scientist, Cancer Research UK, London Research Institute (五十音順) |

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 the ROIS headquarters.

| | | | |
|-----------------------------|------------------------------|--|--------------------------|
| 研究企画担当 Research Planning | 城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko | 新領域融合研究センター担当 Transdisciplinary Research Integration Center | 仁木宏典 NIKI, Hironori |
| | 荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki | 評価担当 Evaluation | 上田 龍 UEDA, Ryu |
| | 倉田のり KURATA, Nori | 広報・知財担当 Public Relations/Intellectual Property | 鈴木睦昭 SUZUKI, Mutsuaki |
| | 広海 健 HIROMI, Yasushi | 女性研究者活動支援室担当 Office of Female Researcher Development | 仁木宏典 NIKI, Hironori |

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

| | | |
|------------------------|------------------------------|---|
| (委員長) Chair | 澤 斉 SAWA, Hitoshi | 構造遺伝学研究センター教授 Professor, Structural Biology Center |
| (所外委員) Non-NIG members | 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 |
| | 松崎文雄 MATSUZAKI, Fumio | 理化学研究所発生・再生科学総合研究センターグループディレクター Group Director, Center for Developmental Biology, RIKEN |
| | 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 |
| (所内委員) NIG members | 澤 斉 SAWA, Hitoshi | 構造遺伝学研究センター教授 Professor, Structural Biology Center |
| | 北川大樹 KITAGAWA, Daiju | 分子遺伝研究系教授 Professor, Department of Molecular Genetics |
| | 角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji | 総合遺伝研究系教授 Professor, Department of Integrated Genetics |
| | 城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko | 系統生物研究センター教授 Professor, Genetic Strains Research Center |

各種個別委員会 NIG Committees

| | | | |
|----------------------------------|------------------------------|---|--|
| 委員会名 Committee | 委員長 Chair | 委員会名 Committee | 委員長 Chair |
| 将来計画委員会 Future Planning | 城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko | 放射線安全委員会 RI Safety | 荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki |
| 予算委員会 Budget | 荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki | 遺伝子組換え実験安全委員会 Recombinant Experiments | 上田 龍 UEDA, Ryu |
| 施設整備委員会 Facility Management | 仁木宏典 NIKI, Hironori | 動物実験委員会 Animal Experiment | 城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko |
| 共通機器委員会 Common Equipment | 川上浩一 KAWAKAMI, Koichi | 防火・防災管理委員会 Fire & Disaster Prevention | 管理部長 General Manager |
| 電子計算機委員会 Computer | 有田正規 ARITA, Masanori | 生物遺伝資源委員会 Genetic Resources | 生物遺伝資源センター長 Head, Genetic Resource Center |
| 図書委員会 Library | 澤 斉 SAWA, Hitoshi | マウス小委員会 Mouse Bioresource | 城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko |
| セミナー委員会 Seminar | 野々村賢一 NONOMURA, Ken-ichi | イネ小委員会 Rice Bioresource | 倉田のり KURATA, Nori |
| 事業委員会 NIG Projects | 角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji | 大腸菌小委員会 E. Coli Bioresource | 仁木宏典 NIKI, Hironori |
| 広報委員会 Publicity | 前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro | ハラスメント防止・対策委員会 Harassment Prevention | 副所長 Vice-Director |
| 知的財産委員会 Intellectual Property | 前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro | 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 |
| | | 安全衛生委員会 Safety & Health | 井ノ上逸朗 INOUE, Ituro |
| | | 利益相反委員会 Conflict of Interests | 所長 Director-General |
| | | 遺伝学博物館委員会 Museum of Genetics | 斎藤成也 SAITOU, Naruya |
| | | 国際化推進委員会 Internationalization | 明石 裕 AKASHI, Hiroshi |
| | | 博士研究員選考委員会 PD Selection | 角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji |
| | | DNAデータ研究利用委員会 DNA Database Advisory | 高木利久 TAKAGI, Toshihisa |

(2014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)

| | | | |
|----------------------------|---|----------------------------|--|
| 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 | 藤田信之 FUJITA, Nobuyuki | 製品評価技術基盤機構/バイオテクノロジーセンター上席参事官 Senior Counsellor for Genomics and Biosafety, Biological Resource Center, National Institute of Technology and Evaluation |
| 黒川 顕 KUROKAWA, Ken | 東京工業大学大学院地球生命研究所教授 Professor, Tokyo Institute of Technology School and Graduate School of Bioscience and Biotechnology | 松岡 聡 MATSUOKA, Satoshi | 東京工業大学学術国際情報センター教授 Professor, Tokyo Institute of Technology Global Scientific Information and Computing Center |
| 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 | 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上席主任研究官 Chief Senior Researcher, Center for Public Health Informatics, National Institute of Public Health |
| 長洲毅志 NAGASU, Takeshi | イーザイ株式会社プロダクトクリエーション本部ポートフォリオ戦略推進部顧問 Adviser, Portfolio Strategy & Strategic Operations Department Product Creation Headquarters Eisai Co., Ltd. | 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, University of Tokyo |
| 長村吉晃 NAGAMURA, Yoshiaki | 農業生物資源研究所農業生物先端ゲノム研究センターゲムリソースユニット長 Director, Genome Resource Unit, Agrogenomics Research Center, National Institute of Agrobiological Sciences | 武藤香織 MUTO, Kaori | 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, University of Tokyo |
| 服部正平 HATTORI, Masahira | 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, University of Tokyo | 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, University of Tokyo |
| | | Sang-Hyuk Lee | Professor, Ewha Womans University (Systems Biology Research Institute) |

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 | 小田 司 ODA, Tsukasa | 日本大学法学部教授 Professor, School of Law, Nihon University |
|-------------------------|--|----------------------|---|

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 | 高野敏行 TAKANO, Toshiyuki | 京都工芸繊維大学ショウジョウバエ遺伝資源センター教授 Professor, Drosophila Genetic Resource Center, Kyoto Institute of Technology |
| 阿部 純 ABE, Jun | 北海道大学大学院農学研究院教授 Professor, Research Faculty of Agriculture, Hokkaido University | 中瀨直己 NAKAGATA, Naomi | 熊本大学生命資源研究・支援センター動物資源開発研究部門教授 Professor, Institute of Resource Development and Analysis Center for Animal Resources and Development, Kumamoto University |
| 伊佐 正 ISA, Tadashi | 自然科学研究機構生理学研究所発達生理学研究室教授 Professor, Department of Developmental Physiology, National Institute for Physiological Sciences | 中川恭好 NAKAGAWA, Yasuyoshi | 製品評価技術基盤機構/バイオテクノロジーセンター計画課寄託・分譲推進室長 General Manager, Collection Services Office, Planning Division, Biological Resource Center, National Institute of Technology and Evaluation |
| 稲葉一男 INABA, Kazuo | 筑波大学下田臨海実験センター長 Director, Shimoda Marine Research Center, Tsukuba University | 中桐 昭 NAKAGIRI, Akira | 鳥取大学農学部附属菌類きのこ遺伝資源研究センター長 Director, Fungus/Mushroom Resource and Research Center, Faculty of Agriculture, Tottori University |
| 漆原秀子 URUSHIHARA, Hideko | 筑波大学生命環境系教授 Professor, Faculty of Life and Environmental Sciences, Tsukuba University | 中辻憲夫 NAKATSUJI, Norio | 京都大学物質-細胞統合システム拠点長 Director General, Institute for Integrated Cell-Material Science, Kyoto University |
| 江面 浩 EZURA, Hiroshi | 筑波大学生命環境系教授 Professor, Faculty of Life and Environmental Sciences, Tsukuba University | 中村太郎 NAKAMURA, Taro | 大阪市立大学大学院理学研究科教授 Professor, Graduate School of Science, Osaka City University |
| 大熊盛也 OKUMA, 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 General Manager, Microbe Division, RIKEN BioResource Center | 中村幸夫 NAKAMURA, Yukio | 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 General Manager, Cell Engineering Division, RIKEN BioResource Center |
| 小笠原直毅 OGASAWARA, Naotake | 奈良先端科学技術大学院大学長 President, Graduate School of Information Science, Nara Institute of Science and Technology | 長村登紀子 NAGAMURA, Tokiko | 東京大学医科学研究所准教授 Associate Professor, Institute of Medical Science, Tokyo University |
| 岡田清孝 OKADA, Kiyotaka | 自然科学研究機構理事 Executive Director, National Institutes of Natural Sciences | 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 |
| 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 | 成瀬 清 NARUSE, Kiyoshi | 自然科学研究機構基礎生物学研究所進化多様性生物学領域准教授 Associate Professor, Evolutionary Biology and Biodiversity, National Institute for Basic Biology |
| 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 | 西尾 剛 NISHIO, Takeshi | 東北大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University |
| 金子嘉信 KANEKO, Yoshinobu | 大阪大学大学院工学研究科寄付講座教授 Endowed Chair, Graduate School of Engineering, Osaka University | 仁田坂英二 NITASAKA, Eiji | 九州大学大学院理学研究院講師 Lecturer, Graduate School of Science, Kyushu University |
| 河地正伸 KAWACHI, Masanobu | 国立環境研究所生物・生態系環境研究センター生物資源保存研究推進室長 Head, Biodiversity Resource Conservation Section, Center for Environmental Biology and Ecosystem Studies, National Institute for Environmental Studies | 仁藤伸昌 NITO, Nobumasa | 近畿大学生物理工学部地域交流センター長 Director, Regional Exchange Center, Faculty of Biology-Oriented Science and Technology, Kinki University |
| 草場 信 KUSABA, Makoto | 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 Director, Laboratory of Plant Chromosome and Gene Stock, Graduate School of Science, Hiroshima University | 根本 博 NEMOTO, Hiroshi | 農業生物資源研究所遺伝資源センター長 Director, Genetic Resources Center, National Institute of Agrobiological Sciences |
| 庫本高志 KURAMOTO, Takashi | 京都大学大学院医学研究科附属動物実験施設准教授 Associate Professor, Institute of Laboratory Animals, Graduate School of Medicine, Kyoto University | 伴野 豊 BANNO, Yutaka | 九州大学大学院農学研究科准教授 Associate Professor, Graduate School of Agriculture, Kyushu University |
| 小林正智 KOBAYASHI, Masatomu | 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 General Manager, Experimental Plant Division, RIKEN BioResource Center | 平井啓久 HIRAI, Hirohisa | 京都大学霊長類研究所長 Director, Primate Research Institute, Kyoto University |
| 小原有弘 KOHARA, Arihiro | 医薬基盤研究所難病・疾患資源研究部培養資源研究室主任研究員 Head Researcher, Department of Disease Bioresearch, National Institute of Biomedical Innovation | 深海 薫 FUKAMI, Kaoru | 理化学研究所バイオリソースセンター情報解析技術室長 General Manager, Bioresearch Information Division, RIKEN BioResource Center |
| 酒泉 満 SAKAIZUMI, Mitsuru | 新潟大学自然科学系教授 Professor, Faculty of Science, Niigata University | 福田裕穂 FUKUDA, Hiroo | 東京大学大学院理学系研究科教授 Professor, Graduate School of Science, University of Tokyo |
| 佐藤和広 SATO, Kazuhiro | 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 Professor, Barley and Wild Plant Resource Center, Research Institute for Bioresearch, Okayama University | 藤島政博 FUJISHIMA, Masahiro | 山口大学大学院理工学研究科教授 Professor, Graduate School of Science and Engineering, Yamaguchi University |
| 住田正幸 SUMIDA, Masayuki | 広島大学大学院理学研究科附属両生類研究施設長 Professor, Laboratory for Amphibian Biology, Graduate School of Science, Hiroshima University | 松居靖久 MATSUI, Yasuhisa | 東北大学加齢医学研究所附属医用細胞資源センター教授 Professor, Institute of Development, Aging and Cancer, Tohoku University |
| | | 松浦啓一 MATSUURA, Keiichi | 国立科学博物館名誉研究員 Honorary Researcher, National Museum of Nature and Science |

| | | | |
|-------------------------|--|--------------------------|--|
| 松田洋一 MATSUDA, Yoichi | 名古屋大学大学院生命農学研究科附属鳥類バイオサイエンス研究センター長 Director, Avian Bioscience Research Center, Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University | 矢口貴志 YAGUCHI, Takashi | 千葉大学真菌医学研究センターバイオリソース管理室長 Head, Management Unit, Medical Mycology Research Center, Chiba University |
| 三谷昌平 MITANI, Shohei | 東京女子医科大学医学部第二生理学教室主任教授 Head Professor, Department of Physiology, School of Medicine, Tokyo Women's Medical University | 吉木 淳 YOSHIKI, Atsushi | 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 General Manager, Experimental Animal Division, RIKEN BioResource Center |
| 森 郁恵 MORI, Ikuo | 名古屋大学大学院理学研究科教授 Professor, Graduate School of Science, Nagoya University | | |

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

| | | | |
|---------------------------|---|-------------------------------|--|
| 相澤慎一 AIZAWA, Shinichi | 理化学研究所発生・再生科学総合研究センター特別顧問 Senior Advisor, RIKEN Center for Developmental Biology | 林元展人 HAYASHIMOTO, Nobuhito | 実験動物中央研究所 ICLAS モニタリングセンター長代理 Deputy Director, ICLAS Monitoring Center Central Institute for Experimental Animals |
| 小幡裕一 OBATA, Yuichi | 理化学研究所バイオリソースセンター長 Director, RIKEN BioResource Center | 松田潤一郎 MATSUDA, Junichiro | 医薬基盤研究所難病・疾患資源研究部疾患モデル小動物研究室研究リーダー Project leader, Laboratory of Experimental Animal Models and Experimental Animals Resource Bank, National Institute of Biomedical Innovation |
| 庫本高志 KURAMOTO, Takashi | 京都大学大学院医学研究科附属動物実験施設准教授 Associate Professor, Institute of Laboratory Animals, Graduate School of Medicine, Kyoto University | 八神健一 YAGAMI, Kenichi | 筑波大学医学医療系教授 Professor, Faculty of Medicine, University of Tsukuba |
| 木南 凌 KOMINAMI, Ryo | 新潟大学大学院医歯学総合研究科客員研究員 Visiting Researcher, Graduate School of Medical and Dental Sciences, Niigata University | 吉木 淳 YOSHIKI, Atsushi | 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 General Manager, Experimental Animal Division, RIKEN BioResource Center |
| 中瀧直己 NAKAGATA, Naomi | 熊本大学生命資源研究・支援センター動物資源開発研究部門教授 Professor, Institute of Resource Development and Analysis Center for Animal Resources and Development, Kumamoto University | 米川博通 YONEKAWA, Hiromichi | 東京都医学総合研究所シニア研究員 Senior Researcher, Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science |

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

| | | | |
|-----------------------------|--|----------------------------|---|
| 芦苺基行 ASHIKARI, Motoyuki | 名古屋大学生物機能開発利用研究センター教授 Professor, Bioscience and Biotechnology Center, Nagoya University | 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, School of Agricultural Sciences, Nagoya University |
| 石川隆二 ISHIKAWA, Ryoji | 弘前大学農学生命科学部教授 Professor, Faculty of Agriculture and Life Science, Hirosaki University | 長村吉晃 NAGAMURA, Yoshiaki | 農業生物資源研究所農業生物先端ゲノム研究センターゲノムリソースユニット長 Director, Genome Resource Unit, Agrogenomics Research Center, National Institute of Agrobiological Sciences |
| 江花薫子 EBANA, Kaworu | 農業生物資源研究所遺伝資源センター主任研究員 Chief Researcher, Genetic Resources Center, National Institute of Agrobiological Sciences | 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 |
| 奥野貞敏 OKUNO, Kazutoshi | 筑波大学北アフリカ研究センター研究員 Researcher, Alliance for Research on North Africa, Tsukuba University | 安井 秀 YASUI, Hideshi | 九州大学大学院農学研究院准教授 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University |
| 奥本 裕 OKUMOTO, Yutaka | 京都大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University | 横井修司 YOKOI, Shuji | 岩手大学農学部准教授 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Iwate University |
| 川崎 努 KAWASAKI, Tsutomu | 近畿大学農学部バイオサイエンス学科教授 Professor, Faculty of Agriculture, Kinki University | 吉村 淳 YOSHIMURA, Atsushi | 九州大学大学院農学研究院教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyushu 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 | | |
| 熊丸敏博 KUMAMARU, Toshihiro | 九州大学大学院農学研究院附属遺伝子資源開発研究センター准教授 Associate Professor, Institute of Genetic Resources, 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教授 Professor, Pharmaceutical Sciences, Suzuka University of Medical Science | 佐藤 勉 SATO, Tsutomu | 法政大学生命科学部教授 Professor, Faculty of Bioscience and Applied Chemistry, Hosei University |
| 秋山芳展 AKIYAMA, Yoshinori | 京都大学ウイルス研究所教授 Professor, Institute for Virus Research, Kyoto University | 関根靖彦 SEKINE, Yasuhiko | 立教大学理学部教授 Professor, College of Science, Rikkyo University |
| 板谷光泰 ITAYA, Mitsuhiro | 慶應義塾大学環境情報学部教授 Professor, Faculty of Environment and Information Studies, Keio University | 田中 寛 TANAKA, Kan | 東京工業大学資源化学研究所教授 Professor, Chemical Resources Laboratory, Tokyo Institute of Technology |
| 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 | 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 |
| 内海龍太郎 UTSUMI, Ryutarō | 近畿大学農学部教授 Professor, Faculty of Agriculture, Kinki University | 林 哲也 HAYASHI, Tetsuya | 宮崎大学フロンティア科学実験総合センター長 Director, Frontier Science Research Center, Miyazaki University |
| 小笠原直毅 OGASAWARA, Naotake | 奈良先端科学技術大学院大学長 President, Graduate School of Information Science, Nara Institute of Science and Technology | 矢口貴志 YAGUCHI, Takashi | 千葉大学真菌医学研究センター准教授 Associate professor, Medical Mycology Research Center, Chiba University |
| 小倉光雄 OGURA, Mitsuo | 東海大学海洋研究所海洋生物センター教授 Professor, Marine Biological Center, Tokai University | 吉川博文 YOSHIKAWA, Hirofumi | 東京農業大学応用生物科学部教授 Professor, Faculty of Applied Bio-Science, Tokyo University of Agriculture |
| 片山 勉 KATAYAMA, Tsutomu | 九州大学大学院薬学研究院教授 Professor, Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Kyushu University | 吉田健一 YOSHIDA, Kenichi | 神戸大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agricultural Science, Kobe University |
| 川岸郁朗 KAWAGISHI, Ikuro | 法政大学生命科学部教授 Professor, Faculty of Bioscience and Applied Chemistry, Hosei University | | |

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 | 静岡大学非常勤講師 Part-time Lecturer, 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 | 小樽商科大学ビジネススクール教授 Professor, Otaru University of Commerce |
|-----------------------|---|

(2015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

□ 中心体生物学研究部門 Division of Centrosome Biology

| | | | |
|--------------|------------|----------------------|------------------|
| 教授 | 北川大樹 | Prof. | KITAGAWA, Daiju |
| 博士研究員 | 松浦利絵子 | Postdoc | MATSUURA, Rieko |
| 日本学術振興会特別研究員 | 太田 緑 | JSPS Research Fellow | OHTA, Midori |
| 日本学術振興会特別研究員 | 白土 玄 | JSPS Research Fellow | SHIRATSUCHI, Gen |
| 日本学術振興会特別研究員 | 吉場聡子 | JSPS Research Fellow | YOSHIBA, Satoko |
| 総研大 D4 | 土屋裕樹 | D4 Student SOKENDAI | TSUCHIYA, Yuki |
| 総研大 D3 | グプタ, アクシャリ | D3 Student SOKENDAI | GUPTA, Akshari |

特任教授 深川竜郎 Project Prof. FUKAGAWA, Tatsuo

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 |
| 助教 | 田中誠司 | Assist. Prof. | TANAKA, Seiji |
| 助教 | 日詰光治 | Assist. Prof. | HIZUME, Kohji |
| 博士研究員 | 田中尚美 | Postdoc | TANAKA, Yoshimi |
| 博士研究員 | 矢倉 勝 | Postdoc | YAGURA, Masaru |

□ 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 |
| 博士研究員 | 墨谷暢子 | Postdoc | SUMIYA, Nobuko |
| 博士研究員 | 廣岡俊亮 | Postdoc | HIROOKA, Shunsuke |
| 博士研究員 | 恵良厚子 | Postdoc | ERA, Atsuko |
| 博士研究員 | 大沼 亮 | Postdoc | ONUMA, Ryo |
| 日本学術振興会特別研究員 | 藤原崇之 | JSPS Research Fellow | FUJIWARA, Takayuki |
| 総研大 D3 | 宇塚明洋 | D3 Student SOKENDAI | UZUKA, Akihiro |

個体遺伝研究系 Department of Developmental Genetics

研究主幹(兼) 川上浩一 Prof. KAWAKAMI, Koichi

□ 形質遺伝研究部門 Division of Neurogenetics

| | | | |
|------------------|---------------|---|---------------------|
| 教授 | 岩里琢治 | Prof. | IWASATO, Takuji |
| 助教 | 水野秀信 | Assist. Prof. | MIZUNO, Hidenobu |
| 日本学術振興会特別研究員 | 香取将太 | JSPS Research Fellow | KATORI, Shota |
| 博士研究員 | 岩田亮平 | Postdoc | IWATA, Ryohei |
| 総研大 D5 | 羅 ブンジュウ | D5 Student SOKENDAI | LUO, Wenshu |
| 総研大 D3 (学振特別研究員) | 中沢信吾 | D3 Student SOKENDAI JSPS Research Fellow DC | NAKAZAWA, Shingo |
| 総研大 D1 | カンダサーミ, ラマサーミ | D1 Student SOKENDAI | KANDASAMY, Ramasamy |

□ 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 | ラル, プラディーブ | Postdoc | LAL, Pradeep |
| 総研大 D5 | 吉野彬子 | D5 Student SOKENDAI | YOSHINO, Akiko |
| 総研大 D5 | アイラン, ディープ | D5 Student SOKENDAI | AILANI, Deepak |
| 総研大 D3 | ミラー, スティーブ アンドルー | D3 Student SOKENDAI | MILLER, Steven Andrew |

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, テイモシー A. | Assist. Prof. | JINAM, Timothy A. |
| 総研大 D5 | ババルンデ, イザック アデーニ | D5 Student SOKENDAI | BABARINDE, Isaac Adayemi |
| 総研大 D5 | ヘッチアラチ, ニルミニ ナデーカ | D5 Student SOKENDAI | HETTIARACHCHI, Nilmini Nadeeka |
| 総研大 D2 | シヨクケツト, シヤイレー | D2 Student SOKENDAI | XIAOKAITI, Xiayire |
| 特別共同利用研究員 (東京大学大学院) | ムハモディガバ, モルテザ | Special joint researcher | MAHMOUDISABER, Morteza |

□ 進化遺伝研究部門 Division of Evolutionary Genetics

| | | | |
|--------|----------------|---------------------|----------------------|
| 教授 | アカシ, ヒロシ | Prof. | AKASHI, Hiroshi |
| 博士研究員 | 松本知高 | Postdoc | MATSUMOTO, Tomotaka |
| 総研大 D4 | ミシュラ, ネハ | D4 Student SOKENDAI | MISHRA, Neha |
| 総研大 D2 | カワシマ, ケント ディエル | D2 Student SOKENDAI | KAWASHIMA, Kent Diel |

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

| | | | |
|--------------|------------|----------------------|-----------------|
| 教授 | 北野 潤 | Prof. | KITANO, Jun |
| 博士研究員 | 石川麻乃 | Postdoc | ISHIKAWA, Asano |
| 日本学術振興会特別研究員 | 吉田恒太 | JSPS Research Fellow | YOSHIDA, Kohta |
| 日本学術振興会特別研究員 | ラビネット, マーク | JSPS Research Fellow | RAVINET, Mark |
| 総研大 D4 | 伊藤史博 | D4 Student SOKENDAI | ITO, Fumihito |

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 | 早野崇英 | Postdoc | HAYANO, Takahide |
| 博士研究員 | 山田思郎 | Postdoc | YAMADA, Shirou |
| 研究員 | アーマッドルー, ソマイエ | Researcher | AHMADLOO, Somayeh |
| 総研大 D4 | 富山哲朗 | D4 Student SOKENDAI | TOMIYAMA, Tetsuro |
| 総研大 D4 | オマル, ワリード フェセイン | D4 Student SOKENDAI | OMER, Waleed Hussein |
| 総研大 D3 | ロメロ, バネッサ | D3 Student SOKENDAI | ROMERO, Vanessa |
| 総研大 D3 | 伊東潤平 | D3 Student SOKENDAI | ITO, Jumpei |
| 総研大 D3 | 秦 千比呂 | D3 Student SOKENDAI | HATA, Chihiro |
| 総研大研究生 | カシンガル, クリスティン | Research Student, SOKENDAI | CASINGAL, Cristine |

□ 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 | 藤 泰子 | Postdoc | TO, Taiko |
| 博士研究員 | 佐々木 卓 | Postdoc | SASAKI, Taku |
| 総研大 D5 | 保坂 碧 | D5 Student SOKENDAI | HOSAKA, Aoi |
| 総研大 D1 | 斎藤 絡 | D1 Student SOKENDAI | SAITO, Raku |
| 特別共同利用研究員 (東京大学大学院) | 伊藤 佑 | Special joint researcher | ITO, Tasuku |

□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 | トウー, ヤン | Assist. Prof. | ZHU, Yan |
| 博士研究員 | 毛利亮子 | Postdoc | MOHRI, Akiko |
| 博士研究員 | 山内健太 | Postdoc | YAMAUCHI, Kenta |

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 |
|----------|-------|------|--------------|

□分子機能研究室 Molecular Function Laboratory

| | | | |
|--------|------|---------------------|-------------------|
| 准教授 | 鐘巻将人 | Assoc. Prof. | KANEMAKI, Masato |
| 博士研究員 | 夏目豊彰 | Postdoc | NATSUME, Toyoaki |
| 研究員 | 鎌田福美 | Researcher | KAMADA, Fukumi |
| 研究員 | 水口明美 | Researcher | MIZUGUCHI, Akemi |
| 総研大 D4 | 金原良樹 | D4 Student SOKENDAI | KANEHARA, Yoshiki |

□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 |
| 研究員 | 野口由美子 | Researcher | NOGUCHI, Yumiko |
| 研究員 | 長谷川ふみ子 | Researcher | HASEGAWA, Fumiko |
| 特別共同利用研究員 (東京大学大学院) | 長島慶宜 | Special joint researcher | NAGASHIMA, Yoshinobu |
| 特別共同利用研究員 (東京大学大学院) | 杉山友希 | Special joint researcher | SUGIYAMA, Yuki |

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

| | | | |
|-------|------|--------------|-----------------|
| 准教授 | 島本勇太 | Assoc. Prof. | SHIMAMOTO, Yuta |
| 博士研究員 | 高木 潤 | Postdoc | TAKAGI, Jun |

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

| | | | |
|----------|------|------|--------------|
| センター長(兼) | 倉田のり | Head | KURATA, Nori |
|----------|------|------|--------------|

□哺乳動物遺伝研究室 Mammalian Genetics Laboratory

| | | | |
|------------------|-------|----------------------|----------------------|
| 教授 | 城石俊彦 | Prof. | SHIROISHI, Toshihiko |
| 助教 | 高田豊行 | Assist. Prof. | TAKADA, Toyoyuki |
| 助教 | 天野孝紀 | Assist. Prof. | AMANO, Takanori |
| 博士研究員 | 嵯峨井知子 | Postdoc | SAGAI, Tomoko |
| 博士研究員 | 片岡太郎 | Postdoc | KATAOKA, Taro |
| 日本学術振興会 特別研究員 | 関 亮平 | JSPS Research Fellow | SEKI, Ryohei |
| 日本学術振興会 特別研究員 | 毛利巨輔 | JSPS Research Fellow | MOURI, Kousuke |

□発生工芸研究室 Mammalian Development Laboratory

| | | | |
|--------|-----------|---------------------|-------------------|
| 教授 | 相賀裕美子 | Prof. | SAGA, Yumiko |
| 助教 | 加藤 謙 | Assist. Prof. | KATO, Yuzuru |
| 助教 | 安島理恵子 | Assist. Prof. | AJIMA, Rieko |
| 博士研究員 | 呉 泉 | Postdoc | WU, Quan |
| 博士研究員 | 周 智 | Postdoc | ZHOU, Zhi |
| 博士研究員 | 平野孝昌 | Postdoc | HIRANO, Takamasa |
| 総研大 D5 | 櫻井隆順 | D5 Student SOKENDAI | SAKURAI, Takayuki |
| 総研大 D5 | 坂口あかね | D5 Student SOKENDAI | SAKAGUCHI, Akane |
| 総研大 D5 | プイ, ハン ピン | D5 Student SOKENDAI | PUI, Han Pin |
| 総研大 D2 | 福田胡桃 | D2 Student SOKENDAI | FUKUDA, Kurumi |
| 総研大 D1 | 島田龍輝 | D1 Student SOKENDAI | SHIMADA, Tatsuki |

□マウス開発研究室 Mouse Genomics Resource Laboratory

| | | | |
|--------|------|---------------------|---------------------|
| 准教授 | 小出 剛 | Assoc. Prof. | KOIDE, Tsuyoshi |
| 助教 | 吉見一人 | Assist. Prof. | YOSHIMI, Kazuto |
| 博士研究員 | 堀井康行 | Postdoc | HORII, Yasuyuki |
| 総研大 D3 | 松本悠貴 | D3 Student SOKENDAI | MATSUMOTO, Yuki |
| 総研大 D1 | 永山博通 | D1 Student SOKENDAI | NAGAYAMA, Hiromichi |

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

| | | | |
|--------|------|---------------------|---------------------|
| 准教授 | 酒井則良 | Assoc. Prof. | SAKAI, Noriyoshi |
| 博士研究員 | 河崎敏広 | Postdoc | KAWASAKI, Toshihiro |
| 総研大 D4 | 竹本一政 | D4 Student SOKENDAI | TAKEMOTO, Kazumasa |

□植物遺伝研究室 Plant Genetics Laboratory

| | | | |
|-------|-------------|---------------|------------------|
| 教授 | 倉田のり | Prof. | KURATA, Nori |
| 助教 | 久保貴彦 | Assist. Prof. | KUBO, Takahiko |
| 博士研究員 | 藤田雅丈 | Postdoc | FUJITA, Masahiro |
| 博士研究員 | シェントン, マシュー | Postdoc | SHENTON, Matthew |

□原核生物遺伝研究室 Microbial Genetics Laboratory

| | | | |
|---------------------|------|----------------------|----------------|
| 教授 | 仁木宏典 | Prof. | NIKI, Hironori |
| 助教 | 青木敬太 | Assist. Prof. | AOKI, Keita |
| 博士研究員 | 野崎晋五 | Postdoc | NOZAKI, Shingo |
| 博士研究員 | 岡本 尚 | Postdoc | OKAMOTO, Sho |
| 博士研究員 | 矢野晃一 | Postdoc | YANO, Koichi |
| 日本学術振興会 特別研究員SPD | 中井亮佑 | JSPS Research Fellow | NAKAI, Ryosuke |
| 日本学術振興会 特別研究員 | 清家泰介 | JSPS Research Fellow | SEIKE, Taisuke |

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

| | | | |
|-------|------|---------------|---------------------|
| 教授 | 上田 龍 | Prof. | UEDA, Ryu |
| 助教 | 近藤 周 | Assist. Prof. | KONDO, Shu |
| 博士研究員 | 林 貴史 | Postdoc | HAYASHI, Takashi |
| 博士研究員 | 山本雅敏 | Postdoc | YAMAMOTO, Masatoshi |

□系統情報研究室

| | | | |
|-----|-------|--------------|------------------|
| 准教授 | 山崎由紀子 | Assoc. Prof. | YAMAZAKI, Yukiko |
|-----|-------|--------------|------------------|

□生物遺伝資源情報研究室 Genome Biology Laboratory

| | | | |
|-------|-------|---------------|------------------|
| 特任教授 | 小原雄治 | Project Prof. | KOHARA, Yuji |
| 助教 | 安達佳樹 | Assist. Prof. | ANDACHI, Yoshiki |
| 博士研究員 | 金野宏之 | Postdoc | KONNO, Hiroyuki |
| 博士研究員 | 田原浩昭 | Postdoc | TABARA, Hiroaki |
| 研究員 | 平木秀明 | Researcher | HIRAKI, Hideaki |
| 研究員 | 植田ゆみ子 | Researcher | UETA, Yumiko |

構造遺伝学研究中心 Structural Biology Center

| | | | |
|----------|-----|------|---------------|
| センター長(兼) | 澤 斉 | Head | SAWA, Hitoshi |
|----------|-----|------|---------------|

□生体高分子研究室 Biological Macromolecules Laboratory

| | | | |
|--------------------------------------|-------|---|--------------------|
| 教授 | 前島一博 | Prof. | MAESHIMA, Kazuhiro |
| 助教 | 井手 聖 | Assist. Prof. | IDE, Satoru |
| 助教 | 日比野佳代 | Assist. Prof. | HIBINO, Kayo |
| 総研大 D3 | 今井亮輔 | D3 Student SOKENDAI | IMAI, Ryosuke |
| 総研大 D2 | 端保 舞 | D2 Student SOKENDAI | TANBO, Mai |
| 総研大 D2 | 佐々木飛鳥 | D2 Student SOKENDAI | SASAKI, Asuka |
| 総研大 D2 | 永島峻甫 | D2 Student SOKENDAI | NAGASHIMA, Ryosuke |
| 特別共同利用研究員 (慶応義塾大学大学院/ 学振特別研究員) | 野崎 慎 | Special joint researcher, JSPS Research Fellow | NOZAKI, Tadasu |

□細胞建築研究室 Cell Architecture Laboratory

| | | | |
|--------|-------|---------------------|--------------------|
| 准教授 | 木村 暁 | Assoc. Prof. | KIMURA, Akatsuki |
| 助 教 | 木村健二 | Assist. Prof. | KIMURA, Kenji |
| 博士研究員 | 近藤 興 | Postdoc | KONDO, Tomo |
| 博士研究員 | 菊池 薫平 | Postdoc | KIKUCHI, Yohei |
| 総研大 D4 | 山本一徳 | D4 Student SOKENDAI | YAMAMOTO, Kazunori |

□多細胞構築研究室 Multicellular Organization Laboratory

| | | | |
|-------|------|---------------|-----------------|
| 教 授 | 澤 斉 | Prof. | SAWA, Hitoshi |
| 助 教 | 伊原伸治 | Assist. Prof. | IHARA, Shinji |
| 博士研究員 | 金 銀華 | Postdoc | JIN, Yinhua |
| 博士研究員 | 中山創平 | Postdoc | NAKAYAMA, Sohei |

□遺伝子回路研究室 Gene Network Laboratory

| | | | |
|-----|-------|---------------|------------------|
| 准教授 | 鈴木えみ子 | Assoc. Prof. | SUZUKI, Emiko |
| 助 教 | 田守洋一郎 | Assist. Prof. | TAMORI, Yoichiro |

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

| | | | |
|----------|-------|------|----------------|
| センター長(兼) | 大久保公策 | Head | OKUBO, Kousaku |
|----------|-------|------|----------------|

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

| | | | |
|------------------------|-----------|--------------------------|--------------------|
| 准教授 | 池尾一穂 | Assoc. Prof. | IKEO, Kazuho |
| 助 教 | 野澤昌文 | Assist. Prof. | NOZAWA, Masafumi |
| 博士研究員 | 金城その子 | Postdoc | KINJO, Sonoko |
| 博士研究員 | 北村徳一 | Postdoc | KITAMURA, Norikazu |
| 博士研究員 | 松本 薫 | Postdoc | MATSUMOTO, Kaoru |
| 博士研究員 | 水谷尚志 | Postdoc | MIZUTANI, Hisashi |
| 研究員 | 村岡正文 | Researcher | MURAOKA, Masafumi |
| 日本学術振興会 特別研究員 | 湯山育子 | JSPS Research Fellow | YUYAMA, Ikuko |
| 総研大 D5 | 石川昌和 | D5 Student SOKENDAI | ISHIKAWA, Masakazu |
| 総研大 D1 | 飯塚朋代 | D1 Student SOKENDAI | IIZUKA, Tomoyo |
| 特別共同利用研究員 (京都大学大学院) | スルタナ, ザキア | Special joint researcher | SULTANA, Zakea |

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

| | | | |
|--------|------|---------------------|-----------------|
| 教 授 | 有田正規 | Prof. | ARITA, Masanori |
| 博士研究員 | 向田志保 | Postdoc | MUKAIDA, Shiho |
| 総研大 D3 | 田中 弥 | D3 Student SOKENDAI | TANAKA, Wataru |

□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 | 長崎英樹 | Postdoc | NAGASAKI, Hideki |
| 研究員 | 藤澤貴智 | Researcher | FUJISAWA, Takatomo |

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

| | | | |
|-------|------|---------|-------------------|
| 教 授 | 高木利久 | Prof. | TAKAGI, Toshihisa |
| 博士研究員 | 原 一夫 | Postdoc | HARA, Kazuo |
| 博士研究員 | 奥田喜弘 | Postdoc | OKUDA, Yoshihiro |

□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 |
| 助 教 | 小笠原 理 | Assist. Prof. | OGASAWARA, Osamu |

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

| | | | |
|-------|-------|----------------------|-----------------|
| 教 授 | 藤山秋佐夫 | Prof. | FUJIYAMA, Asao |
| 特任准教授 | 豊田 敦 | Project Assoc. Prof. | TOYODA, Atsushi |

| | | | |
|-------|-------|------------|------------------|
| 博士研究員 | 福多賢太郎 | Postdoc | FUKUTA, Kentaro |
| 研究員 | 会津智幸 | Researcher | AIZU, Tomoyuki |
| 研究員 | 江島史緒 | Researcher | EJIMA, Fumiwo |
| 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 |

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 | 劉 華 | Postdoc | LIU, Hua |
| 博士研究員 | 小野聖二郎 | Postdoc | ONO, Seijiro |

客員研究部門 Adjunct Faculty

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

| | | | |
|------|-------------------|----------------|--------------------|
| 客員教授 | ベルmont, アンドリュー S. | Visiting Prof. | BELMONT, Andrew S. |
| 客員教授 | デッカー, ジョブ | Visiting Prof. | DEKKER, Job |

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

| | | | |
|------|---------------|----------------|-------------------|
| 客員教授 | シェラット, デヴィット | Visiting Prof. | SHERRATT, David |
| 客員教授 | ロスSTEIN, ロドニー | Visiting Prof. | ROTHSTEIN, Rodney |

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

| | | | |
|------|---------------|----------------|-----------------|
| 客員教授 | エンガルト, フローリアン | Visiting Prof. | ENGERT, Florian |
| 客員教授 | ゼン, ホンクイ | Visiting Prof. | ZENG, Hongkui |

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

| | | | |
|------|---------------|----------------|--------------------|
| 客員教授 | エクスコアエ, ローレント | Visiting Prof. | EXCOFFIER, Laurent |
| 客員教授 | 龍 漫遠 | Visiting Prof. | LONG, Manyuan |

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

| | | | |
|-------|-------------|-----------------------|-------------------|
| 客員教授 | 佐々木裕之 | Visiting Prof. | SASAKI, Hiroyuki |
| 客員准教授 | ジルバマン, ダニエル | Visiting Assoc. Prof. | ZILBERMAN, Daniel |

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 |
|----------|------|------|----------------|

生物遺伝資源センター Genetic Resource Center

| | | | |
|----------|------|------|--------------|
| センター長(兼) | 倉田のり | Head | KURATA, Nori |
|----------|------|------|--------------|

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

| | | | |
|---------|------|---------------|----------------------|
| 教 授(兼) | 城石俊彦 | Prof. | SHIROISHI, Toshihiko |
| 教 授(兼) | 川上浩一 | Prof. | KAWAKAMI, Koichi |
| 教 授(兼) | 上田 龍 | Prof. | UEDA, Ryu |
| 教 授(兼) | 仁木宏典 | Prof. | NIKI, Hironori |
| 教 授(兼) | 倉田のり | Prof. | KURATA, Nori |
| 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) | 近藤 周 | Assist. Prof. | KONDO, Shu |
| 助 教(兼) | 青木敬太 | Assist. Prof. | AOKI, Keita |
| 助 教(兼) | 久保貴彦 | Assist. Prof. | KUBO, Takahiko |
| 助 教(兼) | 津田勝利 | Assist. Prof. | TSUDA, Katsutoshi |

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

| | | | |
|--------|-------|--------------|------------------|
| 准教授(兼) | 山崎由紀子 | Assoc. Prof. | YAMAZAKI, Yukiko |
|--------|-------|--------------|------------------|

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

| | | | |
|----------|-------|------|----------------|
| センター長(兼) | 藤山秋佐夫 | Head | FUJIYAMA, Asao |
|----------|-------|------|----------------|

| | | | |
|----------|-------|----------------------|-----------------|
| 教 授(兼) | 藤山秋佐夫 | Prof. | FUJIYAMA, Asao |
| 特任教授(兼) | 小原雄治 | Project Prof. | KOHARA, Yuji |
| 特任准教授(兼) | 豊田 敦 | Project Assoc. Prof. | TOYODA, Atsushi |
| 特任准教授 | 野口英樹 | Project Assoc. Prof. | NOGUCHI, Hideki |

DDBJセンター DDBJ Center

| | | | |
|----------|------|------|-------------------|
| センター長(兼) | 高木利久 | Head | TAKAGI, Toshihisa |
|----------|------|------|-------------------|

| | | | |
|--------|-------|---------------|--------------------|
| 教 授(兼) | 高木利久 | Prof. | TAKAGI, Toshihisa |
| 教 授(兼) | 中村保一 | Prof. | NAKAMURA, Yasukazu |
| 教 授(兼) | 有田正規 | Prof. | ARITA, Masanori |
| 教 授(兼) | 大久保公策 | Prof. | OKUBO, Kousaku |
| 助 教(兼) | 神沼英里 | Assist. Prof. | KAMINUMA, Eii |
| 助 教(兼) | 小笠原 理 | Assist. Prof. | OGASAWARA, Osamu |
| 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 | 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) | 有田正規 | Head | ARITA, Masanori |
|----------|------|------|-----------------|

| | | | |
|--------|-------|-------|-------------------|
| 教 授(兼) | 有田正規 | Prof. | ARITA, Masanori |
| 教 授(兼) | 高木利久 | Prof. | TAKAGI, Toshihisa |
| 教 授(兼) | 大久保公策 | Prof. | OKUBO, Kousaku |
| 教 授(兼) | 藤山秋佐夫 | Prof. | FUJIYAMA, Asao |

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 |
|----------|-------|------|--------------|

| | | | |
|--------|-------|---------------|--------------|
| 教 授(兼) | 相賀裕美子 | Prof. | SAGA, Yumiko |
| 助 教(兼) | 安島理恵子 | Assist. Prof. | AJIMA, Rieko |

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

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

| | | | |
|--------|------|---------------|-----------------|
| 准教授(兼) | 小出 剛 | Assoc. Prof. | KOIDE, Tsuyoshi |
| 助 教(兼) | 吉見一人 | Assist. Prof. | YOSHIMI, Kazuto |

新領域融合研究センター Transdisciplinary Research Integration Center

口 遺伝研で研究しているメンバー Members at NIG

| | | | |
|-------|-------|----------------------|-----------------------|
| 特任准教授 | 柳原克彦 | Project Assoc. Prof. | YANAGIHARA, Katsuhiko |
| 特任准教授 | 馬場知哉 | Project Assoc. Prof. | BABA, Tomoya |
| 博士研究員 | 和田浩則 | Postdoc | WADA, Hironori |
| 博士研究員 | 木曾彩子 | Postdoc | KISO, Ayako |
| 博士研究員 | 二宮洋一郎 | Postdoc | NINOMIYA, Youichirou |
| 博士研究員 | 趙 薇 | Postdoc | ZHAO, Wei |
| 博士研究員 | 田邊 彰 | Postdoc | TANAVE, Akira |
| 博士研究員 | 春島嘉章 | Postdoc | HARUSHIMA, Yoshiaki |
| 博士研究員 | 鹿児島 浩 | Postdoc | KAGOSHIMA, Hiroshi |
| 研究員 | 堀内陽子 | Researcher | HORIUCHI, Youko |
| 研究員 | 望月孝子 | Researcher | MOCHIZUKI, Takako |

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

口 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 | OHTA, Tazro |

創薬等支援技術基盤プラットフォーム Platform for drug discovery, informatics and structural life science

| | | | |
|------|-------|---------------|-------------------|
| 特任教授 | 五條堀 孝 | Project Prof. | GOJOBORI, Takashi |
| 特任教授 | 中村春木 | Project Prof. | NAKAMURA, Haruki |
| 特任教授 | 由良 敬 | Project Prof. | YURA, Kei |

知的財産室 Intellectual Property Unit

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

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

| | | | |
|-----------------|-------|------------------------|-------------------|
| 室長・特任教授 | 広海 健 | Director | HIROMI, Yasushi |
| リサーチ・アドミニストレーター | 来栖光彦 | Research Administrator | KURUSU, Mitsuhiko |
| 助 教 | 清野浩明 | Assist. Prof. | SEINO, Hiroaki |
| 博士研究員 | 小林百合 | Postdoc | KOBAYASHI, Yuri |
| 博士研究員 | 伊東真知子 | Postdoc | ITOH, Machiko |

Staff of Administration Department and Technical Section

管理部と技術課職員

| 管理部 Department of Administration | | | |
|---|------------------|-------|----------------------|
| 管理部長 | General Manager | 井上明夫 | INOUE, Akio |
| 総務企画課 General Affairs and Project Section | | | |
| 課長 | Manager | 柴川芳範 | SHIBAKAWA, Yoshinori |
| 副課長 | Deputy Manager | 中尾 淳 | NAKAO, Makoto |
| □ 総務・教育チーム General Affairs / Education Team | | | |
| 係長(兼) | Subsection Chief | 中尾 淳 | NAKAO, Makoto |
| □ 人事・労務チーム Personnel Team | | | |
| 係長 | Subsection Chief | 齊藤麻衣子 | SAITO, Maiko |
| □ 研究推進チーム Research Promotion Team | | | |
| 係長 | Subsection Chief | 鈴木由美子 | SUZUKI, Yumiko |
| 財務課 Financial Affairs Section | | | |
| 課長 | Manager | 久保 信 | KUBO, Makoto |
| 副課長(施設担当) | Deputy Manager | 堀籠利宏 | HORIGOME, Toshihiro |
| □ 財務チーム Financial Affairs Team | | | |
| 係長 | Subsection Chief | 鈴木政敏 | SUZUKI, Masatoshi |
| □ 調達チーム Supplies Team | | | |
| 係長 | Subsection Chief | 渡邊 晃 | WATANABE, Akira |
| □ 施設チーム Facilities Team | | | |
| 係長 | Subsection Chief | 光江一之 | MITSUE, Kazuyuki |

| 技術課 Technical Section | | | |
|------------------------------|---------------------------|-------|---------------------|
| 課長(兼) | Manager | 倉田のり | KURATA, Nori |
| 課長補佐 | Deputy Manager | 永口 貢 | EIGUCHI, Mitsugu |
| 動物班 Animal Unit | | | |
| 第二技術係長 | Technical Group-II Leader | 水品洋一 | MIZUSHINA, Yoichi |
| 技術職員 | Technical Staff | 矢野弘之 | YANO, Hiroyuki |
| 技術職員 | Technical Staff | 木曾 誠 | KISO, Makoto |
| 技術職員 | Technical Staff | 前野哲輝 | MAENO, Akiteru |
| 技術職員 | Technical Staff | 山谷宣子 | YAMATANI, Noriko |
| 技術職員 | Technical Staff | 今井悠二 | IMAI, Yuji |
| 植物・微生物班 Plant-Microbial Unit | | | |
| 班長(兼) | Unit Leader | 永口 貢 | EIGUCHI, Mitsugu |
| 第一技術係長 | Technical Group-I Leader | 古海弘康 | FURUUMI, Hiroyasu |
| 第二技術係長 | Technical Group-II Leader | 宮林登志江 | MIYABAYASHI, Toshie |
| 技術職員 | Technical Staff | 坂本佐知子 | SAKAMOTO, Sachiko |
| 機器班 Mechanical Unit | | | |
| 技術職員 | Technical Staff | 大石あかね | OISHI, Akane |
| 技術職員 | Technical Staff | 坂 季美子 | SAKA, Kimiko |

| | | |
|-----------------|----|--|
| 所長 | 1 | Director - General |
| 教授 | 22 | Professors |
| 准教授 | 10 | Associate Professors |
| 助教 | 30 | Assistant Professors |
| 客員教授 | 10 | Adjunct Professors |
| 小計 (所長、客員教授を除く) | 62 | (excluding Director - General and Adjunct Professors) Subtotal |
| 管理部 | 20 | Administration Staffs |
| 技術課 | 12 | Technicians |
| 合計 (所長、客員教授を除く) | 94 | (excluding Director - General and Adjunct Professors) Total |

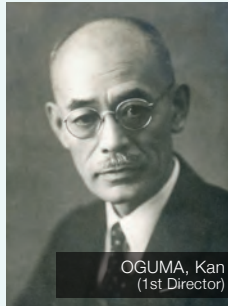
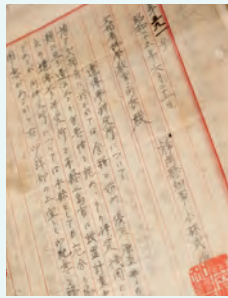
(2015年4月1日現在)

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



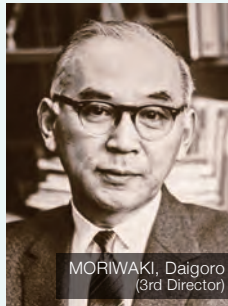
- 1960年 4月30日 人類遺伝部設置
- 1962年 4月1日 微生物遺伝部設置
- 1964年 4月1日 集団遺伝部設置
- 1969年 4月1日 森脇大五郎 第3代所長就任,
分子遺伝部設置
- 1974年 4月1日 植物保存研究室設置
- 1975年 3月1日 田島彌太郎 第4代所長就任
- 10月1日 遺伝実験生物保存研究施設動物保存
研究室設置
- 1976年 10月1日 遺伝実験生物保存研究施設微生物保存
研究室設置
- 1983年 10月1日 松永 英 第5代所長就任
- 1984年 4月12日 大学共同利用機関に改組 遺伝実験
生物保存研究センター (哺乳動物保
存・無脊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



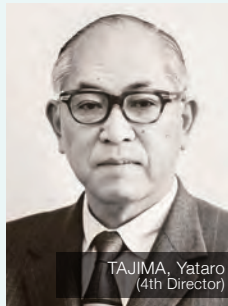
OGUMA, Kan
(1st Director)



KIHARA, Hitoshi
(2nd Director)



MORIWAKI, Daigoro
(3rd Director)



TAJIMA, Yataro
(4th Director)



MATSUNAGA, Ei
(5th Director)

- 1949 Jun. 1 Established under the jurisdiction of the
Ministry of Education, Science, Sports and
Culture. Started with an administrative
department and three research departments.
- Aug. 10 Prof. Kan Oguma was elected the 1st Director.
- 1953 Jan. 1 Three research departments were reorganized
as the Departments of Morphological
Genetics, Cytological Genetics and
Physiological Genetics.
- Aug. 1 Department of Biochemical Genetics was
added.
- 1954 Jul. 1 Department of Applied Genetics was added.
- 1955 Sep. 15 Department of Induced Mutation was added.
- Oct. 1 Prof. Hitoshi Kihara was elected the 2nd
Director.
- 1960 Apr. 30 Department of Human Genetics was added.
- 1962 Apr. 1 Department of Microbial Genetics was added.
- 1964 Apr. 1 Department of Population Genetics was
added.
- 1969 Apr. 1 Prof. Daigoro Moriwaki was elected the 3rd
Director. Department of Molecular Biology
was added.
- 1974 Apr. 1 Plant Genetic Stock Laboratory was
established.
- 1975 Mar. 1 Dr. Yataro Tajima was elected the 4th Director.
- Oct. 1 Animal Section was added in the Genetic
Stock Center.
- 1976 Oct. 1 Microbial Section was added in the Genetic
Stock Center.
- 1983 Oct. 1 Dr. Ei Matsunaga was elected the 5th Director.
- 1984 Apr. 12 Reorganized as an inter-university research
institute for joint use by universities. The DNA
Research Center (DNA Structure and
Recombinant DNA Laboratories) and the
Experimental Farm were established. The
Genetic Stock Research Center was
expanded into five laboratories: the Genetic
Resources Laboratory was added and the
Animal Section was divided into the
Mammalian and Invertebrate Laboratories.
- 1985 Apr. 1 The DNA Synthesis and DNA Data Analysis
Laboratories were added in the DNA
Research Center.
- 1987 Jan. 12 The DNA Data Bank of Japan began its
operations.
- 1988 Apr. 8 The Radio-isotope Center was established.
The Gene Library Laboratory was added in
the DNA Research Center.
- Oct. 1 The Graduate University for Advanced Studies
was established. The Department of Genetics,
School of Life Science of the University began
accepting students.
- 1989 Oct. 1 Dr. Jun-ichi Tomizawa was elected the 6th
Director.
- 1993 Apr. 1 The Mammalian Development Laboratory was
added in the Genetic Stock Research Center.
- 1994 Jun. 24 The Gene Function Research Laboratory was
added in the DNA Research Center.
- 1995 Apr. 1 The Center for Information Biology was
established.
- 1996 May 11 The DNA Research Center was reorganized as
the Structural Biology Center consisting of
5 laboratories (Biological Macromolecules,
Molecular Biomechanism, Multicellular
Organization, Biomolecular Structure and
Gene Network).

| | | | | | | |
|-------|-------|--|---|------|--------|--|
| 1997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・発生工学研究室, イネ系統研究分野植物遺伝研究室, 大腸菌系統研究分野原核生物遺伝研究室, 無脊椎動物系統研究分野無脊椎動物遺伝研究室の5研究室振替) 生物遺伝資源情報総合センター設置 (系統情報研究室振替, 生物遺伝資源情報研究室設置) |  | 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). |
| | 10月1日 | 堀田凱樹 第7代所長就任 | | | Oct. 1 | Dr. Yoshiki Hotta was elected the 7th Director. |
| 1998年 | 4月9日 | 個体遺伝研究系に初期発生研究部門を設置, 総合遺伝研究系に脳機能研究部門を設置 |  | 1998 | Apr. 9 | The Division of Early Embryogenesis was added in the Department of Developmental Genetics. The Division of Brain Function was added in the Department of Integrated Genetics. |
| 2001年 | 4月1日 | 生命情報・DDBJ研究センター設置 (生命情報研究センターの改組) (分子分類研究室振替, データベース運用開発研究室設置, 遺伝子発現解析研究室設置) | | 2001 | Apr. 1 | The Center for Information Biology was reorganized as the Center for Information Biology and DNA Data Bank of Japan. The new center consists of 5 laboratories. The Laboratory of Molecular Classification of the former center was renamed as the Laboratory for Research and Development of Biological Databases in the new center. The Laboratory for Gene-Expression Analysis was added in the new center. |
| 2002年 | 4月1日 | 系統生物研究センターに遺伝子改変系統開発研究分野マウス開発研究室, 小型魚類開発研究室を設置 |  | 2002 | Apr. 1 | Two laboratories, Mouse Genomics Resource Laboratory and Model Fish Genomics Resource Laboratory, were added to the Genetic Strains Research Center. |
| 2003年 | 4月1日 | 分子遺伝研究系に分子機構研究室, 系統生物研究センターに新分野創造研究室, 生物遺伝資源情報総合センターに比較ゲノム解析研究室, 広報知財権研究室を設置 | | 2003 | Apr. 1 | The Molecular Mechanisms was added to the molecular Genetics. The Laboratory for Frontier Research was added to the Genetic Strains Research Center. Two laboratories, Comparative Genomics Laboratory and Publicity and Intellectual Property Unit, were added to the Center for Genetic Resource Information. |
| 2004年 | 4月1日 | 大学共同利用機関法人情報・システム研究機構国立遺伝学研究所設置 | | 2004 | Apr. 1 | Reorganized as Research Organization of Information and Systems, Inter-University Research Institute Corporation, together with three other national institutes. |
| | 12月1日 | 小原雄治 第8代所長就任 | | | Dec. 1 | Dr. Yuji Kohara was elected the 8th Director. |
| 2005年 | 4月1日 | 知的財産室を設置 | | 2005 | Apr. 1 | Intellectual Property Unit was added. |
| 2006年 | 4月1日 | 新分野創造センター設置 (細胞系譜研究室, 神経形態研究室, 細胞建築研究室設置) |  | 2006 | Apr. 1 | The Center for Frontier Research was established. The Laboratory for Cell Lineage, Neural Morphogenesis and Cell Architecture was added in the new center. |
| 2011年 | 10月1日 | 先端ゲノミクス推進センター設置 | | 2011 | Oct. 1 | Advanced Genomics Center was established. |
| 2012年 | 4月1日 | 研究センターの改組、共同利用事業センター (生物遺伝資源センター、DDBJセンター)、支援センター (情報基盤ユニット) を設置 | | 2012 | Apr. 1 | The Research Center was reorganized, The Intellectual Infrastructure Centers (The center for Genetic Resource Center and DDBJ Center) and the Support Centers (The IT Unit) were established. |
| | 12月1日 | 桂 勲 第9代所長就任 | | | Dec. 1 | Dr. Isao Katsura was elected the 9th Director. |
| 2014年 | 4月1日 | リサーチ・アドミニストレーター室を設置 |  | 2014 | Apr. 1 | Office for Research Development was added. |
| 2015年 | 4月1日 | 動物飼育実験施設を設置 | | 2015 | Apr. 1 | Unit for Experimental Animal Care was established. |



Publications in 2014

| Journal Title | Number | Journal Title | Number | Journal Title | Number |
|--|--------|----------------------------------|--------|-------------------------------------|--------|
| <i>Cell</i> | 2 | <i>Genome Research</i> | 2 | <i>J. American Chemical Society</i> | 1 |
| <i>Science</i> | 1 | <i>J. Clinical Investigation</i> | 1 | <i>Autophagy</i> | 1 |
| <i>Nature Cell Biology</i> | 1 | <i>Genes & Development</i> | 1 | <i>Nature Communications</i> | 4 |
| <i>Immunity</i> | 1 | <i>Trends in Cell Biology</i> | 1 | <i>Developmental Cell</i> | 3 |
| <i>Neuron</i> | 1 | <i>Cell Research</i> | 1 | <i>Current Biology</i> | 6 |
| <i>Molecular Biology and Evolution</i> | 2 | <i>PLOS Biology</i> | 1 | <i>PNAS</i> | 1 |
| <i>J. Experimental Medicine</i> | 1 | <i>Trends in Genetics</i> | 1 | <i>Plant Cell</i> | 2 |

- Akiba, T., Hibara, K., Kimura, F., Tsuda, K., Shibata, K., Ishibashi, M., Moriya, C., Nakagawa, K., Kurata, N., Itoh, J., and Ito, Y. (2014). Organ fusion and defective shoot development in *oni3* mutants of rice. *Plant Cell Physiol.* 55, 42-51.
- Arakawa, H., Suzuki, A., Zhao, S., Tsytarev, V., Lo, F.S., Hayashi, Y., Ito, H., Iwamoto, T., and Erzurumlu, R.S. (2014). Thalamic NMDA receptor function is necessary for patterning of the thalamocortical somatosensory map and for sensorimotor behaviors. *J. Neurosci.* 34, 12001-12014.
- Arakawa, T., Tanave, A., Ikeuchi, S., Takahashi, A., Kakiyama, S., Kimura, S., Sugimoto, H., Asada, N., Shiroishi, T., Tomihara, K., Tsuchiya, T., and Koide, T. (2014). A male-specific QTL for social interaction behavior in mice mapped with automated pattern detection by a hidden Markov model incorporated into newly developed freeware. *J. Neurosci. Methods* 234, 127-134.
- Arimura, Y., Shirayama, K., Horikoshi, N., Fujita, R., Taguchi, H., Kagawa, W., Fukagawa, T., Almouzni, G., and Kurumizaka, H. (2014). Crystal structure and stable property of the cancer-associated heterotypic nucleosome containing CENP-A and H3.3. *Sci. Rep.* 4, 7115.
- Asamizu, E., Ichihara, H., Nakaya, A., Nakamura, Y., Hirakawa, H., Ishii, T., Tamura, T., Fukami-Kobayashi, K., Nakajima, Y., and Tabata, S. (2014). Plant Genome DataBase of Japan (PGDBJ): a portal website for the integration of plant genome-related databases. *Plant Cell Physiol.* 55, e8.
- Bachtrög, D., Mank, J.E., Peichel, C.L., Kirkpatrick, M., Otto, S.P., Ashman, T.L., Hahn, M.W., Kitano, J., Mayrose, I., Ming, R., Perrin, N., Ross, L., Valenzuela, N., and Vamosi, J.C. (2014). Sex determination: why so many ways of doing it? *PLoS Biol.* 12, e1001899.
- Berman, H.M., Burley, S.K., Kleywegt, G.J., Nakamura, H., Markley, J.L. (2014). Response to on prompt update of literature references in the Protein Data Bank. *Acta Crystallogr. D Biol. Crystallogr.* 70, 2780.
- Borgius, L., Nishimaru, H., Caldeira, V., Kunugise, Y., Low, P., Reig, R., Ito, H., Iwamoto, T., and Kiehn, O. (2014). Spinal glutamatergic neurons defined by EphA4 signaling are essential components of normal locomotor circuits. *J. Neurosci.* 34, 3841-3853.
- Cha, J., Bartos, A., Park, C., Sun, X., Li, Y., Cha, S.W., Ajima, R., Ho, H.Y., Yamaguchi, T.P., and Dey, S.K. (2014). Appropriate crypt formation in the uterus for embryo homing and implantation requires Wnt5a-ROR signaling. *Cell Rep.* 8, 382-392.
- Chisada, S., Kurokawa, T., Murashita, K., Ronnestad, I., Taniguchi, Y., Toyoda, A., Sakaki, Y., Takeda, S., and Yoshiura, Y. (2014). Leptin receptor-deficient (knockout) medaka, *Oryzias latipes*, show chronic up-regulated levels of orexigenic neuropeptides, elevated food intake and stage specific effects on growth and fat allocation. *Gen. Comp. Endocrinol.* 195, 9-20.
- Dasgupta, B., Nakamura, H., and Kinjo, A.R. (2014). Rigid-body motions of interacting proteins dominate multispecific binding of ubiquitin in a shape-dependent manner. *Proteins* 82, 77-89.
- Dasgupta, B., Kasahara, K., Kamiya, N., Nakamura, H., and Kinjo, A.R. (2014). Specific non-local interactions are not necessary for recovering native protein dynamics. *PLoS One* 9, e91347.
- Deivasigamani, S., Verma, H.K., Ueda, R., Ratnaparkhi, A., and Ratnaparkhi, G.S. (2014). A genetic screen identifies Tor as an interactor of VAPB in a Drosophila model of amyotrophic lateral sclerosis. *Biol. Open* 3, 1127-1138.
- Dou, X., Kuriki, S., Maeno, A., Takada, T., and Shiroishi, T. (2014). Influence analysis in quantitative trait loci detection. *Biom. J.* 56, 697-719.
- Fan, Z., Zhao, G., Li, P., Osada, N., Xing, J., Yi, Y., Du, L., Silva, P., Wang, H., Sakate, R., Zhang, X., Xu, H., Yue, B., and Li, J. (2014). Whole-genome sequencing of tibetan macaque (*Macaca thibetana*) provides new insight into the macaque evolutionary history. *Mol. Biol. Evol.* 31, 1475-1489.
- Fawcett, J.A., Iida, T., Takuno, S., Sugino, R.P., Kado, T., Kugou, K., Mura, S., Kobayashi, T., Ohta, K., Nakayama, J., and Innan, H. (2014). Population genomics of the fission yeast *Schizosaccharomyces pombe*. *PLoS One* 9, e104241.
- Federhen, S., Clark, K., Barrett, T., Parkinson, H., Ostell, J., Kodama, Y., Mashima, J., Nakamura, Y., Cochrane, G., and Karsch-Mizrachi, I. (2014). Toward richer metadata for microbial sequences: replacing strain-level NCBI taxonomy taxids with BioProject, BioSample and Assembly records. *Stand. Genomic Sci.* 9, 1275-1277.
- Forth, S., Hsia, K.C., Shimamoto, Y., and Kapoor, T.M. (2014). Asymmetric friction of nonmotor MAPs can lead to their directional motion in active microtubule networks. *Cell* 157, 420-432.
- Fox, D. 3rd, Yan, Z., Ling, C., Zhao, Y., Lee, D.Y., Fukagawa, T., Yang, W., and Wang, W. (2014). The histone-fold complex MHF is remodeled by FANCM to recognize branched DNA and protect genome stability. *Cell Res.* 24, 560-575.
- Fuji, J., Kodama, M., Oike, A., Matsuo, Y., Min, M.S., Hasebe, T., Ishizuya-Oka, A., Kawakami, K., and Nakamura, M. (2014). Involvement of androgen receptor in sex determination in an amphibian species. *PLoS One* 9, e93655.
- Fujimoto, S., Kawajiri, M., Kitano, J., and Yamahira, K. (2014). Female mate preference for longer fins in medaka. *Zool. Sci.* 31, 703-708.
- Fukagawa, T., and Earnshaw, W.C. (2014). The centromere: chromatin foundation for the kinetochore machinery. *Dev. Cell* 30, 496-508.
- Fukagawa, T., and Earnshaw, W.C. (2014). Neocentromeres. *Curr. Biol.* 24, R946-7.
- Fukuda, I., Kamiya, N., and Nakamura, H. (2014). The zero-multiple summation method for estimating electrostatic interactions in molecular dynamics: analysis of the accuracy and application to liquid systems. *J. Chem. Phys.* 140, 194307.
- Funabiki, M., Kato, H., Miyachi, Y., Toki, H., Motegi, H., Inoue, M., Minowa, O., Yoshida, A., Deguchi, K., Sato, H., Ito, S., Shiroishi, T., Takeyasu, K., Noda, T., and Fujita, T. (2014). Autoimmune disorders associated with gain of function of the intracellular sensor MDA5. *Immunity* 40, 199-212.
- Ganley, A.R., and Kobayashi, T. (2014). Ribosomal DNA and cellular senescence: new evidence supporting the connection between rDNA and aging. *FEMS Yeast Res.* 14, 49-59.
- Gotoh, H., Miyakawa, H., Ishikawa, A., Ishikawa, Y., Sugime, Y., Emlen, D.J., Lavine, L.C., and Miura, T. (2014). Developmental link between sex and nutrition; doublesex regulates sex-specific mandible growth via juvenile hormone signaling in stag beetles. *PLoS Genet.* 10, e1004098.
- Hasegawa, K., and Saga, Y. (2014). FGFR-FGFR1 signaling acts as a niche factor for maintaining undifferentiated spermatogonia in the mouse. *Biol. Reprod.* 91, 145.
- Hasegawa, Y., Arita, M. (2014). Optimal implementations for reliable circadian clocks. *Phys. Rev. Lett.* 113, 108101.
- Hasegawa, Y., and Arita, M. (2014). Circadian clocks optimally adapt to sunlight for reliable synchronization. *J. R. Soc. Interface* 11, 20131018.
- Hayano, T., Yokota, Y., Hosomichi, K., Nakaoka, H., Yoshihara, K., Adachi, S., Kashima, K., Tsuda, H., Moriya, T., Tanaka, K., Enomoto, T., and Inoue, I. (2014). Molecular characterization of an intact p53 pathway subtype in high-grade serous ovarian cancer. *PLoS One* 9, e114491.
- Hettiarachchi, N., Kryukov, K., Sumiyama, K., and Saitou, N. (2014). Lineage-specific conserved noncoding sequences of plant genomes: their possible role in nucleosome positioning. *Genome Biol. Evol.* 6, 2527-2542.
- Hirata, A., Nokihara, K., Kawamoto, Y., Bando, T., Sasaki, A., Ide, S., Maeshima, K., Kasama, T., and Sugiyama, H. (2014). Structural evaluation of tandem hairpin pyrrole-imidazole polyamides recognizing human telomeres. *J. Am. Chem. Soc.* 136, 11546-11554.
- Hirooka, S., Higuchi, S., Uzuka, A., Nozaki, H., and Miyagishima, S.Y. (2014). Acidophilic green alga *Pseudochlorella* sp. YKT1 accumulates high amount of lipid droplets under a nitrogen-depleted condition at a low-pH. *PLoS One* 9, e107702.
- Homma, M., Nagashima, S., Fukuda, T., Yanagi, S., Miyakawa, H., Suzuki, E., and Morimoto, T. (2014). Downregulation of Centaurin gamma1A increases synaptic transmission at Drosophila larval neuromuscular junctions. *Eur. J. Neurosci* 40, 3158-3170.
- Hori, K., Maruyama, F., Fujisawa, T., Togashi, T., Yamamoto, N., Seo, M., Sato, S., Yamada, T., Mori, H., Tajima, N., Moriyama, T., Ikeuchi, M., Watanabe, M., Wada, H., Kobayashi, K., Saito, M., Masuda, T., Sasaki-Sekimoto, Y., Mashiguchi, K., Awai, K., Shimojima, M., Masuda, S., Iwai, M., Nobusawa, T., Narise, T., Kondo, S., Saito, H., Sato, R., Murakawa, M., Ihara, Y., Oshima-Yamada, Y., Ohtaka, K., Satoh, M., Sonobe, K., Ishii, M., Ohtani, R., Kanamori-Sato, M., Honoki, R., Miyazaki, D., Mochizuki, H., Umetsu, J., Higashi, K., Shibata, D., Kamiya, Y., Sato, N., Nakamura, Y., Tabata, S., Iida, S., Kurokawa, K., and Ohta, H. (2014). Klebsoridium flaccidum genome reveals primary factors for plant terrestrial adaptation. *Nat. Commun.* 5, 3978.
- Hori, T., Shang, W.H., Toyoda, A., Misu, S., Monma, N., Ikee, K., Molina, O., Vargiu, G., Fujiyama, A., Kimura, H., Earnshaw, W.C., and Fukagawa, T. (2014). Histone H4 Lys 20 monomethylation of the CENP-A nucleosome is essential for kinetochore assembly. *Dev. Cell* 29, 740-749.
- Hosomichi, K., Mitsunaga, S., Nagasaki, H., and Inoue, I. (2014). A Bead-based Normalization for Uniform Sequencing depth (BeNUS) protocol for multi-samples sequencing exemplified by HLA-B. *BMC Genomics* 15, 645.
- Hsia, K.C., Wilson-Kubalek, E.M., Dottore, A., Hao, Q., Tsai, K.L., Forth, S., Shimamoto, Y., Milligan, R.A., and Kapoor, T.M. (2014). Reconstitution of the augmin complex provides insights into its architecture and function. *Nat. Cell Biol.* 16, 852-863.
- Huang, C.L., Ho, C.W., Chiang, Y.C., Shigemoto, Y., Hsu, T.W., Hwang, C.C., Ge, X.J., Chen, C., Wu, T.H., Chou, C.H., Huang, H.J., Gojobori, T., Osada, N., and Chiang, T.Y. (2014). Adaptive divergence with gene flow in incipient speciation of *Miscanthus floridulus/sinensis* complex (Poaceae). *Plant J.* 80, 834-847.
- Iida, N., Yamao, F., Nakamura, Y., and Iida, T. (2014). Mudi, a web tool for identifying mutations by bioinformatics analysis of whole-genome sequence. *Genes Cells* 19:517-527.
- International. Glossina Genome Initiative (2014). Genome sequence of the tsetse fly (*Glossina morsitans*): vector of African trypanosomiasis. *Science* 344, 380-386.
- Ishiguro, K., Kim, J., Shibusu, H., Hernandez-Hernandez, A., Suzuki, A., Fukagawa, T., Shioi, G., Kiyonari, H., Li, X.C., Schimmenti, J., Hoog, C., and Watanabe, Y. (2014). Meiosis-specific cohesin mediates homolog recognition in mouse spermatocytes. *Genes Dev.* 28, 694-607.
- Ishihama, A., Kori, A., Koshio, E., Yamada, K., Maeda, H., Shimada, T., Makinoshima, H., Iwata, A., and Fujita, N. (2014). Intracellular concentrations of 65 species of transcription factors with known regulatory functions in *Escherichia coli*. *J. Bacteriol.* 196, 2718-2727.
- Ito, H., and Kakutani, T. (2014). Control of transposable elements in *Arabidopsis thaliana*. *Chromosome Res.* 22, 217-223.
- Ito, T., Bai, T., Tanaka, T., Yoshida, K., Ueyama, T., Miyajima, M., Negishi, T., Kawasaki, T., Takamatsu, H., Kikutani, H., Kumanogoh, A., and Yukawa, K. (2014). Estrogen-dependent proteolytic cleavage of semaphorin 4D and plexin-B1 enhances semaphorin 4D-induced apoptosis during postnatal vaginal remodeling in pubescent mice. *PLoS One* 9, e97909.
- Ito, H., Muramatsu, S., Shirakihara, Y., and Araki, H. (2014). Crystal structure of the homology domain of the eukaryotic DNA replication proteins Slc3/Treslin. *Structure* 22, 1341-1347.
- Iwano, M., Igarashi, M., Tarutani, Y., Kaotien-Nakayama, P., Nakayama, H., Moriyama, H., Yakabe, R., Entani, T., Shimosato-Asano, H., Ueki, M., Tamiya, G., and Takayama, S. (2014). A pollen coat-inducible autoinhibited Ca²⁺-ATPase expressed in stigmatic papilla cells is required for compatible pollination in the Brassicaceae. *Plant Cell* 26, 636-649.
- Iwata, R., Ohi, K., Kobayashi, Y., Masuda, A., Iwama, M., Yasuda, Y., Yamamori, H., Tanaka, M., Hashimoto, R., Ito, H., and Iwasato, T. (2014). RacGAP alpha2-chimaerin function in development adjusts cognitive ability in adulthood. *Cell Rep.* 8, 1257-1264.
- Jia, D., Tamori, Y., Pyrowolakis, G., and Deng, W.M. (2014). Regulation of broad by the Notch pathway affects timing of follicle cell development. *Dev. Biol.* 392, 52-61.
- Jia, S., Muto, A., Orisme, W., Henson, H.E., Parupalli, C., Ju, B., Baier, H., and Taylor, M.R. (2014). Zebrafish *Cacna1fa* is required for cone photoreceptor function and synaptic ribbon formation. *Hum. Mol. Genet.* 23, 2981-2994.
- Kagawa, N., Hori, T., Hoki, Y., Hosoya, O., Tsutsui, K., Saga, Y., Sado, T., and Fukagawa, T. (2014). The CENP-O complex requirement varies among different cell types. *Chromosome Res.* 22, 293-303.
- Kajitani, R., Toshimoto, K., Noguchi, H., Toyoda, A., Ogura, Y., Okuno, M., Yabana, M., Harada, M., Nagayasu, E., Maruyama, H., Kohara, Y., Fujiyama, A., Hayashi, T., and Itoh, T. (2014). Efficient de novo assembly of highly heterozygous genomes from whole-genome shotgun short reads. *Genome Res.* 24, 1384-1395.
- Kamada, M., Hase, S., Sato, K., Toyoda, A., Fujiyama, A., and Sakakibara, Y. (2014). Whole genome complete resequencing of *Bacillus subtilis* natto by combining long reads with high-quality short reads. *PLoS One* 9, e109999.
- Kanesaki, Y., Masutani, H., Sakanaka, M., Shiwa, Y., Fujisawa, T., Nakamura, Y., Yokota, A., Fukuya, S., Suzuki, T., and Yoshikawa, H. (2014). Complete Genome Sequence of *Bifidobacterium longum* 105-A, a Strain with High Transcription Efficiency. *Genome Announcements* 2, e01311-14.
- Kanno, K., Kokubo, H., Takahashi, A., Koide, T., and Ishiura, S. (2014). Enhanced prepulse inhibition and low sensitivity to a dopamine agonist in HESR1 knockout mice. *J. Neurosci.* 34, 287-297.
- Kasahara, K., Fukuda, I., and Nakamura, H. (2014). A novel approach of dynamic cross correlation analysis on molecular dynamics simulations and its application to E1st dimer-DNA complex. *PLoS One* 9, e112419.
- Katagiri, S., Hayashi, T., Yoshitake, K., Akahori, M., Ikee, K., Gekka, T., Tsuneko, H., and Iwata, T. (2014). Novel C8orf37 mutations in patients with early-onset retinal dystrophy, macular atrophy. *Ophthalmic Genet.* 1-8.
- Katagiri, S., Akahori, M., Hayashi, T., Yoshitake, K., Gekka, T., Ikee, K., Tsuneko, H., and Iwata, T. (2014). Autosomal recessive cone-rod dystrophy associated with compound heterozygous mutations in the EYS gene. *Doc. Ophthalmol.* 128, 211-217.
- Katagiri, S., Akahori, M., Sergeev, Y., Yoshitake, K., Ikee, K., Furuno, M., Hayashi, T., Kondo, M., Ueno, S., Tsunoda, K., Shinoda, K., Kuniyoshi, K., Tsurusaki, Y., Matsumoto, N., Tsuneko, H., and Iwata, T. (2014). Whole exome analysis identifies frequent CNGA1 mutations in Japanese population with autosomal recessive retinitis pigmentosa. *PLoS One* 9, e108721.

- Katagiri, S., Hayashi, T., Akahori, M., Itabashi, T., Nishio, J., Yoshitake, K., Furuno, M., Ikeo, K., Okada, T., Tsunooka, H., and Iwata, T. (2014). RHO mutations (p.W126L and p.A346P) in two Japanese families with autosomal dominant retinitis pigmentosa. *J. Ophthalmol.* 2014, 210947.
- Kato, S., Ishii, A., Nishi, A., Kuriki, S., and Koide, T. (2014). Segregation of a QTL cluster for home-cage activity using a new mapping method based on regression analysis of congenic mouse strains. *Heredity (Edinb)* 113, 416-423.
- Kato, S., Matsumoto, A., Yoshimura, K., Katsuki, T., Iwamoto, K., Kawahara, T., Mukai, Y., Tsuda, Y., Ishio, S., Nakamura, K., Moriawaki, K., Shiroishi, T., Gojibori, T., and Yoshimaru, H. (2014). Origins of Japanese flowering cherry (*Prunus* subgenus *Cerasus*) cultivars revealed using nuclear SSR markers. *Tree Genetics & Genomes* 10, 477-487.
- Kato, S., Yagi, T., Harris, S.A., Ohki, S.Y., Yura, K., Shimizu, Y., Honda, S., Kamiya, R., Burgess, S.A., and Tanokura, M. (2014). Structure of the microtubule-binding domain of flagellar dynein. *Structure* 22, 1628-1638.
- Kawabata, T., and Nakamura, H. (2014). 3D flexible alignment using 2D maximum common substructure: dependence of prediction accuracy on target-reference chemical similarity. *J. Chem. Inf. Model.* 54, 1850-1863.
- Kawai, M., Futagami, T., Toyoda, A., Takaki, Y., Nishi, S., Hori, S., Arai, W., Tsubouchi, T., Morono, Y., Uchiyama, I., Ito, T., Fujiyama, A., Inagaki, F., and Takami, H. (2014). High frequency of phylogenetically diverse reductive dehalogenase-homologous genes in deep subsurface sedimentary metagenomes. *Front. Microbiol.* 5, 80.
- Kawai-Tooyoka, H., Mori, T., Hamaji, T., Suzuki, M., Olson, B.J., Uemura, T., Ueda, T., Nakano, A., Toyoda, A., Fujiyama, A., and Nozaki, H. (2014). Sex-specific posttranslational regulation of the gamete fusing GCS1 in the isogamous volvocine alga *Gonium pectorale*. *Eukaryot. Cell* 13, 648-656.
- Kawajiri, M., Yoshida, K., Fujimoto, S., Mokodongan, D.F., Ravinet, M., Kirkpatrick, M., Yamahira, K., and Kitano, J. (2014). Ontogenetic stage-specific quantitative trait loci contribute to divergence in developmental trajectories of sexually dimorphic fins between medaka populations. *Mol. Ecol.* 23, 5258-5275.
- Kim, J.M., To, T.K., Tanaka, M., Endo, T.A., Matsui, A., Ishida, J., Robertson, F.C., Toyoda, T., and Seki, M. (2014). Highly reproducible ChIP-on-chip analysis to identify genome-wide protein binding and chromatin status in *Arabidopsis thaliana*. *Methods Mol. Biol.* 1062, 405-426.
- Kita, M., Nakamura, H., and Takano, T. (2014). Density functional study of the phosphate diester hydrolysis of RNA in RNA/DNA hybrid by RNase H1. *Molecular Physics* 112, 355-364.
- Kitano, J., Ishikawa, A., and Lema, S.C. (2014). Integrated genomics approaches in evolutionary and ecological endocrinology. *Adv. Exp. Med. Biol.* 781, 299-319.
- Kobayashi, M., Nagasaki, H., Garcia, V., Just, D., Bres, C., Mauxion, J.P., Le, Paslier M.C., Brunel, D., Suda, K., Minakuchi, Y., Toyoda, A., Fujiyama, A., Toyoshima, H., Suzuki, T., Igarashi, K., Rothan, C., Kaminuma, E., Nakamura, Y., Yano, K., and Aoki, K. (2014). Genome-wide analysis of intraspecific DNA polymorphism in 'Minu-Tom', a model cultivar of tomato (*Solanum lycopersicum*). *Plant Cell Physiol.* 55, 445-454.
- Komaki, S., Igawa, T., Nozawa, M., Lin, S.M., Oumi, S., and Sumida, M. (2014). Development and characterization of 14 microsatellite markers for *Buergeria japonica* (Amphibia, Anura, Rhacophoridae). *Genes Genet. Syst.* 89, 35-39.
- Komiya, R., Ohyanagi, H., Niihama, M., Watanabe, T., Nakano, M., Kurata, N., and Nonomura, K. (2014). Rice germline-specific Argonaute MEL1 protein binds to phasiRNAs generated from more than 700 lincRNAs. *Plant J.* 78, 385-397.
- Komiya, R., Nonomura, K. (2014). Isolation and bioinformatic analyses of small RNAs interacting with germ cell-specific argonaute in rice. *Methods Mol. Biol.* 1093, 235-245.
- Komyama, T., Iwama, H., Osada, N., Nakamura, Y., Kobayashi, H., Tateno, Y., and Gojibori, T. (2014). Dopamine receptor genes and evolutionary differentiation in the domestication of fighting cocks and long-crowing chickens. *PLoS One* 9, e101778.
- Kondo, S. (2014). New horizons in genome engineering of *Drosophila melanogaster*. *Genes Genet. Syst.* 89, 3-8.
- Kono, H., Tamura, M., Osada, N., Suzuki, H., Abe, K., Moriawaki, K., Ohta, K., and Shiroishi, T. (2014). Prdm9 polymorphism unveils mouse evolutionary tracks. *DNA Res.* 21, 315-326.
- Kosaka, T., Toh, H., Fujiyama, A., Sakaki, Y., Watanabe, K., Meng, X.Y., Hanada, S., and Toyoda, A. (2014). Physiological and genetic basis for self-aggregation of the self-affiliating hydrogenotrophic methanogen, *Methanothermobacter strain CaT2*. *Environ. Microbiol. Rep.* 6, 268-277.
- Koseki, H., Imai, K., Nakayama, F., Sado, T., Moriawaki, K., and Taniguchi, M. (2014). Pillars article: homogeneous junctional sequence of the V14+ T-cell antigen receptor alpha chain expanded in unprimed mice. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 1990. 87: 5248-5252. *J. Immunol.* 193, 993-997.
- Kosuge, T., Mashima, J., Kodama, Y., Fujisawa, T., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Takagi, T., and Nakamura, Y. (2014). DDBJ progress report: a new submission system for leading to a correct annotation. *Nucleic Acids Res.* 42, D44-9.
- Kubota, Y., Tsuyama, K., Takabayashi, Y., Haruta, N., Maruyama, R., Iida, N., and Sugimoto, A. (2014). The PAF1 complex is involved in embryonic epidermal morphogenesis in *Caenorhabditis elegans*. *Dev. Biol.* 391, 43-53.
- Kuga, T., Nie, H., Kazami, T., Satoh, M., Matsushita, K., Nomura, F., Maeshima, K., Nakayama, Y., and Tomonaga, T. (2014). Lamin B2 prevents chromosome instability by ensuring proper mitotic chromosome segregation. *Oncogenesis* 3, e94.
- Kuniyoshi, K., Sakuramoto, H., Yoshitake, K., Abe, K., Ikeo, K., Furuno, M., Tsunoda, K., Kusaka, S., Shimomura, Y., and Iwata, T. (2014). Longitudinal clinical course of three Japanese patients with Leber congenital amaurosis/early-onset retinal dystrophy with RDH12 mutation. *Doc. Ophthalmol.* 128, 219-228.
- Kuppuraj, G., Kruse, D., and Yura, K. (2014). Conformational behavior of flavin adenine dinucleotide: conserved stereochemistry in bound and free states. *J. Phys. Chem. B* 118, 13486-13497.
- Kuriki, S., Harushima, Y., Fujisawa, H., and Kurata, N. (2014). Approximate tail probabilities of the maximum of a chi-square field on multi-dimensional lattice points and their applications to detection of loci interactions. *Ann. Inst. Stat. Math.* 66, 725-757.
- Kurusu, T., Koyano, T., Hanamata, S., Kubo, T., Noguchi, Y., Yagi, C., Nagata, N., Yamamoto, T., Ohnishi, T., Okazaki, Y., Kitahata, N., Ando, D., Ishikawa, M., Wada, S., Miyao, K., Hirochika, H., Shimada, H., Makino, A., Saito, K., Ishida, H., Kinoshita, T., Kurata, N., and Kuchitsu, K. (2014). OsATG7 is required for autophagy-dependent lipid metabolism in rice postmeiotic arther development. *Autophagy* 10, 878-888.
- Kusakabe, M., Ishikawa, A., and Kitano, J. (2014). Relaxin-related gene expression differs between anadromous and stream-resident stickleback (*Gasterosteus aculeatus*) following seawater transfer. *Gen. Comp. Endocrinol.* 205, 197-206.
- Lacroix, B., Bourdages, K.G., Dorn, J.F., Ihara, S., Sherwood, D.R., Maddox, P.S., and Maddox, A.S. (2014). In situ imaging in *C. elegans* reveals developmental regulation of microtubule dynamics. *Dev. Cell.* 29, 203-216.
- Lensink, M.F., Moal, I.H., Bates, P.A., Kastriitis, P.L., Melquiond, A.S., Karaca, E., Schmitz, C., van Dijk, M., Borvini, A.M., Eisenstein, M., Jimenez-Garcia, B., Grosdidier, S., Solernou, A., Perez-Cano, L., Pallara, C., Fernandez-Rocio, J., Xu, J., Muthu, P., Praneeth, Kiliambi K., Gray, J.J., Grudin, S., Derevyanko, G., Mitchell, J.C., Wieting, J., Kanamori, E., Tsuchiya, Y., Murakami, Y., Sarmiento, J., Standley, D.M., Shirota, M., Kinoshita, K., Nakamura, H., Chavent, M., Ritchie, D.W., Park, H., Ko, J., Lee, H., Geok, C., Shen, Y., Kozakov, D., Vajda, S., Kundraots, P.J., Vakser, I.A., Pierce, B.G., Hwang, H., Vreven, T., Wong, Z., Buch, I., Farkash, E., Wolfson, H.J., Zacharias, M., Qin, S., Zhou, H.X., Huang, S.Y., Zou, X., Wojdyła, J.A., Kleanthous, C., and Wodak, S.J. (2014). Blind prediction of interfacial water positions in CAPRI. *Proteins* 82, 620-632.
- Liu, Q.X., Wang, X.F., Ikeo, K., Hirose, S., Gehring, W.J., and Gojibori, T. (2014). Evolutionarily conserved transcription factor Apolitic controls the G1/S progression by inducing cyclin E during eye development. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 111, 9497-9502.
- Maeshima, K., Funakoshi, T., and Imamoto, N. (2014). Cell-fusion method to visualize interphase nuclear pore formation. *Methods Cell Biol.* 122, 239-254.
- Maeshima, K., Nishino, Y., and Joti, Y. (2014). Irregular organization in the human chromosomes revealed by X-ray scattering. *SPRING-8 Research Frontiers* 2013, 32-33.
- Maeshima, K., Imai, R., Hikima, T., and Joti, Y. (2014). Chromatin structure revealed by X-ray scattering analysis and computational modeling. *Methods* 70, 154-161.
- Maeshima, K., Imai, R., Tamura, S., and Nozaki, T. (2014). Chromatin as dynamic 10-nm fibers. *Chromosoma* 123, 225-237.
- Masui, R., Takahata, Y., Inoue, M., Iio, Y., Okanishi, H., Kim, K., Nakagawa, N., Yura, K., and Kuramitsu, S. (2014). Structural insights of post-translational modification sites in the proteome of *Thermus thermophilus*. *J. Struct. Funct. Genomics* 15, 137-151.
- Matsui, A., Mizunashi, K., Tanaka, M., Kaminuma, E., Nguyen, A.H., Nakajima, M., Kim, J.M., Nguyen, D.V., Toyoda, T., and Seki, M. (2014). tasiRNA-ARF pathway moderates floral architecture in arabidopsis plants subjected to drought stress. *Biomed Res. Int.* 2014, 303451.
- Matsumoto, T., Terai, Y., Okada, N., and Tachida, H. (2014). Sensory drive speciation and patterns of variation at selectively neutral genes. *Evolutionary Ecology* 28, 591-609.
- Matsuo, H., Nakayama, A., Sakiyama, M., Chiba, T., Shimizu, S., Kawamura, Y., Nakashima, H., Nakamura, T., Takada, Y., Oikawa, Y., Takada, T., Nakaoka, H., Abe, J., Inoue, H., Wakai, K., Kawai, S., Guang, Y., Nakagawa, H., Ito, T., Niwa, K., Yamamoto, K., Sakurai, Y., Suzuki, H., Hosoya, T., Ichida, K., Shimizu, T., and Shinomiya, N. (2014). ABCG2 dysfunction causes hyperuricemia due to both renal urate underexcretion and renal urate overload. *Sci. Rep.* 4, 3755.
- Matsuoka, S., Gupta, S., Suzuki, E., Hiromi, Y., and Asaoka, M. (2014). gene early, a novel germline factor, ensures the proper size of the stem cell precursor pool in the *Drosophila* ovary. *PLoS One* 9, e113423.
- Mauthner, S.E., Hwang, R.Y., Lewis, A.H., Xiao, Q., Tsubouchi, A., Wang, Y., Honjo, K., Skene, J.H., Grandl, J., and Tracey, W.D. Jr (2014). Balboa binds to pickpocket in vivo and is required for mechanical nociception in *Drosophila* larvae. *Curr. Biol.* 24, 2920-2925.
- Mita, S., de Monasterio-Schrader P., Funfusschilling, U., Kawasaki, T., Mizuno, H., Iwasato, T., Nave, K.A., Werner, H.B., and Hirata, T. (2014). Transcallosal projections require glycoprotein MG-dependent neurite growth and guidance. *Cereb. Cortex.* 2014, 103010
- Mitsuta, Y., Yamanaka, S., Yamaguchi, K., Okumura, M., and Nakamura, H. (2014). Theoretical investigation on nearsightedness of finite model and molecular systems based on linear response function analysis. *Molecules* 19, 13358-13373.
- Miyagishima, S.Y., Nakamura, M., and Uzuka, A., Era, A. (2014). FtsZ-less prokaryotic cell division as well as FtsZ- and dynamin-less chloroplast and non-photosynthetic plastid division. *Front. Plant Sci.* 5, 459.
- Miyagishima, S.Y., Kabeya, Y., Sugita, C., Sugita, M., and Fujiwara, T. (2014). DipM is required for peptidoglycan hydrolysis during chloroplast division. *BMC Plant Biol.* 14, 57.
- Miyagishima, S.Y., 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.
- Miyamoto, M., Motooka, D., Gotoh, K., Imai, T., Yoshitake, K., Goto, N., Iida, T., Yasunaga, T., Horii, T., Arakawa, K., Kasahara, M., and Nakamura, S. (2014). Performance comparison of second- and third-generation sequencers using a bacterial genome with two chromosomes. *BMC Genomics* 15, 699.
- Miyazaki, K.W., Miyazaki, K., Tanaka, K.F., Yamanaka, A., Takahashi, A., Tabuchi, S., and Doya, K. (2014). Optogenetic activation of dorsal raphe serotonin neurons enhances patience for future rewards. *Curr. Biol.* 24, 2033-2040.
- Mizuno, H., Luo, W., Tarusawa, E., Saito, Y.M., Sato, T., Yoshimura, Y., Itoharu, S., and Iwasato, T. (2014). NMDAR-regulated dynamics of layer 4 neuronal dendrites during thalamocortical reorganization in neonates. *Neuron* 82, 365-379.
- Mizuno, R., Kamioka, Y., Kabashima, K., Imajo, M., Sumiyama, K., Nakasho, E., Ito, T., Hamazaki, Y., Okuchi, Y., Sakai, Y., and Kiyokawa, E., Matsuda, M. (2014). In vivo imaging reveals PKA regulation of ERK activity during neutrophil recruitment to inflamed intestines. *J. Exp. Med.* 211, 1123-1136.
- Monden, Y., Fujii, N., Yamaguchi, K., Ikeo, K., Nakazawa, Y., Waki, T., Hraschina, M., Uchimura, Y., and Tahara, M. (2014). Efficient screening of long terminal repeat retrotransposons that show high insertion polymorphism via high-throughput sequencing of the primer binding site. *Genome* 57, 245-252.
- Monma, N., Gojibori, T., and Ikeo, K. (2014). Human genome network platform: a resource for TFRN analysis. *Methods Mol. Biol.* 1164, 147-162.
- Mori, H., Maruyama, F., Kato, H., Toyoda, A., Dozono, A., Ohtsubo, Y., Nagata, Y., Fujiyama, A., Tsuda, M., and Kurokawa, K. (2014). Design and experimental application of a novel non-degenerate universal primer set that amplifies prokaryotic 16S rRNA genes with a low possibility to amplify eukaryotic rRNA genes. *DNA Res.* 21, 217-227.
- Mori, T., Igawa, T., Tamiya, G., Miyagishima, S.Y., and Berger, F. (2014). Gamete attachment requires GEX2 for successful fertilization in *Arabidopsis*. *Curr. Biol.* 24, 170-175.
- Moriya, H., Inoue, I., Ikuchi, M., Ishii, N., and Motojima, M. (2014). Survey of attitudes of Japanese women toward genetic/genomic research. *Tissue and Data Banking* 9, 29-38.
- Nabeshima, Y., Washida, M., Tamura, M., Maeno, A., Ohnishi, M., Shiroishi, T., Imura, A., Razaque, M.S., and Nabeshima, Y. (2014). Calpain 1 inhibitor BDA-410 ameliorates alpha-klotho-deficiency phenotypes resembling human aging-related syndromes. *Sci. Rep.* 4, 5847.
- Nakabachi, A., Ishida, K., Hongoh, Y., Ohkuma, M., and Miyagishima, S.Y. (2014). Aphid gene of bacterial origin encodes a protein transported to an obligate endosymbiont. *Curr. Biol.* 24, R640-1.
- Nakaoka, H., Tajima, A., Yoneyama, T., Hosomichi, K., Kasuya, H., Mizutani, T., and Inoue, I. (2014). Gene expression profiling reveals distinct molecular signatures associated with the rupture of intracranial aneurysm. *Stroke* 45, 2239-2245.
- Nakayama, A., Matsuo, H., Nakaoka, H., Nakamura, T., Nakashima, H., Takada, Y., Oikawa, Y., Takada, T., Sakiyama, M., Shimizu, S., Kawamura, Y., Chiba, T., Abe, J., Wakai, K., Kawai, S., Okada, R., Tamura, T., Shichijo, Y., Akashi, A., Suzuki, H., Hosoya, T., Sakurai, Y., Ichida, K., and Shinomiya, N. (2014). Common dysfunctional variants of ABCG2 have stronger impact on hyperuricemia progression than typical environmental risk factors. *Sci. Rep.* 4, 5227.
- Niki, H. (2014). *Schizosaccharomyces japonicus*: the fission yeast is a fusion of yeast and hyphae. *Yeast* 31, 83-90.
- Nishibuchi, I., Suzuki, H., Kinomura, A., Sun, J., Liu, N.A., Horikoshi, Y., Shima, H., Kusakabe, M., Harata, M., Fukagawa, T., Ikura, T., Ishida, T., Nagata, Y., and Tashiro, S. (2014). Reorganization of damaged chromatin by the exchange of histone variant H2A.Z-2. *Int. J. Radiat. Oncol. Biol. Phys.* 89, 736-744.
- Nishikawa, Y., Oyama, T., Kamiya, N., Kon, T., Toyoshima, Y.Y., Nakamura, H., and Kurisu, G. (2014). Structure of the entire stalk region of the Dynein motor domain. *J. Mol. Biol.* 426, 3232-3245.
- Nishimura, K., and Kanemaki, M.T. (2014). Rapid Depletion of Budding Yeast Proteins via the Fusion of an Auxin-Inducible Degron (AID). *Curr. Protoc. Cell Biol.* 64, 20.9.1-20.9.16.
- Nishimura, T., Herpin, A., Kimura, T., Hara, I., Kawasaki, T., Nakamura, S., Yamamoto, Y., Saito, T.L., Yoshimura, J., Morishita, S., Tsukahara, T., Kobayashi, S., Naruse, K., Shigenobu, S., Sakai, N., Scharti, M., and Tanaka, M. (2014). Analysis of a novel gene, Sdco, reveals sex chromosome-dependent differences of medaka germ cells prior to gonad formation. *Development* 141, 3363-3369.
- Nishino, J., Sugiyama, M., Nishida, N., Tokunaga, K., Mizokami, M., and Mano, S. (2014). The interaction of a single-nucleotide polymorphism with age on response to interferon-alpha and ribavirin therapy in female patients with hepatitis C infection. *J. Med. Virol.* 86, 1130-1133.
- Nozaki, T., Imai, R., Tamura, S., and Maeshima, K. (2014). Single nucleosome imaging in living human cells. *Cytologia* 79, 1-2.
- Nozawa, M., Fukuda, N., Ikeo, K., and Gojibori, T. (2014). Tissue- and stage-dependent dosage compensation in the neo-X chromosome in *Drosophila pseudoobscura*. *Mol. Biol. Evol.* 31, 614-624.

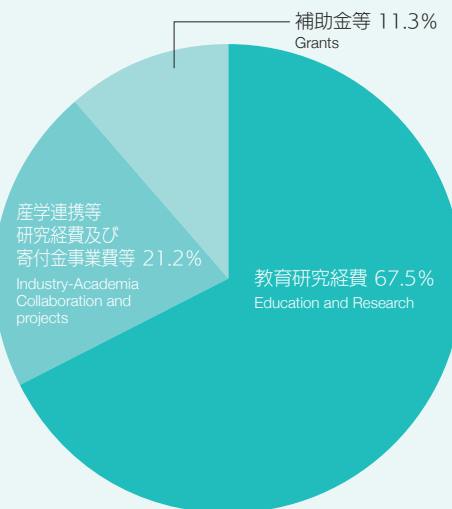
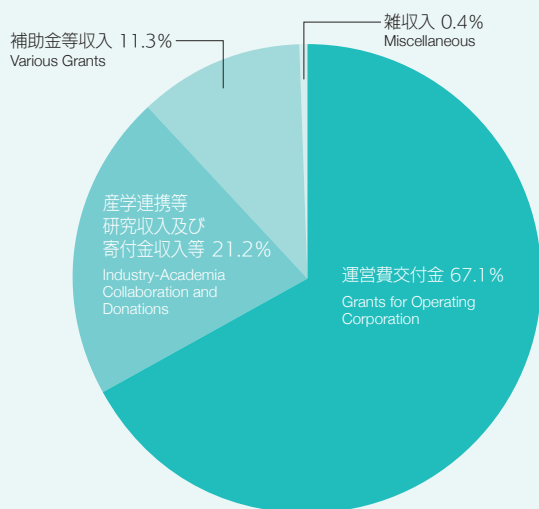
- Oda, Y., Fukuda, H. (2014). Emerging roles of small GTPases in secondary cell wall development. *Front. Plant Sci.* 5, 428.
- Ogawa, T., Furuhashi, T., Okazawa, A., Nakai, R., Nakazawa, M., Kind, T., Fiehn, O., Kanaya, S., Arita, M., and Ohta, D. (2014). Exploration of polar lipid accumulation profiles in *Euglena gracilis* using LipidBlast, an MS/MS spectral library constructed in silico. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* 78, 14-18.
- Ohashi-Ito, K., Saegusa, M., Iwamoto, K., Oda, Y., Katayama, H., Kojima, M., Sakakibara, H., and Fukuda, H. (2014). A BHLH complex activates vascular cell division via cytokinin action in root apical meristem. *Curr. Biol.* 24, 2053-2058.
- Ohta, M., Ashikawa, T., Nozaki, Y., Kozuka-Hata, H., Goto, H., Inagaki, M., Oyama, M., and Kitagawa, D. (2014). Direct interaction of Plk4 with STL ensures formation of a single procentriole per parental centriole. *Nat. Commun.* 5, 5267.
- Ohtani, Y., Miyata, M., Hashimoto, K., Tabata, T., Kishimoto, Y., Fukaya, M., Kase, D., Kassai, H., Nakao, K., Hirata, T., Watanabe, M., Kano, M., and Aiba, A. (2014). The synaptic targeting of mGluR1 by its carboxyl-terminal domain is crucial for cerebellar function. *J. Neurosci.* 34, 2702-2712.
- Oka, A., and Shiroishi, T. (2014). Regulatory divergence of X-linked genes and hybrid male sterility in mice. *Genes Genet. Syst.* 89, 99-108.
- Oka, A., Takada, T., Fujisawa, H., and Shiroishi, T. (2014). Evolutionarily diverged regulation of X-chromosomal genes as a primal event in mouse reproductive isolation. *PLoS Genet.* 10, e1004301.
- Okigawa, S., Mizoguchi, T., Okano, M., Tanaka, H., Isoda, M., Jiang, Y.J., Suster, M.G., Higashijima, S., Kawakami, K., and Itoh, M. (2014). Different combinations of Notch ligands and receptors regulate V2 interneuron progenitor proliferation and V2a/V2b cell fate determination. *Dev. Biol.* 391, 196-206.
- Oliveri, P., Fortunato, A.E., Petrone, L., Ishikawa-Fujiwara, T., Kobayashi, Y., Todo, T., Antonova, O., Arboleda, E., Zantke, J., Tessmar-Raible, K., and Falciatore, A. (2014). The Cryptochrome/Photolyase Family in aquatic organisms. *Mar. Genomics* 14, 23-37.
- Omer, W.H., Narita, A., Hosomichi, K., Mitsunaga, S., Hayashi, Y., Yamashita, A., Krasniqi, A., Iwasaki, Y., Kimura, M., and Inoue, I. (2014). Genome-wide linkage and exome analyses identify variants of HMCN1 for splenic epidermoid cyst. *BMC Med. Genet.* 15, 115.
- Osada, N., Kohara, A., Yamaji, T., Hirayama, N., Kasai, F., Sekizuka, T., Kuroda, M., and Hanada, K. (2014). The genome landscape of the african green monkey kidney-derived vero cell line. *DNA Res.* 21, 673-683.
- Osada, N. (2014). Extracting population genetics information from a diploid genome sequence. *Front. Ecol. Evol.* 2, 7.
- Osakabe, A., Takahashi, Y., Murakami, H., Otawa, K., Tachiwana, H., Oma, Y., Nishijima, H., Shibahara, K.I., Kurumizaka, H., and Harata, M. (2014). DNA binding properties of the actin-related protein Arp8 and its role in DNA repair. *PLoS One* 9, e108354.
- Ravinet, M., Takeuchi, N., Kume, M., Mori, S., and Kitano, J. (2014). Comparative analysis of Japanese three-spined stickleback clades reveals the Pacific Ocean lineage has adapted to freshwater environments while the Japan Sea has not. *PLoS One* 9, e112404.
- Rodriguez-Bravo, V., Maciejowski, J., Corona, J., Buch, H.K., Collin, P., Kanemaki, M.T., Shah, J.V., and Jallepalli, P.V. (2014). Nuclear pores protect genome integrity by assembling a premitotic and Mad1-dependent anaphase inhibitor. *Cell* 156, 1017-1031.
- Ron, M., Kajala, K., Pauluzzi, G., Wang, D., Reynoso, M.A., Zumstein, K., Garcha, J., Winte, S., Masson, H., Inagaki, S., Federici, F., Sinha, N., Deal, R.B., Bailey-Serres, J., and Brady, S.M. (2014). Hairy root transformation using *Agrobacterium rhizogenes* as a tool for exploring cell type-specific gene expression and function using tomato as a model. *Plant Physiol.* 166, 455-469.
- Saba, R., Wu, Q., and Saga, Y. (2014). CYP26B1 promotes male germ cell differentiation by suppressing STRAB-dependent meiotic and STRAB-independent mitotic pathways. *Dev. Biol.* 389, 173-181.
- Saba, R., Kato, Y., and Saga, Y. (2014). NANOS2 promotes male germ cell development independent of meiosis suppression. *Dev Biol.* 385, 32-40.
- 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.
- Saitou, N. (2014). Homo sapiens under Neutral Evolution. *Genes Environ.* 36, 99-102.
- Sakurai, M., Ueda, H., Yano, T., Okada, S., Terajima, H., Mitsuyama, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Kawabata, H., and Suzuki, T. (2014). A biochemical landscape of A-to-I RNA editing in the human brain transcriptome. *Genome Res.* 24, 522-534.
- Samejima, K., Ogawa, H., Agechik, A.V., Peterson, K.L., Kaufmann, S.H., Kanemaki, M.T., and Earnshaw, W.C. (2014). Auxin-induced rapid degradation of inhibitor of caspase-activated DNase (ICAD) induces apoptotic DNA fragmentation, caspase activation, and cell death: a cell suicide module. *J. Biol. Chem.* 289, 31617-31623.
- Shibata, Y., Sawa, H., and Nishiwaki, K. (2014). HTZ-1/H2A.z and MYS-1/MYST HAT act redundantly to maintain cell fates in somatic gonadal cells through repression of *ceh-22* in *C. elegans*. *Development* 141, 209-218.
- Shimada, T., Yamazaki, Y., Tanaka, K., and Ishihama, A. (2014). The whole set of constitutive promoters recognized by RNA polymerase RpoD holoenzyme of *Escherichia coli*. *PLoS One* 9, e90447.
- Shimono, K., Fujishima, K., Nomura, T., Ohashi, M., Usui, T., Kengaku, M., Toyoda, A., and Uemura, T. (2014). An evolutionarily conserved protein CHORD regulates scaling of dendritic arbors with body size. *Sci. Rep.* 4, 4415.
- Shinya, M., Machiki, D., Henrich, T., Kubota, Y., Takisawa, H., and Mimura, S. (2014). Evolutionary diversification of MCM3 genes in *Xenopus laevis* and *Danio rerio*. *Cell Cycle* 13, 3271-3281.
- Shirai, H., Ikeda, K., Yamashita, K., Tsuchiya, Y., Sarmiento, J., Liang, S., Morokata, T., Mizuguchi, K., Higo, J., and Standley, D.M., Nakamura, H. (2014). High-resolution modeling of antibody structures by a combination of bioinformatics, expert knowledge, and molecular simulations. *Proteins* 82, 1624-1635.
- Shiroishi, T. (2014). "Legacy of Dr. Kazuo Moriawaki" (1930-2013). *Mamm. Genome* 25, 193-194.
- Spiavok, M., Auer, T.O., Peravali, R., Dunham, I., Dolle, D., Fujiyama, A., Toyoda, A., Aizu, T., Minakuchi, Y., Loosli, F., Naruse, K., Birney, E., and Wittbrodt, J. (2014). Genomic and phenotypic characterization of a wild medaka population: towards the establishment of an isogenic population genetic resource in fish. *G3 (Bethesda)* 4, 433-445.
- Sultana, N., Igawa, T., Nozawa, M., Islam, M.M., Hasan, M., Alam, M.S., Khan, M.M., and Sumida, M. (2014). Development and characterization of 27 new microsatellite markers for the Indian bullfrog *Hoplobatrachus tigerinus* and its congeneric species. *Genes Genet. Syst.* 89, 137-141.
- Sumiya, N., Fujiwara, T., Kobayashi, Y., Misumi, O., and Miyagishima, S.Y. (2014). Development of a heat-shock inducible gene expression system in the red alga *Cyanidioschyzon merolae*. *PLoS One* 9, e111261.
- Suzuki, A., Niimi, Y., and Saga, Y. (2014). Interaction of NANOS2 and NANOS3 with different components of the CNOT complex may contribute to the functional differences in mouse male germ cells. *Biol. Open* 3, 1207-1216.
- Suzuki, I.K., and Hirata, T. (2014). A common developmental plan for neocortical gene-expressing neurons in the pallium of the domestic chicken *Gallus gallus domesticus* and the Chinese softshell turtle *Pelodiscus sinensis*. *Front. Neuroanat.* 8, 20.
- Suzuki, R., Yamazaki, T., Toyoda, A., and Kawano, S. (2014). A transformation system using rbcS N-terminal region fused with GFP demonstrates pyrenoid targeting of the small subunit of rubisCO in *Ulva compressa*. *Cytologia* 79, 427-428.
- Swann, J.B., Weyn, A., Nagakubo, D., Bleul, C.C., Toyoda, A., Happe, C., Netuschil, N., Hess, I., Haas-Assenbaum, A., Taniguchi, Y., Schorpp, M., and Boehm, T. (2014). Conversion of the thymus into a bipotent thymic organ by replacement of FOXN1 with its paralog, FOXN4. *Clin. Exp. Res.* 8, 1184-1197.
- Tagawa, K., Arimoto, A., Sasaki, A., Izumi, M., Fujita, S., Humphreys, T., Fujiyama, A., Kagoshima, H., Shin-I, T., Kohara, Y., Satoh, N., and Kawashima, T. (2014). A cDNA resource for gene expression studies of a hemichordate, *Ptychodera flava*. *Zool. Sci.* 31, 414-420.
- Takagi, J., Itabashi, T., Suzuki, K., Shimamoto, Y., Kapoor, T.M., and Ishiwata, S. (2014). Micromechanics of the vertebrate meiotic spindle examined by stretching along the pole-to-pole axis. *Biophys. J.* 106, 735-740.
- Takahashi, A., and Miczek, K.A. (2014). Neurogenetics of aggressive behavior: studies in rodents. *Curr. Top. Behav. Neurosci.* 17, 3-44.
- Takahashi, A., Shiroishi, T., and Koide, T. (2014). Genetic mapping of escalated aggression in wild-derived mouse strain MSM/Ms: association with serotonin-related genes. *Front. Neurosci.* 8, 156.
- Takahashi, A., Nagayasu, K., Nishitani, N., Kaneko, S., and Koide, T. (2014). Control of intermale aggression by medial prefrontal cortex activation in the mouse. *PLoS One* 9, e94657.
- Takahashi, T., and Koblmüller, S. (2014). A new species of *Petrochromis* (Perciformes: Cichlidae) from Lake Tanganyika. *Ichthyological Research* 81, 252-264.
- Takaku, Y., Hwang, J.S., Wolf, A., Bottger, A., Shimizu, H., David, C.N., and Gojobori, T. (2014). Innexin gap junctions in nerve cells coordinate spontaneous contractile behavior in *Hydra* polyps. *Sci. Rep.* 4, 3573.
- Takehana, Y., Matsuda, M., Myosho, T., Suster, M.L., Kawakami, K., Shin-I, T., Kohara, Y., Kuroki, Y., Toyoda, A., Fujiyama, A., Hamaguchi, S., Sakaizumi, M., and Naruse, K. (2014). Co-option of Sox3 as the male-determining factor on the Y chromosome in the fish *Oryzias latipes*. *Nat. Commun.* 5, 4157.
- Takeuchi, K., Nishino, T., Mayanagi, K., Horikoshi, N., Osakabe, A., Tachiwana, H., Hori, T., Kurumizaka, H., and Fukagawa, T. (2014). The centromeric nucleosome-like CENP-T-W-S-X complex induces positive supercoils into DNA. *Nucleic Acids Res.* 42, 1644-1655.
- Tamori, Y., and Deng, W.M. (2014). Compensatory cellular hypertrophy: the other strategy for tissue homeostasis. *Trends Cell Biol.* 24, 230-237.
- Tamura, M., Amano, T., and Shiroishi, T. (2014). The Hand2 gene dosage effect in developmental defects and human congenital disorders. *Curr. Top. Dev. Biol.* 110, 129-152.
- Tanaka, K.M., Takahashi, A., Fuse, N., and Takano-Shimizu-Kouno, T. (2014). A novel cell death gene acts to repair patterning defects in *Drosophila melanogaster*. *Genetics* 197, 739-742.
- Tanizawa, Y., Fujisawa, T., Mochizuki, T., Kaminuma, E., Suzuki, Y., Nakamura, Y., and Tohno, M. (2014). Draft Genome Sequence of *Weissella oryzae* SG25T, Isolated from Fermented Rice Grains. *Genome Announcements* 2, e00667-14.
- Tanizawa, Y., Fujisawa, T., Mochizuki, T., Kaminuma, E., Nakamura, Y., and Tohno, M. (2014). Draft Genome Sequence of *Lactobacillus oryzae* Strain SG293T. *Genome Announcements* 2, e00861-14.
- The Tree of Sex Consortium: Ashman T.L., Bachtrog, D., Blackmon, H., Goldberg, E., Hahn, M., Kirkpatrick, M., Kitano, J., Mank, J., Mayrose, I., Ming, R., Otto, S.P., Peichel, C.L., Pennell, M.W., Perrin, N., Ross, L., Valenzuela, N., and Vamosi, J.C. (2014). Tree of Sex: A database of sexual systems. *Scientific Data* 1, 140015.
- Thorne, M.A., Kagoshima, H., Clark, M.S., Marshall, C.J., and Wharton, D.A. (2014). Molecular analysis of the cold tolerant Antarctic nematode, *Panagrolaimus davidi*. *PLoS One* 9, e104526.
- To, T.K., and Kim, J.M. (2014). Epigenetic regulation of gene responsiveness in *Arabidopsis*. *Front. Plant Sci.* 4, 548.
- Toki, H., Inoue, M., Minowa, O., Motegi, H., Saiki, Y., Wakana, S., Masuya, H., Gondo, Y., Shiroishi, T., Yao, R., and Noda, T. (2014). Novel retinoblastoma mutation abrogating the interaction to E2F2/3, but not E2F1, led to selective suppression of thyroid tumors. *Cancer Sci.* 105, 1360-1368.
- Tsuboko, S., Kimura, T., Shinya, M., Suehiro, Y., Okuyama, T., Shimada, A., Takeda, H., Naruse, K., Kubo, T., and Takeuchi, H. (2014). Genetic control of startle behavior in medaka fish. *PLoS One* 9, e112527.
- Tsuda, K., Kurata, N., Ohyanagi, H., and Hake, S. (2014). Genome-wide study of KNOX regulatory network reveals brassinosteroid catabolic genes important for shoot meristem function in rice. *Plant Cell* 26, 3488-3500.
- Tsugawa, H., Kanazawa, M., Ogiwara, A., and Arita, M. (2014). MRMPROBS suite for metabolomics using large-scale MRM assays. *Bioinformatics* 30, 2379-2380.
- Tsugawa, H., Ohta, E., Izumi, Y., Ogiwara, A., Yukihiro, D., Bamba, T., Fukusaki, E., and Arita, M. (2014). MRM-DIFF: data processing strategy for differential analysis in large scale MRM-based lipidomics studies. *Front. Genet.* 5, 471.
- Tsukiji, N., Amano, T., and Shiroishi, T. (2014). A novel regulatory element for *Shh* expression in the lung and gut of mouse embryos. *Mech. Dev.* 131, 127-136.
- Uchiyama, J., Asakura, R., Moriyama, A., Kubo, Y., Shibata, Y., Yoshino, Y., Tahara, H., Matsushashi, A., Sato, S., Nakamura, Y., Tabata, S., and Ohta, H. (2014). *Sl0939* is induced by *Sl0967* in the cyanobacterium *Synechocystis* sp. PCC6803 and is essential for growth under various stress conditions. *Plant Physiol. Biochem.* 81, 36-43.
- Wada, H., Iwasaki, M., and Kawakami, K. (2014). Development of the lateral line canal system through a bone remodeling process in zebrafish. *Dev. Biol.* 392, 1-14.
- Watanabe, T., Shimazaki, T., Mishiro, A., Suzuki, T., Hirata, H., Tanimoto, M., and Oda, Y. (2014). Coexpression of auxiliary Kvbeta2 subunits with Kv1.1 channels is required for developmental acquisition of unique firing properties of zebrafish Mauthner cells. *J. Neurophysiol.* 111, 1153-1164.
- Yamaguchi, T., Nakaoka, H., Yamamoto, K., Fujikawa, T., Kim, Y.I., Yano, K., Haga, S., Katayama, K., Shibusawa, T., Park, S.B., Maki, K., Kimura, R., and Inoue, I. (2014). Genome-wide association study of degenerative bony changes of the temporomandibular joint. *Oral Dis.* 20, 409-415.
- Yamamoto, A., Yoshi, M., Murase, S., Fujita, M., Kurata, N., Hobo, T., Kagaya, Y., Takeda, S., and Hattori, T. (2014). Cell-by-cell developmental transition from embryo to post-germination phase revealed by heterochronic gene expression and ER-body formation in *Arabidopsis* leafy cotyledon mutants. *Plant Cell Physiol.* 55, 2112-2125.
- Yamashita, K., Ikeda, K., Amada, K., Liang, S., Tsuchiya, Y., Nakamura, H., Shirai, H., and Standley, D.M. (2014). Kotai Antibody Builder: automated high-resolution structural modeling of antibodies. *Bioinformatics* 30, 3279-3280.
- Yamazaki, T., Endo, M., Ito, K., Suzuki, R., Ota, S., Kuwano, K., Miyamura, S., Toyoda, A., and Kawano, S. (2014). HAP2/GCS1 is involved in the sexual reproduction system of the marine macroalgae *Ulva compressa* (Ulvales, Chlorophyta). *Cytologia* 79, 575-584.
- Yoshida, S., and Hamada, H. (2014). Roles of cilia, fluid flow, and Ca²⁺ signaling in breaking of left-right symmetry. *Trends Genet.* 30, 10-17.
- Yoshida, K., Makino, T., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Hasebe, M., Kawata, M., Kume, M., Mori, S., Peichel, C.L., Toyoda, A., Fujiyama, A., and Kitano, J. (2014). Sex chromosome turnover contributes to genomic divergence between incipient stickleback species. *PLoS Genet.* 10, e1004223.
- Yoshida, M.A., Yura, K., and Ogura, A. (2014). Cephalopod eye evolution was modulated by the acquisition of Pax-6 splicing variants. *Sci. Rep.* 4, 4256.
- Yoshida, M.A., Yamada, L., Ochi, H., Iwata, Y., Tamura-Nakano, M., Sawada, H., Sauer, W.H., Ogura, A., and Hirohashi, N. (2014). Integrative omics analysis reveals differentially distributed proteins in dimorphic euspermatzoa of the squid, *Loligo bleekeri*. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 450, 1218-1224.
- Yu, Q., Li, X.T., Zhao, X., Liu, X.L., Ikeo, K., Gojobori, T., and Liu, Q.X. (2014). Coevolution of axon guidance molecule Slit and its receptor Robo. *PLoS One* 9, e94970.
- Yu, W., Zheng, H., Lin, W., Tajima, A., Zhang, X., Zhang, H., Wu, J., Han, D., Rahman, N.A., Korach, K.S., Gao, G.F., Inoue, I., and Li, X. (2014). Estrogen promotes Leydig cell engulfment by macrophages in male infertility. *J. Clin. Invest.* 124, 2709-2721.
- Yun, K., Ajima, R., Sharma, N., Costantini, F., Mackem, S., Lewandoski, M., Yamaguchi, T.P., and Perantoni, A.O. (2014). Non-canonical Wnt5a/Ror2 signaling regulates kidney morphogenesis by controlling intermediate mesoderm extension. *Hum. Mol. Genet.* 23, 6807-6814.
- Zhou, M., Kawashima, N., Suzuk, N., Yamamoto, M., Ohnishi, K., Katsube, K.I., Tanabe, H., Kudo, A., Saito, M., and Suda, H. (2014). Periostin is a negative regulator of mineralization in the dental pulp tissue. *Odontology*. Mar. 20.

予算 Budget

2015年度 (FY2015)

(×1,000yen)

| 収入 Revenue | | 支出 Expenditure | |
|---|------------|---|------------|
| 区分 | 金額 | 区分 | 金額 |
| 運営費交付金 Grants for Operating Corporation | 2,677,614 | 教育研究経費 Education and Research | 2,694,896 |
| 補助金等収入 Various Grants | 449,244 | 補助金等 Grants | 449,244 |
| 雑収入 Miscellaneous | 17,282 | 産学連携等研究経費及び寄附金事業費等 Industry-Academia Collaboration and Projects | 845,957 |
| 産学連携等研究収入及び寄附金収入等 Industry-Academia Collaboration and Donations | 845,957 | 合計 Total | 3,990,097* |
| 合計 Total | 3,990,097* | ※機構長裁量経費を除く | |

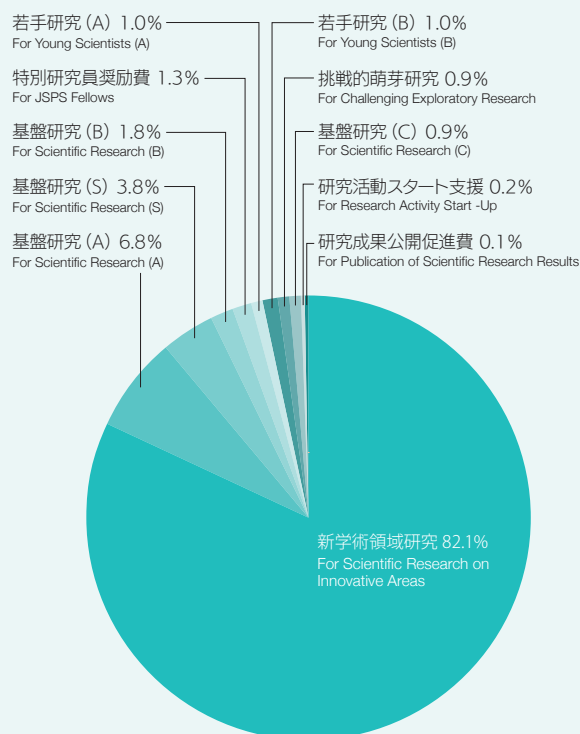


科学研究費 Grant-in-Aid for Scientific Research

2014年度 (FY2014)

(×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 | 1,286,100 / 26 |
| 基盤研究 (S) For Scientific Research (S) | 59,300 / 2 |
| 基盤研究 (A) For Scientific Research (A) | 107,000 / 10 |
| 基盤研究 (B) For Scientific Research (B) | 27,700 / 8 |
| 基盤研究 (C) For Scientific Research (C) | 14,800 / 10 |
| 挑戦的萌芽研究 For Challenging Exploratory Research | 14,200 / 9 |
| 若手研究 (A) For Young Scientists (A) | 15,200 / 3 |
| 若手研究 (B) For Young Scientists (B) | 16,020 / 12 |
| 研究成果公開促進費 For Publication of Scientific Research Results | 1,900 / 1 |
| 研究活動スタート支援 For Research Activity Start-Up | 3,200 / 3 |
| 特別研究員奨励費 For JSPS Fellows | 21,000 / 16 |
| 合計 Total | 1,566,420 / 100 |



(2015. 3月末現在)

Biological Symposia

| 開催日 (Date) | 演者 (Speaker) | 所属 (Affiliation) | 演題 (Title) |
|-------------|--|--|--|
| 2014 4/3 | Yoshiharu Yamaichi | Centre de Génétique Moléculaire, Centre National de la Recherche Scientifique | Tn Insertion Sequencing and Horizontal Gene Transfer |
| 4/10 | Hiroko Bannai | Department of Biological Science Graduate School of Science, Nagoya University | "Brain in the Floating World" Membrane Molecular Dynamics Supporting Brain Functions Revealed by Single Molecule Imaging in Live Cells |
| 4/30 | Masahiro Shin | University of Massachusetts Medical School | Vegf Signal Specifically Through ERK Controls Tip Cell Sprouting and Gene Expression |
| 5/9 | Chihiro Horigome | Friedrich Meischer Institute for Biomedical Research | The Impact of Chromatin Remodeling on Binding Site Choice and Outcome of DNA Double-Strand Break Repair at the Nuclear Periphery |
| 5/14 | Daniel Falush | Max Planck Institute of Evolutionary Anthropology | Inference of Fine Scale Population Structure and Admixture History by Chromosome Painting |
| 5/15 | Arndt von Haeseler | Center for Integrative Bioinformatics Vienna | Evolutionary Dynamics of Protein Domains |
| 5/20 | Yukinobu Arata | Cellular Informatics Laboratory, RIKEN | Developmental Biology Meets Single-Molecule Detection Technologies & #8211; The Physical Basis of the Robust Cell Polarization in the <i>C. elegans</i> Embryo |
| 5/26 | Han Wang | Center for Circadian Clocks, Soochow University | Molecular Genetic Analysis of Zebrafish Circadian Mechanisms |
| 6/2 | Alexander Schier | Department of Molecular and Cellular Biology, Harvard University | The Molecular Control of Embryogenesis: Insights from Zebrafish |
| 6/2 | Fumi Kubo | Max Planck Institute of Neurobiology | How to Sense and Compensate for Motion: Neural Circuits for Processing Whole-Field Motion in Zebrafish |
| 6/5 | Chikara Hashimoto | JT Biohistory Research Hall | New Aspects of Amphibian Gastrulation |
| 6/9 | Yuichiro Nakajima | Stowers Institute for Medical Research | Molecular and Cellular Control of the Proliferating Epithelial Architecture by Planar Spindle Orientation |
| 6/10 | Jiulin Du | Institute of Neuroscience, Chinese Academy of Sciences | Brain Vascular Development: Pruning and Growth |
| 6/17 | Eiji Ohashi | Department of Biology, Faculty of Sciences, Kyushu University | Roles of the Human 9-1-1/TopBP1 Interaction for Cellular DNA Damage Responses |
| 6/19 | Shinpei Kawaoka | The Thomas N. Sato BioMEC-X Laboratories, Advanced Telecommunications Research Institute International (ATR) | Context in Biology: From a Standpoint of Chromatin Regulators |
| 7/17 | Walfram Goessling and Majja K. Garnaas | Brigham and Woman's Hospital, Harvard Medical School | Novel Signaling Pathways in Liver Development and Regeneration |
| 7/18 | Shigeru Saito | Department of Biosensing Research, Okazaki Institute for Integrative Bioscience, National Institute for Physiological Sciences | Functional Evolution of Thermosensitive TRP Channels and Their Contributions to Sensory Diversity in Vertebrates |
| 7/22 | Masanori Mishima | Centre for Mechanochemical Cell Biology, University of Warwick | Molecular Mechanisms for Mechanical Robustness of Cytokinesis |
| 7/23 | Akihiro Mori | Medical School, University of Massachusetts | Hajime-no IPPO: Fat vs. Body Size |
| 7/24 | Pierre Boursot | Institute des Science de l'Evolution, Université Montpellier | Sex Chromosome Introgression in Mice and Hares: Possible Dual Consequences of Sex-linked Transmission and Genetic Conflicts |
| 7/28 | Suckjoon Jun | Department of Physics, University of California, San Diego | The Bacterial Chromosome: A Physical Biologist's Apology |
| 7/31 | Takamune Saito | Department of Genetics, Harvard Medical School | "Shuriken" Prevents Infertility —Genomic Integrity in Germ Cells— |
| 9/17 | Florian Engert | Harvard University | A Mechanism for Somatosensory Based Rheotaxis in Larval Zebrafish |
| 9/18 | Takeshi Izawa | National Institute of Agrobiological Sciences | Deciphering of Transcriptome Dynamics of Rice Leaf Under Fluctuating Conditions |
| 9/22 | Bruno Lemaître | Global Health Institute, École Polytechnique Fédérale of Lausanne | The <i>Drosophila</i> Antimicrobial Response at the Time of the Cas9/CRISPR Gene Targeting Revolution |
| 9/24 | Robert J. Harvey | School of Pharmacy, University College London | Defective Inhibitory Neurotransmission in Startle Disease: Some Surprising Findings |
| 9/24 | Kirsten Harvey | School of Pharmacy, University College London | Cellular and Molecular Mechanisms in the Pathogenesis of Familial PD |
| 9/26 | Patrick Yizhi Cai | Institute of Structural and Molecular Biology, University of Edinburgh | Synthetic Genomics: From Genetic Parts to Genomes |
| 10/3 | Miguel L Allende | FONDAP Center for Genome Regulation, Universidad de Chile | Examining Cell Behaviors Induced by Damage to the Zebrafish Nervous System |
| 10/3 | Brake C. Meyers | University of Delaware | The Diversity of Small RNAs in Anthers |
| 10/14 | Daniel Zilberman | University of California, Berkeley | The Mechanism and Evolution of Genomic Imprinting in Rice |
| 10/15 | Bungo Akiyoshi | Department of Biochemistry, University of Oxford | Evolutionary Cell Biology of Chromosome Segregation |
| 10/27 | Shawn Burgess | National Human Genome Research Institute, National Institute of Health | Functional Genomics in Zebrafish to Study Hearing Regeneration |
| 10/27 | Randall Peterson | Harvard University | Small Molecule Modifiers of the Cardiovascular and Nervous Systems |
| 10/30 | Junshi Yazaki | RIKEN Center for Integrative Medical Sciences (IMS) | HaloTag Protein Array Mapping of Transcription Factor Interactome Networks |
| 10/30 | Katsuyuki Shiroguchi | RIKEN Center for Integrative Medical Sciences (IMS) | Absolute and Digital Quantification of Gene Expression Genome-Wide by Using Molecular Barcoding and Its Application |

| 開催日 (Date) | 演者 (Speaker) | 所属 (Affiliation) | 演題 (Title) |
|---------------|-------------------------------|---|--|
| 10/30 | Vincent Colot | Institut de Biologie de l'Ecole Normale Supérieure (IBENS) | Transgenerational Epigenetic Inheritance: Lessons From Arabidopsis |
| 10/31 | Ikuo Uchiyama | National Institute for Basic Biology | Microbial Genome Comparison Based on the Comprehensive Ortholog Database MGD |
| 11/10 | Robert Feil | Institute of Molecular Genetics (IGMM), CNRS and University of Montpellier | Role of Non-Coding RNA Expressing in Mammalian Genomics Imprinting |
| 11/12 | Helfrid Hochegger | Cell Cycle Control Laboratory, Genome Damage and Stability Centre, University of Sussex | Analysing the First Steps into Mitosis |
| 11/13 | Namiko Mitarai | The Niels Bohr Institute, University of Copenhagen | Quantitative Understanding of Gene Expression Fluctuation |
| 11/13 | Rodney Rothstein | Columbia University Medical Center | Using Budding Yeast to Uncover Synthetic Genetic Interactions and Discover Novel Anticancer Therapeutic Targets |
| 11/14 | Rodrigo Bermejo | Instituto de Biología Funcional y Genómica, Salamanca University | Mechanisms of Replication Fork Monitoring and Protection |
| 11/20 | Takaho Endo | RIKEN Center for Integrative Medical Sciences (IMS) | Quality Control Method for RNA-seq Using Single Nucleotide Polymorphism Allele Frequency, and Further Analyses |
| 11/20 | Jun Seita | Institute for Stem Cell Biology and Regenerative Medicine, Stanford University | Gene Expression Commons: Platform for Objective Gene Expression Profiling Based on Global-Scale Meta-Analysis |
| 11/21 | Sa Kan Yoo | Miller Institute, University of California, Berkeley | Wounds: To Heal or Not to Heal, That is the Question |
| 12/1 | Masatoshi Hara | Whitehead Institute of Biomedical Research, Massachusetts Institute of Technology | Global Regulation of Translation at the Oocyte-to-Embryo Transition by the PNG Kinase Complex |
| 12/2 | Reo Maeda | Oregon Health and Science University | Exploring the Roles of Protocadherin 15 (Pcdh15) and Transmembrane Channel-Like Proteins (Tmcs) in Mechanotransduction of Zebrafish Hair Cells |
| 12/2 | Akiko Nakamasu | Kyoto Sangyo University | Mathematical Modeling and Analysis of Branched Structures in Compound Leaves |
| 12/2 | Kayo Hibino | RIKEN Quantitative Biology Center (QBC) | RAF & Cell-Fate Determination ~Towards Prediction & Control of Cellular Response~ |
| 12/2 | Yan Zhu | Graduate School of Frontier Biosciences, Osaka University | Long Distance Tangential Neuronal Migration: From Pathfinding to Termination |
| 12/3 | Fred Berger | Temasek Life Sciences Laboratory | Histone Variants Define Chromatin Features |
| 12/16 | Gero Wademann | CC Bioinformatics, University of Applied Sciences Stralsund | Modeling Effects of Nucleosome Positioning in Short and Long Chromatin Fibers |
| 2015 | | | |
| 1/5 | Kazuto Yoshimi | Institute of Laboratory Animals, Graduate School of Medicine, Kyoto University | Efficient Generation of Knockout and Knock-in Rats by the CRISPR/Cas9 System |
| 1/5 | Hirota Watanabe | Department of Neurology, Brigham and Women's Hospital, Harvard Medical School | The Roles of γ -Secretase and Its Substrates on the Pathogenesis of Neurodegenerative Dementia |
| 1/7 | Katsutoshi Tsuda | Plant Gene Expression Center, University of California, Berkeley | The Function of TALE Homeodomain Transcription Factors in Shoot Meristem Maintenance |
| 1/7 | Taiyo Toriba | National Institute of Basic Biology | Establishment of the Polarity Along Adaxial-Abaxial Axis in Floral Organ Development |
| 1/7 | Takayuki Ohnishi | Kihara Institute for Biological Research, Yokohama City University | Hybridization Barriers in <i>Oryza</i> Endosperm |
| 1/21 | Takema Sasaki | National Institute of Basic Biology | Systemic Regulatory Mechanism of Root Nodulation in Leguminous Plants |
| 1/22 | Jun Kitano | Laboratory of Ecological Genetics, Center for Frontier Research, National Institute of Genetics | Ecological Genetics of Phenotypic Diversification and Speciation |
| 1/26 | Shin-ya Miyagishima | Symbiosis and Cell Evolution Laboratory, Center for Frontier Research, National Institute of Genetics | Coordinating Mechanisms of Eukaryotic Cell and Endosymbiotic Organelle Proliferation |
| 2/16 | Daiju Kitagawa | Centrosome Biology Laboratory, Center for Frontier Research, National Institute of Genetics | Mechanisms of Centriole Biogenesis: Towards Establishing a Theory of Centriole Duplication |
| 2/20 | Yoko Mizuta | JST ERATO Higashiyama Live Holonics, Nagoya University | Two-Photon Imaging of Pollen Tube Guidance in the Arabidopsis Pistil |
| 2/24 | Toshihiro Kawasaki | Model Fish Genomics Resource, Genetic Strains Research Center, National Institute of Genetics | Establishment of Grafting Methods Allowing to Maintain Testes and Embryos in Zebrafish |
| 2/24 | Hirofumi Nakaoka | Division of Human Genetics, National Institute of Genetics | Allele Specific Chromatin Interaction of 9p21 Endometriosis Risk Locus Regulates Expression Level of <i>ANRIL</i> |
| 2/25 | Wen-Hsiung Li | Biodiversity Research Center, Academia Sinica | The Genetic Basis of Feather Diversity in Birds |
| 3/12 | Tony DeFalco | Cincinnati Children's Hospital Medical Center | Macrophages: Versatile Players in Stem Cell and Developmental Biology |
| 3/19 | Ralf J. Sommer | Max Planck Institute of Developmental Biology | Molecular Aspects of Developmental Plasticity: on Novel Genes, Chromatin Remodeling and Developmental Switch Mechanisms |
| 3/24 | Marilyn Renfree and Geof Shaw | School of Bioscience, The University of Melbourne | Reproductive and Developmental Transcriptomics of the Tammar Wallaby |

内容

2015年クラフォード賞

平成26年度 日本学術振興会 科研費審査委員表彰

トゥールーズ第三大学 Docteur Honoris Causa (名誉博士号)

小型魚類研究会 Best poster award “Genetic dissection of neural circuits mediating fear-learning in zebrafish”

日本遺伝学会第86回大会 日本遺伝学会木原賞 「植物ゲノム進化と発生制御のエピジェネティック機構の研究」

日本遺伝学会第86回大会 日本遺伝学会奨励賞 「ゲノム情報と進化理論の統合による進化機構の解明」

Biology of plastids -towards a blueprint for synthetic organelles Poster Award “Analyses of photosynthetic oxidative stress responses in herbivorous unicellular organisms”

平成26年度(第5回) 総合研究大学院大学学長賞 “Identifying global forces of evolution in Drosophila genomes”

総合研究大学院大学 遺伝学専攻 森島奨励賞

第85回日本遺伝学会 Best Papers賞(優秀口頭発表賞) 「出芽酵母の鋳型DNA鎖修復機構」

氏名

名誉教授 太田朋子

実験圃場 准教授 野々村賢一

集団遺伝研究部門 教授 斎藤成也

初期発生研究部門 博士研究員 Pradeep Lal

育種遺伝研究部門 教授 角谷徹仁

進化遺伝研究部門 助教 長田直樹

共生細胞進化研究室 大学院生 宇塚明洋

進化遺伝研究部門 大学院生 Neha Mishra

集団遺伝研究部門 大学院生 神澤秀明

細胞遺伝研究室 助教 飯田哲史

Intellectual Property Rights

国内登録1件

哺乳類細胞におけるタンパク質分解誘導方法 鐘巻将人 / 深川竜郎 特許第5605658号

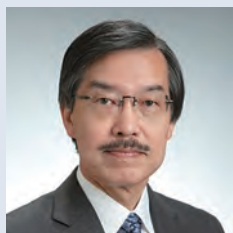
国内出願2件

魚体内での他家組織の継代維持法(発明届時:ゼブラフィッシュにおける腫瘍化組織の継代維持法) 酒井則良 特願2014-163587

ハブを軽減する類似度演算システム及び類似度演算方法 原 一夫 / 鈴木郁美 特願2015-11853

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 北川源四郎
KITAGAWA, Genshiro
President

機構東京連絡所所在

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

■ Message from the President

With the rapid development of information and communications technology, the modern society in which we live is experiencing unprecedented change. Progress in information technology in the late 20th century heightened the value of information to a level equal to that of materials and energy, establishing an information society. Currently, it has progressed to the level where enormous volumes of information can almost automatically and instantaneously be obtained in almost every sphere of society, not just in the areas of scientific and technological research. As a result, it seems that the cliché about quantity evolving into quality has become a real possibility as the advent of the ubiquitous society is increasingly a reality and both the social systems and the course of science and technology have changed significantly. In the world of science and technology, computation has now been established as the third scientific methodology, next to theory and experiment, and the need for the establishment of data-centered science, the so-called "fourth science," is already upon us.

With the incorporation in 2004 of the Inter-University Research Institutes, the Research Organization of Information and Systems (ROIS) was established to bring together the National Institute of Informatics, the Institute of Statistical Mathematics, the National Institute of Genetics and the National Institute of Polar Research for the purpose of capturing and analyzing, from the perspective of information and systems, various of the complex phenomena encountered in modern society. The institutes, backed by their research communities, harness their own special features and promote cutting-edge research from their unique standpoints, attempting to construct new research paradigms and open up new research areas in fulfillment of the Organization's mission. ROIS will further strive to strengthen its joint use and joint research functions as an inter-university research institute paying attention to the characteristics of each area of study. For graduate school education, the third mission of an inter-university research institute, ROIS functions as the core organization behind the Graduate University for Advanced Studies, training human resources to lead academic research in a new age.

We hope that you will continue to support and encourage the Research Organization of Information and Systems as it pursues a new era of academic research.

The Data-Centric Science Research Commons, led by the ROIS, is a unique, first-of-its-kind project, which combines the triad of data platforms, modeling and analytical platforms, and human resource development to form a cutting-edge research platform that is leading the information age, as well as forming a core hub for open international data sharing and collaborative research.

情報・システム研究機構が推進するデータ中心科学「リサーチcommons」は、データ基盤、モデリング・解析基盤、人材育成の三位一体により、情報化時代を先導する先進的研究基盤と、オープンな国際共同利用・共同研究の中核的拠点を形成する、世界的にもユニークな事業です。

■ 機構長の挨拶

私たちの住む現代社会は、情報通信技術の飛躍的發展を背景に、かつてない大きな変革の時期を迎えています。20世紀後半の情報技術の進展は情報の価値を物質・エネルギーと同等のものに高め、情報社会が確立しました。しかし現在ではさらに一歩進んで、科学・技術の研究の場に限らず、社会のあらゆる場面において、時々刻々大量の情報がほとんど自動的に取得されるようになってきました。この結果、コピキラス社会の到来が現実のものとなり、社会体制も科学・技術の在り方も大きく変化して、量が質に転化するという使い古された言葉が現前した感があります。とくに、科学・技術の世界においては、従来の理論・実験に加え、計算が第三の科学的方法論として確立し、今後は第4の科学ともいわれるデータ中心科学の確立が必要になっています。

情報・システム研究機構は、大学共同利用機関の法人化に伴って、現代社会が直面する複雑な対象を情報とシステムの観点から捉えようとする理念のもとに、国立情報学研究所、統計数理研究所、国立遺伝学研究所、国立極地研究所が結集して構成されたものです。機構の研究所は、それぞれの研究者コミュニティを背景に特色を活かして独自の立場から先端的な研究を推進し、新しい科学的方法論の確立と新しい研究領域の開拓によって機構の理念の実現を目指しています。また、大学共同利用機関として、それぞれの学問領域の特性を考慮しつつ共同利用・共同研究の機能を強化してまいります。さらに、大学共同利用機関の第3の使命である大学院教育に関しては、総合研究大学院大学の基盤機関として、新しい時代の学術研究の担い手を育成します。

新時代の学術研究へ向けての情報・システム研究機構の挑戦に、皆様のご支援ご鞭撻をお願い申し上げます。



SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies)

国立大学法人 総合研究大学院大学



学長 岡田泰伸
OKADA, Yasunobu
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 <http://www.soken.ac.jp/>

SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies) was established in 1988 as Japan's first independent graduate university without undergraduate courses. SOKENDAI is unique in the world in that it provides comprehensive doctoral programs in academic fields ranging from the arts and humanities to science and engineering in cooperation with parent institutes, such as Inter-University Research Institutes, the excellent research and learning environments of which are fully leveraged to nurture leading researchers with outstanding expertise and broad perspectives.

総合研究大学院大学 (以下、総研大) は、1988年にわが国で最初に設立された自らは学部を持たない大学院だけの大学 (独立大学院大学) であり、人文・理工にわたる学術分野につき総合的な博士課程教育を、大学共同利用機関等を基盤機関として、それらの優れた研究・学習環境を最大限に生かして行うことにより、高い専門性と広い視野を持った一流の研究者を養成するという世界にも類例のないユニークな大学です。

▶ Inter-University Research Institutes participating in the Graduate University for Advanced Studies

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 教育支援センター (メディア社会文化専攻)
Center for Open Distance Education (Department of Cyber Society and Culture)
- ⑥ 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)
- ⑦ a. 分子科学研究所 (構造分子科学研究科・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)
- ⑧ 国立天文台 (天文科学専攻)
National Astronomical Observatory (Department of Astronomical Science)
- ⑨ 核融合科学研究所 (核融合科学専攻)
National Institute for Fusion Science (Department of Fusion Science)
- ⑩ 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)
- ⑪ 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)
- ⑫ 統計数理研究所 (統計科学専攻)
The Institute of Statistical Mathematics (Department of Statistical Science)
- ⑬ 国立極地研究所 (極域科学専攻)
National Institute of Polar Research (Department of Polar Science)
- ⑭ 国立情報学研究所 (情報学専攻)
National Institute of Informatics (Department of Informatics)
- ⑮ 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 2015年度

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

国立遺伝学研究所管理部

〒411-8540 静岡県三島市谷田1111
Yata 1111, 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







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

