



大学共同利用機関法人 自然科学研究機構

# 基礎生物学研究所 要覧 2011

# National Institute for Basic Biology



# Contents

002	ようこそ基礎生物学研究所へ
003	組織
004	基礎生物学研究所が目指すもの
006	年表
008	運営
009	プレスリリースより
016	高次細胞機構研究部門（西村研）
018	細胞間シグナル研究部門（松林研）
020	神経細胞生物学研究室（椎名研）
022	細胞構造研究室（小川研）
023	細胞社会学研究室（濱田研）
024	形態形成研究部門（上野研）
026	発生遺伝学研究部門（小林研）
028	分子発生学研究部門（高田研）
030	初期発生研究部門（藤森研）
032	生殖細胞研究部門（吉田研）
034	生殖遺伝学研究室（田中研）
036	植物器官形成学研究室（所長研）
038	統合神経生物学研究部門（野田研）
040	脳生物学研究部門（山森研）
042	光脳回路研究部門（松崎研）
044	神経生理学研究室（渡辺研）
046	生物進化研究部門（長谷部研）
048	共生システム研究部門（川口研）
050	バイオリソース研究室（成瀬研）
052	構造多様性研究室（児玉研）
053	多様性生物学研究室
060	分子環境生物学研究部門（井口研）
062	環境光生物学研究部門（皆川研）
064	ゲノム情報研究室（内山研）
065	時空間制御研究室（野中研）
066	生物機能解析センター 生物機能情報分析室
067	生物機能解析センター 光学解析室
068	生物機能解析センター 情報管理解析室
069	生物機能解析センター 重信グループ
070	生物機能解析センター 亀井グループ
072	モデル生物研究センター
074	ナショナルバイオリソースプロジェクト
075	植物科学最先端研究拠点ネットワーク
076	情報・戦略室
077	広報室
078	国際連携室
079	受付・事務室
080	技術課
082	岡崎共通研究施設
084	基礎生物学研究所・生理学研究所 共通施設
085	NIBB リサーチフェロー
086	岡崎共通施設
088	総合研究大学院大学 基礎生物学専攻
096	大学院教育協力（特別共同利用研究員）
098	共同利用研究
105	基生研セミナー・所長招聘・受賞
106	異動の記録
107	基礎生物学研究所コンファレンス
110	生物学国際高等コンファレンス (OBC)
112	EMBL との連携活動
118	マックス・プランク植物育種学研究所との連携活動
122	プリンストン大学との連携活動
123	テマセク生命科学研究所との連携活動
124	インターナショナルプラクティカルコース
128	ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース
130	バイオイメージングフォーラム
131	社会との連携
134	基礎生物学研究所 一般公開
135	プレスリリース一覧
136	研究所の現況
137	自然科学研究機構 岡崎統合事務センター
138	研究教育職員・技術職員 INDEX
	交通案内

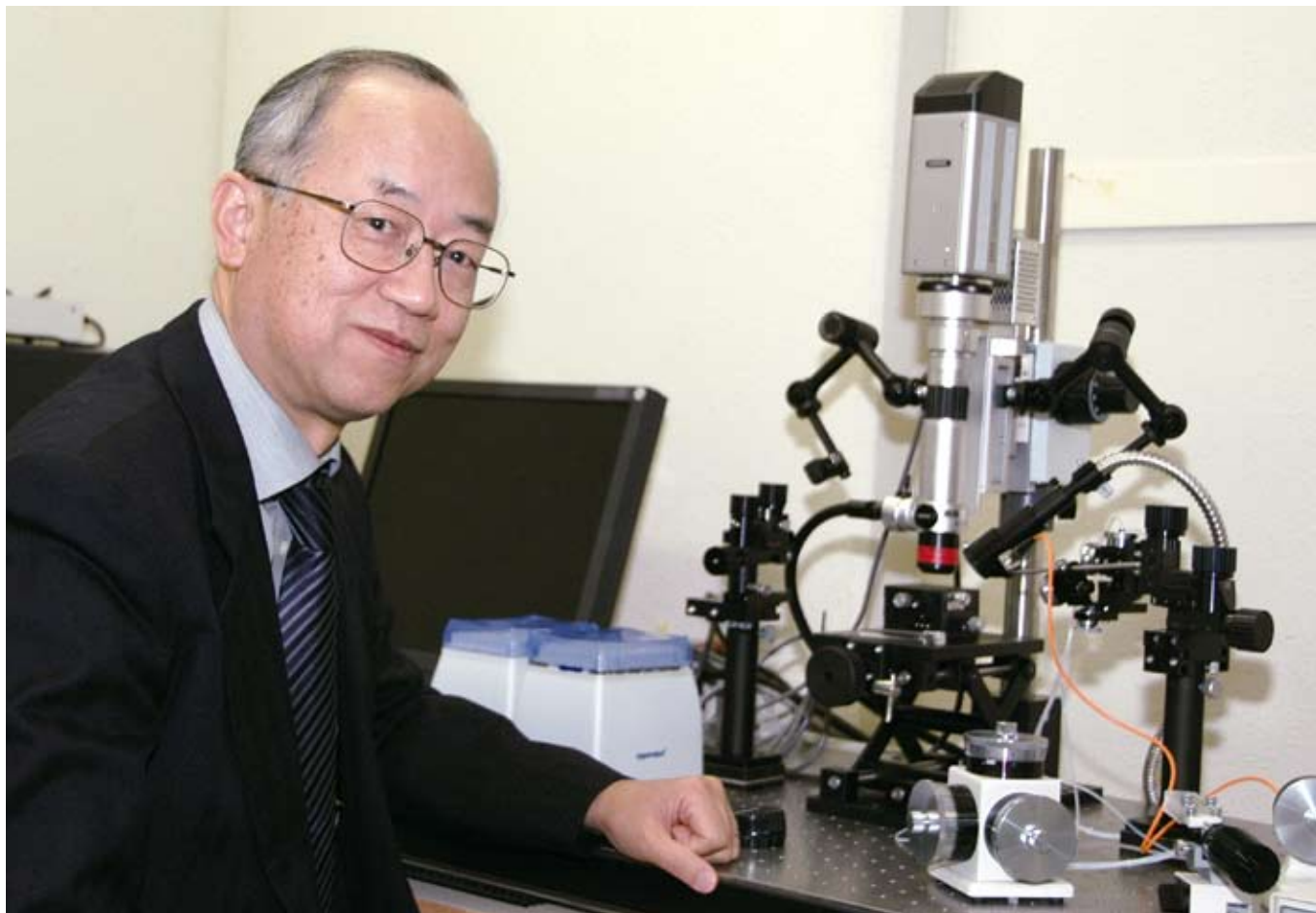




大学共同利用機関法人 自然科学研究機構

# 基礎生物学研究所 要覧 2011

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



## ようこそ基礎生物学研究所へ

岡崎市の丘の上に立つレンガ色の基礎生物学研究所は1977年に創立され、2011年は34年目になります。明大寺と山手の丘の上にある研究所の建物はすっかりおなじみになっていますが、研究所の目的や成果についてあまり知らない方々も多いようです。基礎生物学という決まった学問があるのでしょうか。21世紀になって遺伝子やゲノムについての理解が進んだために、生物学の基礎研究の成果が私たちの生活に応用される例が続出しています。ショウジョウバエやマウスなどの実験動物の遺伝子とヒトの遺伝子がよく似ていることから、実験動物を使った基礎研究の結果が、ヒトの病気を治す新しい方法につながることも珍しくありません。植物の研究についても同様で、シロイヌナズナなどのモデル植物を用いた基礎研究の成果が悪環境でも育つ作物の開発や穀物の増収に役立っています。生物学を基礎と応用の学問に分けることはあまり意味のないことになってきたのですが、基礎研究が応用研究をリードしていくことには変わりありません。応用のみを目指した研究では、視野が狭くなることが多く、豊かな発想と自在な展開を妨げることになりかねません。

基礎生物学研究所では生物の基本的な遺伝子の働きや細胞の働きを探ることと、生存環境に適応した生物が多様な形と能力を持つに至ったしくみや生物が環境とうまく折り合って生きている秘密を調べることをもっとも重要な研究目標にし

ています。単細胞生物から動物や植物に分かれ、それぞれ様々に進化してきた中で変わらずにきた基本的で普遍的なしくみと、逆に多様な変化を可能にした理由を探求しています。基礎生物学研究所で働いている人々は、生物の中に数十億年の歴史をみて、そこに隠された秘密を明らかにしたいと願っています。

基礎生物学研究所は大学共同利用機関としての役割があり、全国の国公立の大学や研究所の研究者や学生さんと共同して研究を進めています。これまでしっかり研究されてこなかった重要な問題を見つけ出す努力も続けています。研究をサポートする職員も頑張っています。外国の大学や研究所と連携して研究を進め、大学院生や若手研究者の教育にも力を入れています。総合研究大学院大学のキャンパスの一つになっていて、恵まれた環境の中で大学院生が学んでいます。

このように基礎生物学研究所は学術研究と教育の中心として幅広い活動をおこなっており、研究で得られた成果はもちろん、イベントや生物の写真など様々な情報を発信していると考えています。岡崎市の教育委員会と連携して、小中学校や高等学校での授業にも参画しています。基礎生物学研究所の活動について、皆様のご意見をお寄せ下さい。お待ちしております。

基礎生物学研究所長 岡田 清孝

## 自然科学研究機構

機構長 佐藤 勝彦      理事 木下 眞      監事 武田 洋  
 副機構長 舘山 正見      舘山 正見      野村 智夫  
             岡田 清孝      岡田 清孝  
             岡田 泰伸      岡田 泰伸  
             小森 彰夫  
             大峯 巖

## 自然科学研究機構

国立天文台  
 核融合科学研究所  
 基礎生物学研究所  
 生理学研究所  
 分子科学研究所

### 名誉教授

太田 行人  
 岡田 節人  
 江口 吾朗  
 竹内 郁夫  
 鈴木 義昭  
 毛利 秀雄  
 勝木 元也  
 長濱 嘉孝  
 大隅 良典  
 堀内 嵩

### 名誉技官

服部 宏之

所長  
 岡田 清孝

副所長 (併任)  
 山森 哲雄

研究主幹 (併任)  
 西村 幹夫  
 野田 昌晴  
 上野 直人  
 井口 泰泉  
 小林 悟

運営会議

### 細胞生物学領域

- 高次細胞機構研究部門 (西村研)
- 細胞間シグナル研究部門 (松林研)
- 細胞構造研究室 (小川研)
- 神経細胞生物学研究室 (椎名研)
- 細胞社会学研究室 (濱田研)
- 形態形成研究部門 (上野研)
- 発生遺伝学研究部門 (小林研)
- 分子発生学研究部門 (高田研)
- 初期発生研究部門 (藤森研)
- 生殖細胞研究部門 (吉田研)
- 生殖遺伝学研究室 (田中研)
- 植物器官形成学研究室 (所長研)

### 発生生物学領域

### 神経生物学領域

- 統合神経生物学研究部門 (野田研)
- 脳生物学研究部門 (山森研)
- 光脳回路研究部門 (松崎研)
- 神経生理学研究室 (渡辺研)

### 進化多様性生物学領域

- 生物進化研究部門 (長谷部研)
- 共生システム研究部門 (川口研)
- バイオリソース研究室 (成瀬研)
- 構造多様性研究室 (児玉研)
- 多様性生物学研究室

### 環境生物学領域

- 分子環境生物学研究部門 (井口研)
- 環境光生物学研究部門 (皆川研)

### 理論生物学領域

### イメージングサイエンス研究領域

- ゲノム情報研究室 (内山研)
- 時空間制御研究室 (野中研)

### 生物機能解析センター

- 生物機能情報分析室
- 光学解析室
- 情報管理解析室

### モデル生物研究センター

### 技術課

情報・戦略室

広報室

国際連携室

### 岡崎共通研究施設

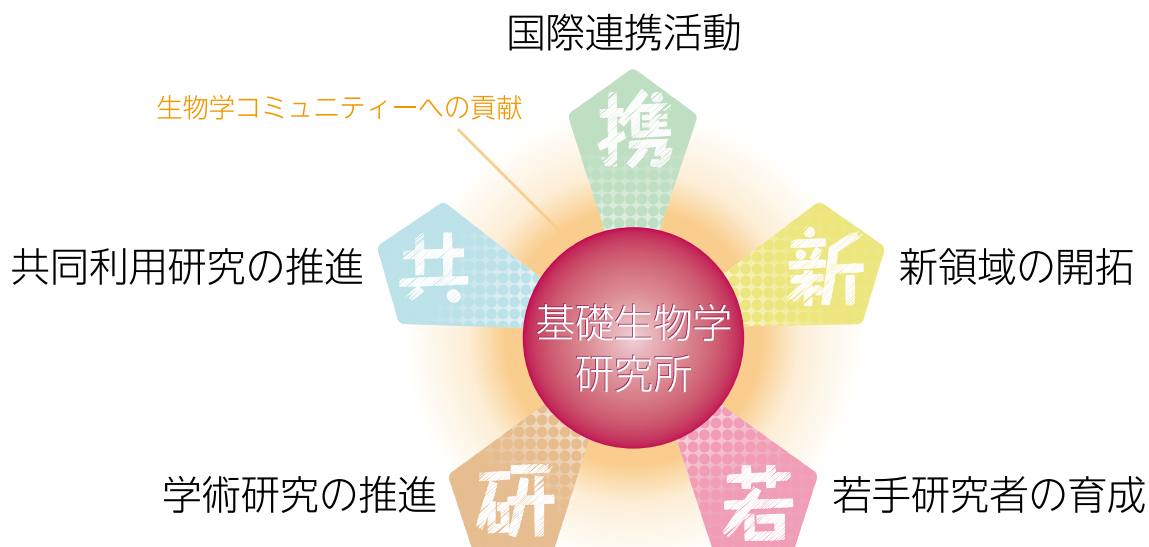
岡崎統合バイオサイエンスセンター  
 計算科学研究センター  
 動物実験センター  
 アイソトープ実験センター

### 基礎生物学研究所・生理学研究所共通施設

廃棄物処理室・電子顕微鏡室・機器研究試作室

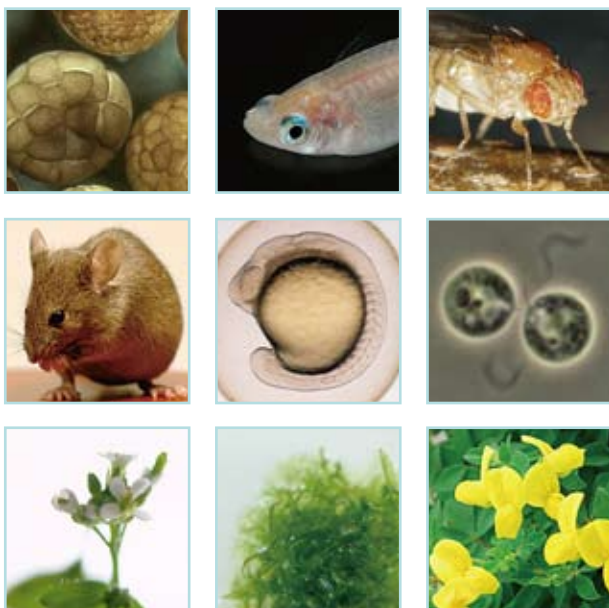
### 岡崎統合事務センター

# 基礎生物学研究所が目指すもの



## 学術研究の推進

基礎生物学研究所は、1977年の創設以来、生命の営みの基本をなす遺伝子の働きや細胞の働きを探ると共に、生物が環境に適応し、そして多様な形と能力を持つに至った仕組みを明らかにすることを目指して研究活動を行ってきました。現在では14研究部門および11研究室に所属する研究者が、細胞生物学、発生生物学、神経生物学、進化多様性生物学、環境生物学、理論生物学、イメージングサイエンスなどの分野にわたる研究活動を、様々なモデル生物を活用して展開しています。(→ P. 16～)



## 共同利用研究の推進

### 大学共同利用機関

基礎生物学研究所は大学共同利用機関の一つです。大学共同利用機関とは世界に誇る我が国独自の「研究者コミュニティによって運営される研究機関」であり、全国の研究者に共同利用・共同研究の場を提供する中核拠点として組織されました。重要な研究課題に関する先導的研究を進めるのみならず、全国の最先端の研究者が一堂に会し、未来の学問分野を切り拓くと共に新しい理念の創出をも目指した活動を行う拠点として、個別の大学では実施困難な機能と場を提供するのがその特色です。

### 共同利用研究

基礎生物学研究所は大学共同利用機関として、大学・研究機関などに所属する所外の研究者に対し、共同研究、および所内の施設を利用して行われる研究課題を公募しています。2010年度には、共同利用研究を強力にサポートする組織として、「生物機能解析センター」および「モデル生物研究センター」を新たに設置しました。(→ P. 66～)

大型スペクトログラフは、世界最大の超大型分光照射設備であり、「大型スペクトログラフ共同利用実験」の公募により、国内外の多くの研究者に利用されています。また、従来の「個別共同利用研究」「研究会」「施設利用」「重点共同利用研究」「モデル生物・技術開発共同利用研究」に加え、2010年度より「DSLML共同利用実験」および「次世代DNAシーケンサー共同利用実験」の募集を新たに開始しました。(→ P. 98)

## 国際連携活動

### 世界各国の研究機関との国際連携活動

欧州分子生物学研究所 (EMBL) は欧州 18 ヶ国の出資により運営されている研究所です。基礎生物学研究所は、2005 年に開始された自然科学研究機構と EMBL との共同研究の中心となっており、合同会議の開催や研究者・大学院生の相互訪問などの人的交流、および EMBL で開発された新型顕微鏡 D S L M を基礎生物学研究所に導入するなどの技術交流を行っています。(→ P. 112)

2009 年 4 月より、ドイツのマックス・プランク植物育種学研究所 (MPIPZ) との連携活動を開始し、合同会議の開催や、共同研究の推進を行っています。(→ P. 118)

2010 年 3 月に開始された自然科学研究機構とプリンストン大学との学術連携協定に基づき、基礎生物学研究所とプリンストン大学との間で研究者交流が開始されました。(→ P. 122)

2010 年 8 月には、シンガポールのテマセク生命科学研究所との学術交流協定が締結され、合同会議の開催やプラクティカルコースの共催などが企画されつつあります。(→ P. 123)

### 基礎生物学研究所カンファレンス (NIBB Conference)

所内の教授等がオーガナイザーとなり、海外からの招待講演者を交えて開催される国際会議です。研究所創立の 1977 年に開催された第 1 回以来、基礎生物学分野の国際交流の貴重な機会となっています。(→ P. 107)

### インターナショナルプラクティカルコース (International Practical Course)

所内の専用実験室で行われる国際実習コースです。国内外の研究者により編成された講師チームが研究技術を指導します。2009 年度には第 5 回 International Practical Course "Developmental Genetics of Zebrafish and Medaka III" が開催され、日本、ドイツ、中国、イスラエル、シンガポール、イギリス、ノルウェー、カナダなどから集まった若手研究者に、小型魚類の最新研究技法をトレーニングしました。(→ P. 124)

### バイオリソース

ナショナルバイオリソースプロジェクトは、生物学研究に広く用いられる実験材料としてのバイオリソース（実験動植物、細胞、DNA などの遺伝子材料）のうち、国が特に重要と認めたものについて、体系的な収集、保存、提供体制を整備することを目的とした国家プロジェクトです。基礎生物学研究所は日本発のモデル生物「メダカ」の中核機関を担っています。また、「アサガオ」の分担機関を担当しています。(→ P. 74)

## 新領域の開拓

### 生物学国際高等カンファレンス (Okazaki Biology Conference)

基礎生物学研究所は、生物学における新しい研究課題としての問題発掘を目指し今後生物学が取り組むべき新たな研究分野の国際的コミュニティ形成を支援するために、生物科学学会連合の推薦のもと、生物学国際高等カンファレンス (Okazaki Biology Conference 略称 OBC) を 2004 年より主催しています。数十人のトップレベルの研究者が、約一週間寝食を共にして議論をつくり、生物学の新たな課題に挑戦するための戦略を検討します。すでに開催されたカンファレンスからは、国際的研究者コミュニティが形成されつつあります。2009 年度には、第 7 回 OBC "The Evolution of Symbiotic Systems" (共生システムの進化) が開催されました。(→ P. 110)

## 若手研究者の育成

### 総合研究大学院大学

総合研究大学院大学は基礎学術分野の総合的発展を目指した大学院教育を行うために 1988 年に国により設置された学部を持たない大学院大学です。国内 18 の学術研究機関に学生を分散配置して教育を行います。基礎生物学研究所は、総合研究大学院大学生命科学研究科基礎生物学専攻の基盤機関として大学院教育を行い、次世代の生物学を担う若手研究者の養成を行っています。5 年一貫制博士課程と博士後期課程の 2 つのコースがあります。(→ P. 88)

### 他大学の大学院教育への協力

基礎生物学研究所は大学共同利用機関として、国・公・私立大学の要請に応じてそれらの大学に所属する大学院学生を「特別共同利用研究員」として受け入れ、大学院教育の協力を行っています。(→ P. 96)

### ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース

生物情報学を必ずしも専門としない生物学研究者が、ゲノムインフォマティクスを活用することによってそれぞれの研究を発展させるための基礎的技術・考え方を習得することを目的として開催される国内向けのコースです。講義とコンピューターを用いた演習を組み合わせ実施しています。若手研究者を中心に、毎回、多くの受講希望者の応募があります。(→ P. 128)

# 年表

1962年頃から生物学研究者の間に研究所設立の要望が高まり、関連学会（日本動物学会、日本植物学会等）を中心に種々検討がなされた。

## 1966年5月

日本学術会議は、第46回総会において、生物研究所（仮称）並びに生物科学研究交流センター（仮称）の設立について内閣総理大臣に勧告した。

## 1973年10月

学術審議会は、分子科学研究所、基礎生物学研究所（仮称）及び生理学研究所（仮称）を緊急に設立すべき旨、文部大臣に報告した。

## 1977年5月

基礎生物学研究所 創設。生理学研究所と共に生物科学総合研究機構を形成。桑原萬壽太郎 初代所長就任。3研究系（細胞生物学研究系・発生生物学研究系・制御機構研究系）、培養育成研究施設及び技術課が設置された。創設当初は旧愛知教育大旧図書館の建物を利用した。

## 1977年12月

第1回 基礎生物学研究所コンファレンス 開催。

## 1979年2月

基礎生物学研究所 研究実験棟第1期竣工。



1979年の基礎生物学研究所 左手の建物が旧愛知教育大旧図書館建物

## 1981年4月

岡崎国立共同研究機構 創設。分子科学研究所及び生物科学総合研究機構（基礎生物学研究所、生理学研究所）は総合化され、3研究所は岡崎国立共同研究機構として一体的に運営されることとなった。

## 1983年4月

金谷晴夫 第2代所長就任。

## 1984年10月

岡田節人 第3代所長就任。

## 1986年11月

最先端の研究技術の国内若手研究者への普及を目指し、第一回バイオサイエンストレーニングコースが開催された。

## 1987年5月

創設10周年を記念し、記念式典と施設公開を実施した。「転換期をむかえた生物学」と題した10周年記念講演会が京都にて開催された。



創立10周年記念式典

## 1988年10月

日本初の大学院大学である、国立大学総合研究大学院大学創設。基礎生物学研究所には生命科学研究所分子生物機構論専攻（3年制の博士課程）が設置された。

## 1989年5月

形質統御実験施設 設置。

## 1989年7月

竹内郁夫 第4代所長就任。

## 1995年4月

毛利秀雄 第5代所長就任。

## 1997年1月

基礎生物学研究所研究実験棟に隣接して、形質統御実験棟が竣工した。



建築中の形質統御実験棟

## 1997年5月

創設20周年を迎え、記念式典が新たに竣工した岡崎コンファレンスセンターにて行われた。

## 1998年5月

形質転換生物研究施設 設置。

## 1999年4月

生命環境科学研究センター 設置。



#### 2000年4月

共通研究施設として、統合バイオサイエンスセンター、計算科学研究センター、動物実験センター、アイソトープ実験センター 設置。

#### 2001年4月

勝木元也 第6代所長就任。

#### 2002年3月

山手地区に山手1号館と2号館東が竣工。以後山手地区には2004年3月までに順次、5号館までが竣工した。



現在の山手地区

#### 2001年4月

情報生物学研究センター 設置。

#### 2004年1月

生物学が取り組むべき新たな研究分野の国際的コミュニティー形成を支援する為の国際研究集会として、第1回生物学国際高等コンファレンス (Okazaki Biology Conference) が開催された。

#### 2004年4月

大学共同利用機関法人自然科学研究機構 創設。国立大学法人法の施行により、国立天文台、核融合科学研究所、基礎生物学研究所、生理学研究所及び分子科学研究所が統合再編され、大学共同利用機関法人自然科学研究機構となった。3研究系の廃止とともに研究部門名を変更し、新たに研究室を設けた。統合バイオサイエンスセンターは岡崎統合バイオサイエンスセンターに名称変更。総合研究大学院大学は国立大学法人に移行。生命科学研究所分子生物機構論専攻に5年一貫制の博士課程が設置された。

#### 2005年4月

総合研究大学院大学分子生物機構論専攻が基礎生物学専攻に名称変更。

#### 2005年7月

自然科学研究機構と欧州分子生物学研究所 (EMBL) との間で共同研究協定が調印された。基礎生物学研究所と EMBL との連携活動を開始。

#### 2007年1月

バイオサイエンストレーニングコースにかわり、国内外の若手研究者を対象とした国際的な研究技術普及および交流活動として、第1回 NIBB International Practical Course が開催された。

#### 2007年4月

岡田清孝 第7代所長就任。

#### 2007年5月

基礎生物学研究所は創設30周年を迎えた。6月1日には30周年記念式典が開催された。



創設30周年記念式典

#### 2009年4月

基礎生物学研究所とドイツのマックス・プランク植物育種学研究所との間で、植物科学分野での研究推進を目的として学術交流協定を締結。8月には第1回の合同会議がドイツ・ケルンで行われた。

#### 2010年3月

自然科学研究機構とアメリカのプリンストン大学との間で学術交流協定が締結された。基礎生物学研究所とプリンストン大学との連携活動を開始。

#### 2010年4月

生物機能解析センターおよびモデル生物研究センターを設置。

#### 2010年7月

最先端研究基盤事業「低炭素社会実現に向けた植物研究の推進のための基盤整備」として採択された「植物科学最先端研究拠点ネットワーク」事業を開始。基礎生物学研究所は9つの研究基地拠点の1つとして、次世代シーケンサーシステム、光合成機能解析システム、植物環境制御システムの運用を担当している。

#### 2010年8月

基礎生物学研究所とシンガポールのテマセク生命科学研究所との間で学術交流協定が締結された。

## 運営会議委員 (2009-2010 年度) 任期: 2009年4月1日~2011年3月31日

◎議長 ○副議長

### 所外委員

- |        |                                    |
|--------|------------------------------------|
| 石野 史敏  | 東京医科歯科大学難治疾患研究所 教授                 |
| 大隅 典子  | 東北大学大学院医学系研究科・医学部附属創成応用医学研究センター 教授 |
| 加藤 和人  | 京都大学人文科学研究所 准教授                    |
| 坂野 仁   | 東京大学大学院理学研究科 教授                    |
| 佐藤 矩行  | 沖縄科学技術研究基盤整備機構 代表研究者               |
| 塩見 春彦  | 慶應義塾大学医学部 教授                       |
| 田畑 哲之  | かずさDNA研究所 副所長・植物ゲノム研究部 部長          |
| 福田 裕穂  | 東京大学大学院理学系研究科 教授                   |
| ○ 松岡 信 | 名古屋大学生物機能開発利用研究センター 教授             |
| 柳田 敏雄  | 大阪大学大学院生命機能研究科 教授                  |

### 所内委員

- |         |                                   |
|---------|-----------------------------------|
| 井口 泰泉   | 分子環境生物学研究部門 (岡崎統合バイオサイエンスセンター) 教授 |
| 上野 直人   | 形態形成研究部門 教授                       |
| 小林 悟    | 発生遺伝学研究部門 (岡崎統合バイオサイエンスセンター) 教授   |
| 高田 慎治   | 分子発生学研究部門 (岡崎統合バイオサイエンスセンター) 教授   |
| 西村 幹夫   | 高次細胞機構研究部門 教授                     |
| ◎ 野田 昌晴 | 統合神経生物学研究部門 教授                    |
| 長谷部 光泰  | 生物進化研究部門 教授                       |
| 藤森俊彦    | 初期発生研究部門 教授                       |
| 堀内 嵩    | ゲノム動態研究部門 教授                      |
| 山森 哲雄   | 脳生物学研究部門 教授                       |
| 吉田 松生   | 生殖細胞研究部門 教授                       |

## 運営会議委員 (2011 年度)

任期: 2011年4月1日~2013年3月31日

◎議長 ○副議長

### 所外委員

- |        |                             |
|--------|-----------------------------|
| 上村 匡   | 京都大学大学院生命科学系研究科 教授          |
| ○ 近藤孝男 | 名古屋大学大学院理学研究科 教授            |
| 塩見春彦   | 慶應義塾大学医学部 教授                |
| 島本 功   | 奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科 教授 |
| 瀬原淳子   | 京都大学再生医科学研究科 教授             |
| 高林純示   | 京都大学生態学研究センター 教授            |
| 田中 歩   | 北海道大学低温科学研究所 教授             |
| 水島 昇   | 東京医科歯科大学大学院歯学総合研究科 教授       |
| 森 郁恵   | 名古屋大学大学院理学研究科 教授            |
| 山本正幸   | 東京大学大学院理学系研究科 教授            |

### 所内委員

- |         |                                   |
|---------|-----------------------------------|
| ◎ 井口 泰泉 | 分子環境生物学研究部門 (岡崎統合バイオサイエンスセンター) 教授 |
| 上野 直人   | 形態形成研究部門 教授                       |
| 川口正代司   | 共生システム研究部門 教授                     |
| 小林 悟    | 発生遺伝学研究部門 (岡崎統合バイオサイエンスセンター) 教授   |
| 高田 慎治   | 分子発生学研究部門 (岡崎統合バイオサイエンスセンター) 教授   |
| 西村 幹夫   | 高次細胞機構研究部門 教授                     |
| 野田 昌晴   | 統合神経生物学研究部門 教授                    |
| 長谷部 光泰  | 生物進化研究部門 教授                       |
| 藤森俊彦    | 初期発生研究部門 教授                       |
| 山森 哲雄   | 脳生物学研究部門 教授                       |
| 吉田 松生   | 生殖細胞研究部門 教授                       |

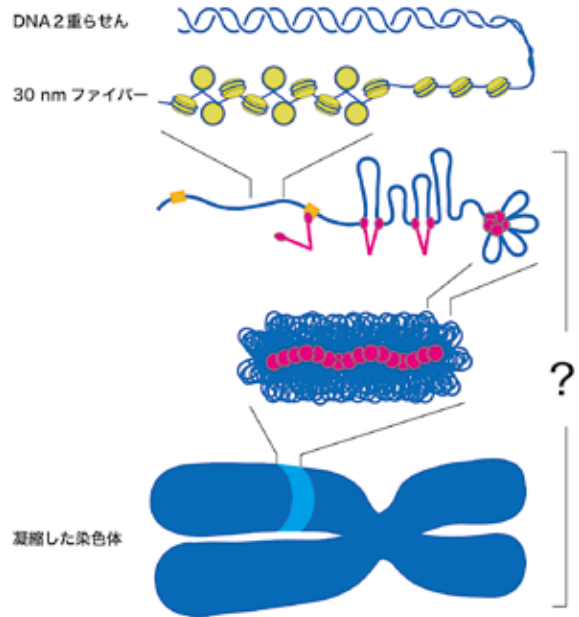
## 長い DNA をコンパクトに収納する

ゲノム動態研究部門の定塚勝樹助教と堀内嵩教授は、細胞の核の中の DNA をコンパクトに収納する”染色体凝縮”と呼ばれる現象において、凝縮に必要な蛋白質複合体（コンデンシン）が染色体 DNA に結合するメカニズムを明らかにしました。研究グループは DNA と蛋白質複合体の結合に不可欠な DNA 配列を明らかにすると共に、リクルーターと呼ばれる蛋白質の役割を明らかにしました。これにより、染色体が形作られる仕組みの完全理解に向けて大きく前進しました。

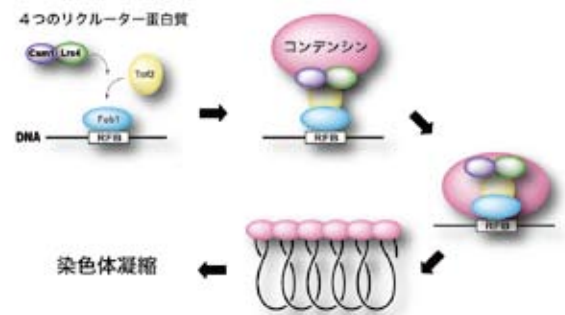
一つ一つの細胞は顕微鏡でなければ見えないほど小さく、その細胞の核の中には、遺伝情報を記録した DNA が入っています。ヒトの場合、すべての DNA 鎖全体の長さは 2 メートルにも及びます。この、とてつもなく長い DNA は、どのように折りたたまれて核の中にしまわれているのでしょうか？ この驚異的とも思われる収納作業の仕組みは実はほとんど解っていません。近年の研究により、コンデンシンと呼ばれる複数の蛋白質からなる巨大な複合体が中心となって、それを行っているらしいことが解ってきました。

研究グループは、酵母をモデルとして、RFB と呼ばれる短い配列（リボソーム RNA 遺伝子が多数繰り返している領域内にある特定の配列）を染色体の任意の場所に挿入すると、そこにコンデンシンが結合することを発見しました。さらにそこに結合するには、コンデンシンを呼び込む”リクルーター”として働く 4 つの蛋白質が必要であることを突きとめました。

本研究により、コンデンシンを染色体 DNA へと呼び込むために必要かつ十分な役割を果たす特定の配列があること、そしてその結合メカニズムが初めて明らかになりました。



2 本鎖 DNA が折りたたまれて凝縮した染色体を構築するモデル



コンデンシンを染色体へと呼び込む特定の配列 (RFB) と、その結合メカニズム



定塚勝樹助教

Katsuki Johzuka and Takashi Horiuchi  
"The *cis* Element and Factors Required for Condensin Recruitment to Chromosomes"  
Molecular Cell 34, 26-35. (2009).

## 神経軸索の正しい進路選択には細胞骨格である微小管の安定化制御が必須である

発生過程において、神経細胞から発した軸索は、伸長途中の細胞外の軸索ガイダンス分子を感知することによって正しい経路を選択し、最終的に標的となる正しい神経細胞と神経結合を形成します。軸索ガイダンス分子の情報は、軸索内の細胞骨格を制御することにつながると考えられますが、細胞骨格制御の分子機構の詳細は不明でした。

統合神経生物学研究部門の野田昌晴教授らの研究グループは、Adenomatous polyposis coli 2 (APC2) という分子が、細胞骨格である微小管の制御を行うことによって軸索ガイダンス分子に対する軸索の応答性を決定していることを明らかにしました。

研究グループは、神経系で高発現する APC2 に注目し、その神経回路形成における役割を解析しました。視神経軸索における APC2 の役割を調べると、APC2 の発現抑制により軸索における微小管の安定性が低下することが観察されました。また、視神経軸索の脳への神経連絡において、APC2 を抑制した場合には、視交叉における進路選択に誤りが生じて、反対側の視蓋だけでなく同側の視蓋にも侵入することが分かりました。また、形成されるべき領域特異的な投射が形成されないことが分かりました（図参照）。

以上の結果から、視神経軸索が軸索ガイダンス分子に应答して正しい経路を選択するためには、APC2 による軸索内の微小管の安定性の制御が重要な役割を果たしていることが明らかとなりました。この成果は、これまで不明であった神経回路形成における微小管の役割を明らかにした重要な知見です。



野田昌晴教授と新谷隆史准教授

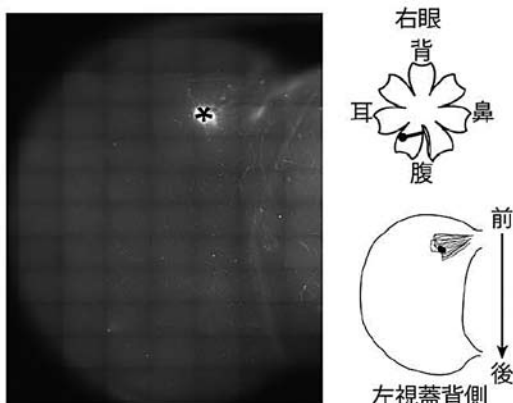
Takafumi Shintani, Masaru Ihara, Sachiko Tani, Juichi Sakuraba, Hiraki Sakuta, and Masaharu Noda

“APC2 plays an essential role in axonal projections through the regulation of microtubule stability”

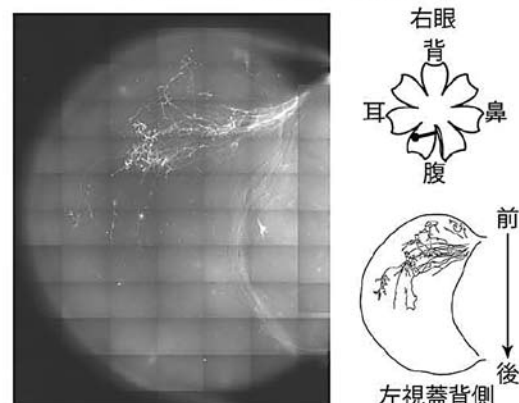
Journal of Neuroscience 29, 11628-11640. (2009).

図：APC2 の発現抑制による視神経投射の異常  
APC2 の発現を抑制すると、投射が分散し、蛇行や異常な側枝の形成が観察される。右眼の耳腹部の網膜を脂溶性色素でラベルしている。

### 正常な投射



### APC2 の発現を抑制した場合の投射

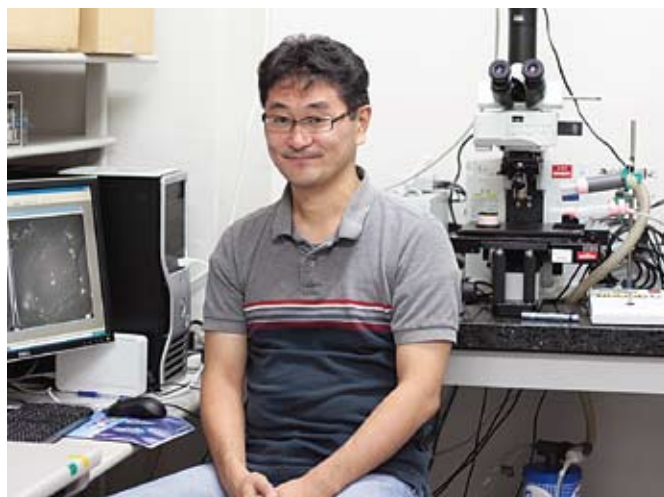


## 多く、長く、精子を作り続ける秘訣 ～ほ乳類精子形成における新しい分化 モデル～

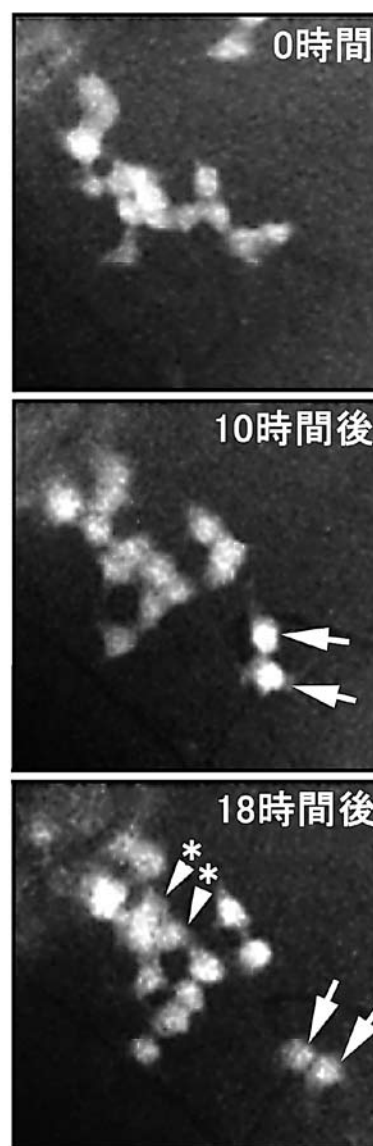
ヒト男性の精巣では、一日に1億にもおよぶ精子を約50年にわたって作り続けます。この、沢山の精子を長い期間作り続けるという、生命にとって極めて重要な営みは、どんな細胞が支えているのでしょうか？従来、精巣の中の、ごく少数の自己複製能力を持つ限られた特別の細胞（幹細胞）だけが、この役目を果たしていると考えられてきました。

生殖細胞研究部門の吉田松生教授らの研究グループは、緑色蛍光タンパク質 (GFP) を用いてマウスの精巣の細胞のふるまいを生きたまま顕微鏡観察するライブイメージング実験を開発し、精子幹細胞の挙動を研究してきました。研究グループは、精子への分化を開始して、幹細胞に逆戻りすることはないと考えられて来た細胞（細胞質同志が連結した細胞）が、しばらくの間は自己複製できる潜在能力を保持しており、いつでも幹細胞に逆戻りできることを発見しました。逆戻りの時に細胞同志の連結がちぎれることも観察されました。さらに、精巣が障害を受けて幹細胞の数が減った時には、これら、分化に向かい始めた細胞たちの潜在能力が発揮され、幹細胞の数が速やかに回復して精子形成を保とうとする事が明らかになりました。

このように、従来信じられて来たよりもはるかに多くの細胞のグループが、継続する精子形成を支えていたのです。これは、40年近く信じられて来たモデルを修正するものでした。



吉田松生教授



ライブイメージングが捉えた、精子のおおもと細胞の「逆戻り」

連結した精子のおおもと細胞がちぎれて短くなった一例。緑色蛍光タンパク質 (GFP) を用いて細胞に光る標識をつけて顕微鏡観察した。16個の連結細胞から2つの細胞がちぎれて分かれた（矢印）。この後、別の2個の細胞（星印）もちぎれた。

Toshinori Nakagawa, Manju Sharma, Yo-ichi Nabeshima, Robert E. Braun, and Shosei Yoshida

“Functional Hierarchy and Reversibility within the Murine Spermatogenic Stem Cell Compartment”

Science 328, 62-67. (2010).

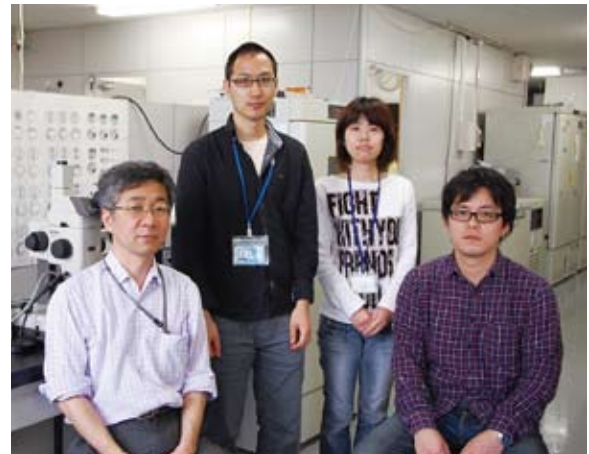
## 成体メダカの卵巢で卵を継続的に作り出す幹細胞のゆりかごを発見

生き物にとって、自分たちの子孫を残していく事は最も基本的で重要な事柄です。多くの動物のオスでは、幹細胞が沢山の精子を一生にわたって作り続けることが明らかとなっています。一方で、メスが卵を作り出すメカニズムについては、不明な点が多く残されています。

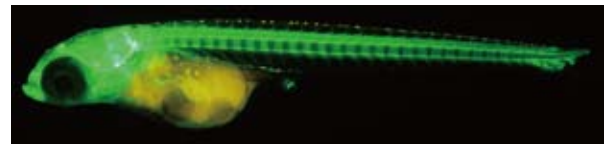
生殖遺伝学研究室の中村修平研究員、田中実准教授らは、メダカを用いた研究により、メダカ成体のメスの卵巢内に、精巣と似た構造があることを発見しました。そしてその構造の“ゆりかご”と呼んだ領域に幹細胞が存在し、その幹細胞が卵を継続的に作り出していることを世界で初めて明らかにしました。ほ乳類では、すべての卵は出生前につくられてしまう、という考え方が定説です。今回の成果は、脊椎動物で初めて、大人になっても卵巢内では卵がつくり続けられていることを示したものです。

メダカは春から秋にかけて毎日継続的に卵を産み続けることができるなど、「多産」であることが知られています。今回の成果は、卵を産み続けることができる仕組みの謎を一つ明らかにしました。また、卵巢にも精巣と似た構造があることが判ったことから、性分化・性転換のしくみの理解が大きく進展することが期待されます。

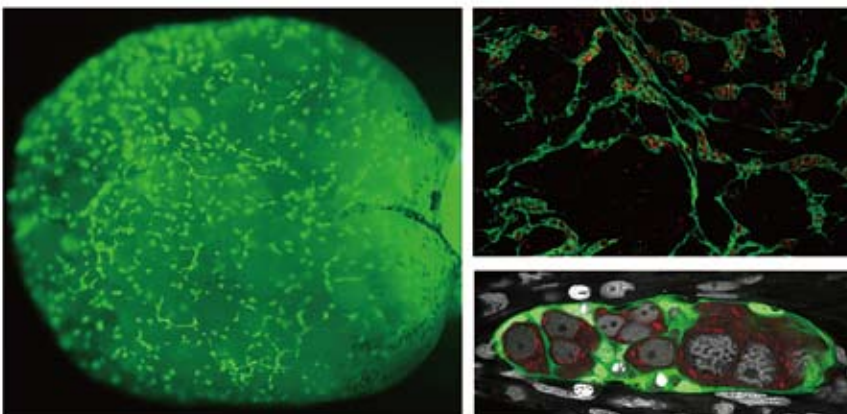
Shuhei Nakamura, Kayo Kobayashi, Toshiya Nishimura, Shin-ichi Higashijima, and Minoru Tanaka  
“Identification of Germline Stem Cells in the Ovary of the Teleost Medaka”  
Science 328, 1561-1563. (2010).



左から田中実准教授、西村俊哉大学院生、小林佳代研究員、中村修平研究員



Sox9 遺伝子が働いている細胞が光るメダカ



図：卵巢の表面に見つかった精巣と似た構造

左：卵巢全体を背側から見た写真。チューブ様のネットワーク構造（緑）が蛍光で識別できる。

右上：ネットワークの拡大写真。卵になりかけの細胞（赤）が、ネットワーク中の所々でかたまっている（卵の幹細胞のゆりかご）。

右下：ゆりかごの拡大写真。ゆりかご（緑）の中に卵になりかけの細胞（赤）がいる。

## 極小ペプチドによる発生制御のしくみを発見

発生遺伝学研究部門の影山裕二特任助教らは、真核生物で最も小さなペプチド遺伝子が、遺伝子発現のスイッチとしてはたらいていることを発見しました。

ヒトを含む動植物のゲノムには、普通たんぱく質よりも小さいペプチド（アミノ酸100個以下）をコードする遺伝子が多数存在していると言われています。しかし、このようなペプチドが細胞内でどのようなはたらきをしているかについてはよく分かっていませんでした。

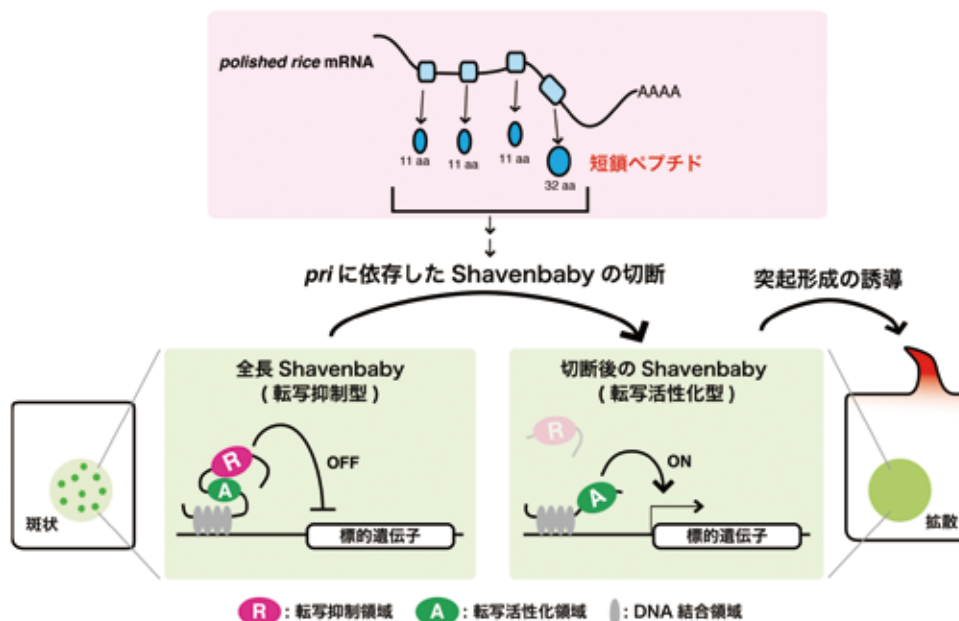
研究グループは、わずかアミノ酸11個からなるペプチドをコードする pri 遺伝子が、ショウジョウバエの胚の発生過程を制御する一群の遺伝子の発現に必要であることを突き止めました。さらに、pri 遺伝子にコードされるペプチドが、転写因子である Shavenbaby たんぱく質を転写抑制型から転写活性化型へと変換することにより、遺伝子発現制御のスイッチとしてはたらいていることを明らかにしました。

今回の発見によって、遺伝子発現という生命の根幹を制御するしくみに小さなペプチドが関わっていることが明らかになりました。この発見が起点となって、さまざまな研究分野で小さなペプチドの研究が促進され、ペプチドの新たな役割の解明や新規ペプチド医薬の開発へとつながるものと期待されます。



影山裕二特任助教

Takefumi Kondo, Serge Plaza, Jennifer Zanet, Emilie Benrabah, Philippe Valenti, Yoshiko Hashimoto, Satoru Kobayashi, François Payre, Yuji Kageyama  
 “Small Peptides Switch the Transcriptional Activity of Shavenbaby During *Drosophila* Embryogenesis”  
 Science 329, 336-339. (2010).

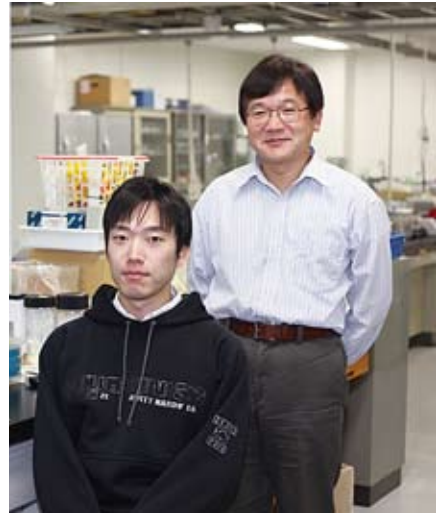


## マメ科植物において、根粒の数と植物の形作りを同時に制御する遺伝子を発見

マメ科植物は養分の少ない荒地でも生長することができます。その秘訣は、根に根粒を形成し、内部に根粒菌と呼ばれる微生物を住まわせて共生し、その微生物の能力を上手く利用して空気中の窒素から栄養を作り出すことが出来るからです。

共生システム研究部門の宮澤日子太大学院生および川口正代司教授らの研究グループは、ミヤコグサを用いた研究により、根粒の数と植物の形の両方を制御する遺伝子を新たに発見しました。

研究グループはマメ科植物のミヤコグサを用いて、遺伝子をイオンビーム照射によってランダムに壊す実験を行い、クラビア (KLAVIER) 遺伝子を発見しました。クラビア遺伝子が壊れると、根粒の数が通常の3~4倍に増えることがわかりました。根粒が付かなければ窒素固定は出来ません。一方で、根粒が多く付きすぎてしまうと根粒の形成自体や窒素固定に多くのエネルギーを費やしてしまい植物が上手く育たないことが知られています。本研究によって、クラビア遺伝子には根粒の数を抑制する働きがあり、この遺伝子によって根粒の数が適正に制御されていることがわかりました。さらにこのクラビア遺伝子は、根粒の数だけでなく、花が咲く時期や、莢やサヤの形、花の数などの植物の形を決める機能があることがわかりました。根粒の数を制御する遺伝子はこれまでに2つ知られていますが、根粒の数と植物の地上部の形の両方を制御する遺伝子の発見は初めてのことです。



左から宮澤日子太大学院生と川口正代司教授

Hikota Miyazawa, Erika Oka-Kira, Naoto Sato, Hirokazu Takahashi, Guo-Jiang Wu, Shusei Sato, Masaki Hayashi, Shigeyuki Betsuyaku, Mikio Nakazono, Satoshi Tabata, Kyuya Harada, Shinichiro Sawa, Hiroo Fukuda, Masayoshi Kawaguchi

“The receptor-like kinase, KLAVIER, mediates systemic regulation of nodulation and non-symbiotic shoot development in *Lotus japonicus*”  
*Development* 137, 4317-4325. (2010).





## オオミジンコの性決定遺伝子の発見

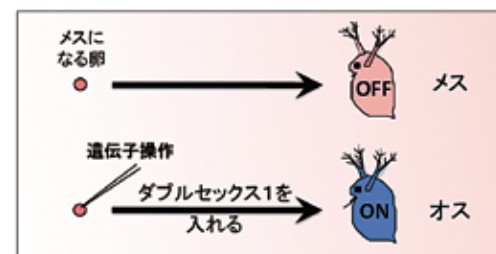
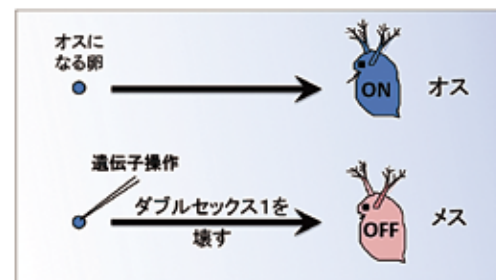
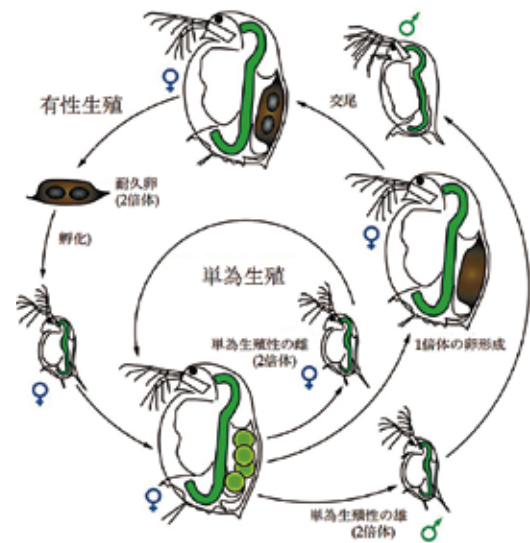
基礎生物学研究所分子環境生物学研究部門の井口泰泉教授らと大阪大学の研究グループは、オオミジンコのオスを決定する仕組みを明らかにしました。

ミジンコは甲殻類で、池や湖で春から夏にかけて爆発的に増え、藻類を食べて育ち、魚の餌にもなる生態系で重要な動物プランクトンです。ミジンコ類は環境が良ければメスがメスを産んで単為生殖（クローン）で増えますが、餌不足、混雑、短日など環境条件が悪くなるとオスを産み、交尾して乾燥にも耐えられる耐久卵を産みます。耐久卵からはメスが発生します。従って、ミジンコにはヒトのような遺伝性の性決定ではなく、環境条件による、環境性の性決定の方式をとっていると思われています。環境性性決定の仕組みを持つ生物は、ミジンコの他にも、ワニやカメなどで知られていますが、今まで、その環境性性決定の仕組みはミジンコを含めて他の生物でも謎でした。

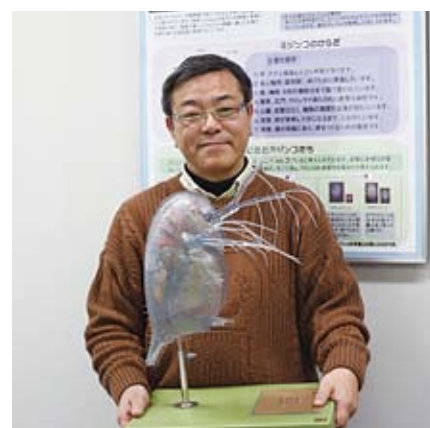
井口らは国立環境研究所と行った先行研究で、オオミジンコに“幼若ホルモン類似物質”とよばれる化学物質が作用するとオスばかりが生まれることを見つけていました。今回、研究グループはその手法を用いてオスになる卵を集め、メスになる卵とオスになる卵の違いを調べました。

メスとオスで働いている遺伝子の違いを比較した結果、オスだけで強く働いている遺伝子、「doublesex1（ダブルセックス1）」を発見しました。ミジンコの卵内で遺伝子の働きを止める手法（ミジンコにおける RNA 干渉法）を新たに開発し、doublesex1 遺伝子の働きを止めると、オスになるはずの卵から生まれたミジンコはメスの形態を示しました。また、この遺伝子をメスになる卵に注入するとオスの形態を示しました。これらの結果より、井口らは、doublesex1 遺伝子の働き方の違いが、オオミジンコのオスとメスを決めていることを明らかにしました。これは、環境性性決定において、具体的に性を決めている遺伝子が明らかになった世界で初めての例です。

Yasuhiko Kato, Kaoru Kobayashi, Hajime Watanabe and Taisen Iguchi  
 “Environmental sex determination in the branchiopod crustacean *Daphnia magna*: Deep conservation of a doublesex gene in the sex-determining pathway”  
 PLoS Genetics 7, e1001345. (2011).



ON: ダブルセックス1が働いている  
 OFF: ダブルセックス1が働かない

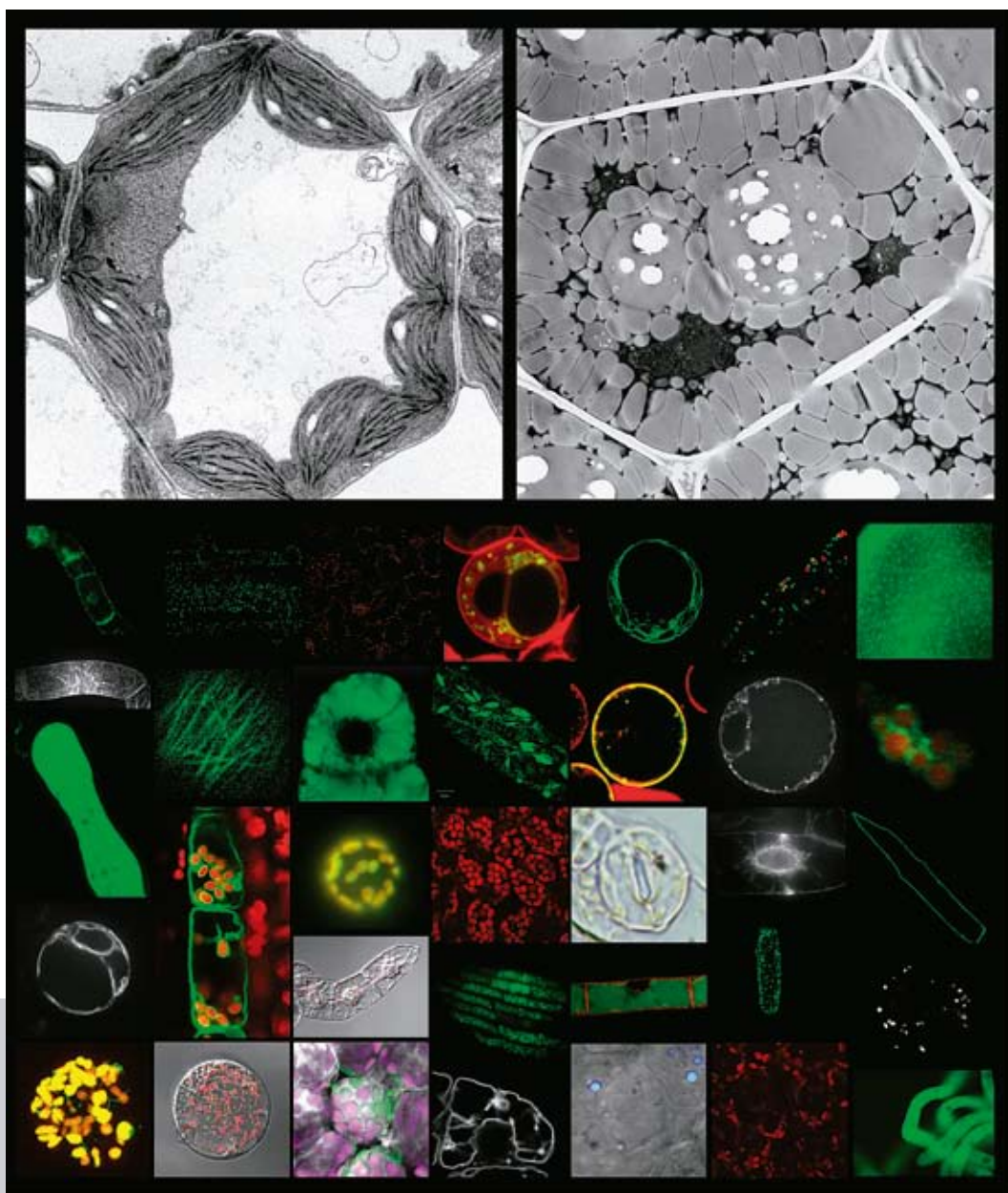


井口泰泉教授

# オルガネラの分化から

## 植物の高次機能発現を理解する

発芽した子葉は陽にあたると緑化し、また木の葉は秋に紅葉する。こうした植物の営みにはオルガネラの機能および形態の変動が伴っている。緑化にはエチオプラストからクロロプラストへの、また紅葉にはクロロプラストからクロモプラストへの転換が生じ、葉の色が変わっていく。このようなオルガネラの変換は、植物の成長・分化に伴って頻繁に観察される現象であり、オルガネラ分化の可塑性として捉えられる。このオルガネラ分化の可塑性こそが環境と一体化して生きていく植物の特徴である。本部門では、分子から植物個体まで幅広いレベルから、植物におけるオルガネラ分化の可塑性を理解することにより、新たな動的植物像の構築を目指している。



シロイヌナズナの電子顕微鏡写真（左は緑化子葉、右は種子中の子葉）および蛍光標識により可視化された数々のオルガネラ（'The Plant Organelles Database 2' より）(文献 2)。現バージョンでは、静止画だけでなく動画にも対応しており、ダイナミックなオルガネラの様子を観ることができる (Mano et al. (2011) Plant Cell Physiol. 52, 244-253)。また、一般の方向けのウェブサイト「植物オルガネラワールド」も公開している。

### Members

教授

西村 幹夫

准教授

林 誠

助教

真野 昌二

山田 健志

技術課技術職員

近藤 真紀

NIBB リサーチフェロー

及川 和聡

博士研究員

金井 雅武

渡邊 悦子

田中 美名

神垣 あかね

総合研究大学院大学

大学院生

後藤 志野

中井 篤

CUI, Songkui

柴田 美智太郎

技術支援員

斎藤 美幸

中山 朋美

曳野 和美

義則 有美

松田 梓

事務支援員

上田 千弦

## 高等植物におけるペルオキシソームの機能発現と形成機構

ペルオキシソームは、動植物、酵母など真核細胞に普遍的に存在するオルガネラで、高等植物では、脂肪酸代謝、光呼吸、ジャスモン酸やオーキシンの生合成、活性酸素種の除去などその機能は多岐に渡っている。ペルオキシソームの機能や形成が欠損した変異体では、種子の発芽不全、植物体の矮性化、花芽の融合、種子形成不全などの異常をきたすことから、ペルオキシソームが植物の一生を通じて、高次機能を支える重要なオルガネラであることが明らかになりつつある。

しかしながら、このペルオキシソームの機能発現および形成機構は、遺伝子発現、mRNAのスプライシング、タンパク質の細胞内輸送、ペルオキシソーム内でのタンパク質分解という各段階で調節されていることが示されているものの、その制御機構は分子レベルでは完全に解明されていない。本研究部門では、シロイヌナズナのペルオキシソーム機能欠損変異株 (文献 1) や形成変異株 (文献 5)、高純度に精製したペルオキシソームを用いたプロテオーム解析 (文献 4)、マイクロアレイを用いた遺伝子発現解析などを駆使して、高等植物におけるペルオキシソームの機能と形成に関わる分子の同定とその制御機構の解明に取り組んでいる。また、近年さまざまな生物で解析が進んでいるペルオキシソーム制御因子 (PEROXIN: PEX) を、シロイヌナズナのゲノムデータベースの検索から全部で 21 個同定し、RNAi 法によってこれらの遺伝子発現がノックダウンされた植物体を用いて、各 PEX 遺伝子産物の機能解析を進めている (図 1)。

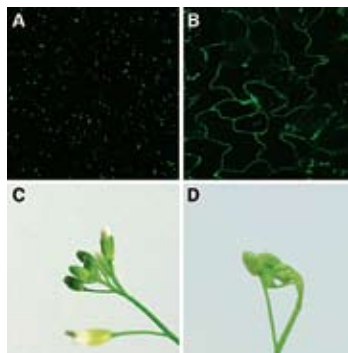


図 1. ペルオキシソーム形成不全による植物体の影響  
緑色蛍光タンパク質 (GFP) を発現している形質転換シロイヌナズナを親株 (A, C) として、PEX10 の RNA 抑制株 (pex10i) を作製した (B, D)。親株ではペルオキシソームが GFP によりドット状に可視化されるのに対し (A)、pex10i では GFP の輸送が抑制されサイトソルで蛍光が観察される (B)。また、pex10i では正常な花芽形成が抑制され花芽が融合する (D)。このため種子形成にも異常をきたす。

## 液胞、小胞体の機能変換

高等植物の液胞は形態的、機能的に大きく変動する能力を備えている。種子には貯蔵タンパク質を蓄積するタンパク質蓄積型液胞が存在し、発芽とともに消化酵素を蓄える分解型液胞に転換する。最近、私たちは植物のプログラム細胞死

に液胞が深く関わることを発見した。液胞プロセシング酵素 (Vacuolar processing enzyme: VPE) は液胞タンパク質の成熟化に関与するプロテアーゼである。VPE の発現が低下した植物では菌感染時などに見られるプログラム細胞死 (PCD) が抑えられる。PCD が起こる前に液胞が崩壊することから、VPE による液胞崩壊が PCD を引き起こすことが示唆されている。また、タンパク質蓄積型液胞への貯蔵タンパク質の輸送に必要な小胞体由来の PAC (Precursor-accumulating) 小胞に加え、小胞体 (ER) を GFP で可視化することで、小胞体由来の新規オルガネラ、ER ボディを発見した。ER ボディは幼植物体の表皮細胞に多く見られ (図 2)、傷害でも誘導されることから、食害や病害に対する防御の働きがあると考えられる。現在、シロイヌナズナを用いて ER ボディや PAC 小胞の形成に関わる因子を同定し、植物特異的な小胞体の機能について解析している (文献 3)。このほかにも、分子シャペロンである HSP90 の植物細胞内の環境応答における役割について研究を進めている。

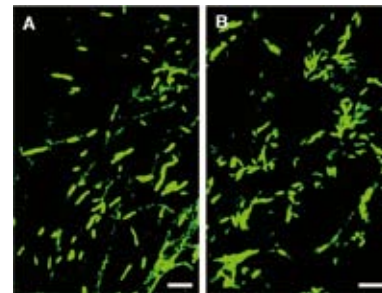


図 2. 幼植物体の表皮細胞にみられる ER ボディ  
GFP により小胞体を可視化した形質転換シロイヌナズナの幼植物体の表皮を観察した。(A) 子葉 (B) 胚軸

## 参考文献

- Hayashi, M., Nito, K., Toriyama-Kato, K., Kondo, M., Yamaya, T., and Nishimura, M. (2000). *AtPex14* maintains peroxisomal functions by determining protein targeting to three kinds of plant peroxisomes. *EMBO J.* 19, 5701-5710.
- Mano, S., Miwa, T., Nishikawa, S., Mimura, T., and Nishimura, M. (2008). The plant organelles database (PODB): A collection of visualized plant organelles and protocols for plant organelle research. *Nucleic Acid Res.* 36, D929-937.
- Yamada, K., Nagano, A. J., Nishina, M., Hara-Nishimura, I., and Nishimura, M. (2008). NAI2 is an endoplasmic reticulum body component that enables ER body formation in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell* 20, 2529-2540.
- Arai, Y., Hayashi, M., and Nishimura, M. (2008). Proteomic identification and characterization of a novel peroxisomal adenine nucleotide transporter supplying ATP for fatty acid  $\beta$ -oxidation. *Plant Cell* 20, 3227-3240.
- Goto, S., Mano, S., Nakamori, C., and Nishimura, M. (2011). *Arabidopsis* ABERRANT PEROXISOME MORPHOLOGY 9 is a peroxin that recruits the PEX1-PEX6 complex to peroxisomes. *Plant Cell* 23, 1573-1587.

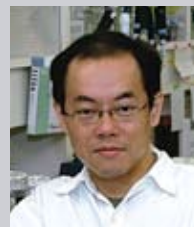
教授  
西村 幹夫



准教授  
林 誠



助教  
真野 昌二



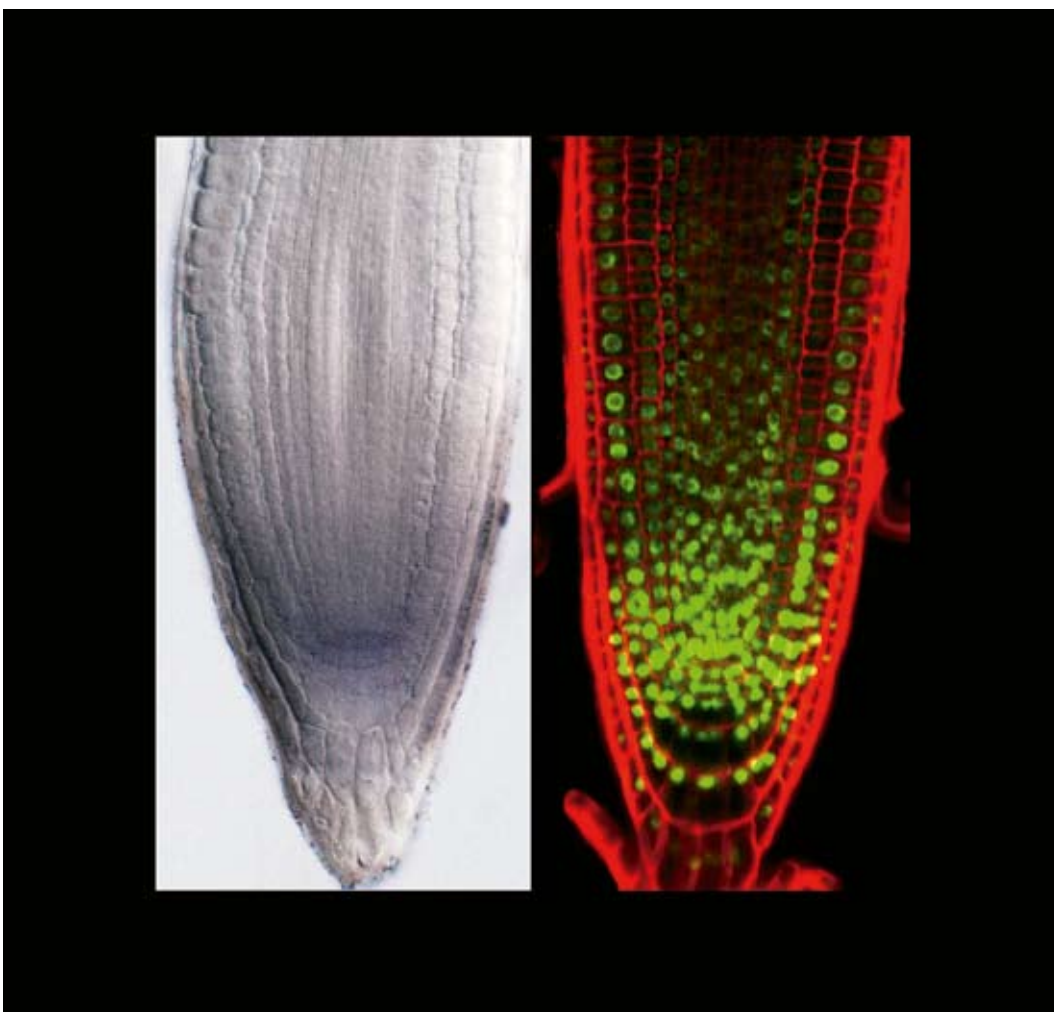
助教  
山田 健志



# リガンド-受容体ペアの

## 同定から探る植物のかたちづくり

分泌型ペプチドをはじめとする細胞間シグナル分子と、細胞膜貫通型の受容体タンパク質を介した細胞間情報伝達機構は、多細胞生物のかたちづくりを支える重要なしくみのひとつである。特定の受容体に特異的に結合するシグナル分子はリガンドと呼ばれるが、複雑な細胞内情報伝達カスケードの最上位に位置するリガンド-受容体ペアを見つけ出すことは、ポストゲノム時代の大きな課題である。本部門では、新しい細胞間シグナルの探索やリガンド-受容体ペアの同定を基軸として、植物のかたちづくりのしくみの解明に取り組んでいる。



### Members

教授  
松林 嘉克

助教  
篠原 秀文

特別共同利用研究員  
森 彩華  
(名古屋大学)  
吉井 智明  
(名古屋大学)

研究員  
大西(小川) 真理  
住田(大場) 久美子

事務支援員  
大久保 雅代

シロイヌナズナの根端メリステム幹細胞ニッチの維持に関与するペプチドホルモン RGF の組織内分布、および RGF により発現が制御される転写因子 PLETHOLA の発現パターン(文献 1)

## 形態形成を制御するリガンド-受容体ペア

高等植物では、受容体様キナーゼ (receptor-like kinase, RLK) と呼ばれる 1 回膜貫通型のキナーゼタンパク質群が、分泌性シグナル分子群の有力な受容体候補と考えられている。しかし、シロイヌナズナにおいて 625 個見出されている RLK のうち、リガンドが確定しているものは全体の 3% に満たず、残りはすべてリガンド未知すなわちオーファン受容体である。一方、リガンドの最有力候補と考えられている分泌型ペプチドをコードする遺伝子群は、ORF サイズを 50 から 150 アミノ酸に限定しても 900 個以上が存在する。私たちは、これらの中から植物の形態形成に関わるリガンド-受容体ペアを見つけ出し、個々の生理機能を分子レベルで明らかにしたいと考えている。

## 新しいホルモンを探る

内生のホルモンは典型的なリガンド候補である。私たちは様々な手法を駆使して、新しいホルモンを探索している。特に近年注目しているのは、翻訳後修飾ペプチドである。翻訳後修飾には高いエネルギーコストがかかることから、進化的に保存されてきた翻訳後修飾ペプチドにはコストを上回る機能が付与されている可能性が高いという予想に基づき、バイオインフォマティクスと生化学的解析を統合した新規ペプチドホルモンの探索を行なっている。また、翻訳後修飾酵素の遺伝子破壊株の形態は、修飾を受けるすべてのペプチドホルモンの機能的欠損を反映することに注目し、翻訳後修飾酵素の同定も進めている。実際、私たちは翻訳後修飾酵素のひとつであるチロシン硫酸化酵素を同定し、その欠損株では根端メリステム幹細胞が失われることに着目して (図 1)、幹細胞ニッチの維持に関与する新しいペプチドホルモン RGF を発見した (図 2 および左ページ図参照)。

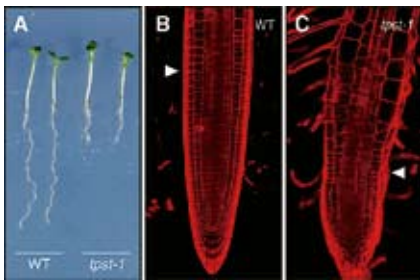


図 1. チロシン硫酸化酵素欠損株の表現型  
野生型 (WT) に比較して欠損株 (*tst-1*) では根が極端に短くなる (写真 A)。欠損株では細胞分裂の盛んなメリステム領域 (白色矢印より下の部分) が縮小している (写真 B, C)。この特徴的な根の形態は、チロシンが硫酸化されたペプチドが根の形成に必要であることを示している。

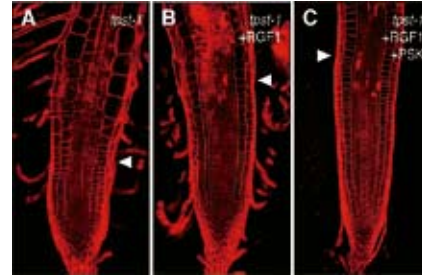


図 2. ペプチドホルモン RGF によるチロシン硫酸化酵素欠損株表現型の回復  
欠損株 (*tst-1*) ではメリステム領域が縮小しているが (写真 A)、RGF1 単独または RGF1 と PSK を同時に与えるとメリステム領域が正常レベルに回復する (写真 B, C)。RGF1 と PSK はいずれも硫酸化ペプチドである。

## 受容体を同定する

ペプチドホルモンなどのリガンド候補について、特異的受容体を同定することも重要な課題である。私たちは、受容体の同定を迅速化するため、RLK の細胞外領域をタグ融合タンパク質として個々に培養細胞で発現させた発現ライブラリを構築しており、リガンド候補との直接的な結合活性を指標とした受容体の同定を進めている。リガンド-受容体ペアが明らかになれば、両者によって支配される生命現象の理解が一気に進むとともに、受容体下流の情報伝達系の解析へと研究を展開することができる。

世界中の研究者たちの挑戦にもかかわらず数多くのオーファン受容体が残されている理由のひとつは、リガンドと受容体の双方に植物特有の遺伝子重複があり、遺伝子レベルでの機能解析が難しい点にある。私たちは生化学的結合を指標としたリガンド-受容体ペアの同定と、双方の時間的空間的発現パターン解析を、従来型の逆遺伝学的解析と融合させることで、新しい細胞間シグナリングの発見とその機能解明を目指している。

## 参考文献

1. Matsuzaki, Y., Ogawa-Ohnishi, M., Mori, A., and Matsubayashi, Y. (2010). Secreted peptide signals required for maintenance of root stem cell niche in *Arabidopsis*. *Science* 329, 1065-1067.
2. Komori, R., Amano, Y., Ogawa-Ohnishi, M., and Matsubayashi, Y. (2009). Identification of tyrosylprotein sulfotransferase in *Arabidopsis*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106, 15067-15072.
3. Ohyama, K., Shinohara, H., Ogawa-Ohnishi, M., and Matsubayashi, Y. (2009). A glycopeptide regulating stem cell fate in *Arabidopsis thaliana*. *Nature Chem. Biol.* 5, 578-580.
4. Ogawa, M., Shinohara, H., Sakagami, Y., and Matsubayashi, Y. (2008) *Arabidopsis* CLV3 peptide directly binds CLV1 ectodomain. *Science* 319, 294.
5. Matsubayashi, Y., Ogawa, M., Morita, A., and Sakagami, Y. (2002) An LRR receptor kinase involved in perception of a peptide plant hormone, phytosulfokine. *Science* 296, 1470-1472.

教授  
松林 嘉克

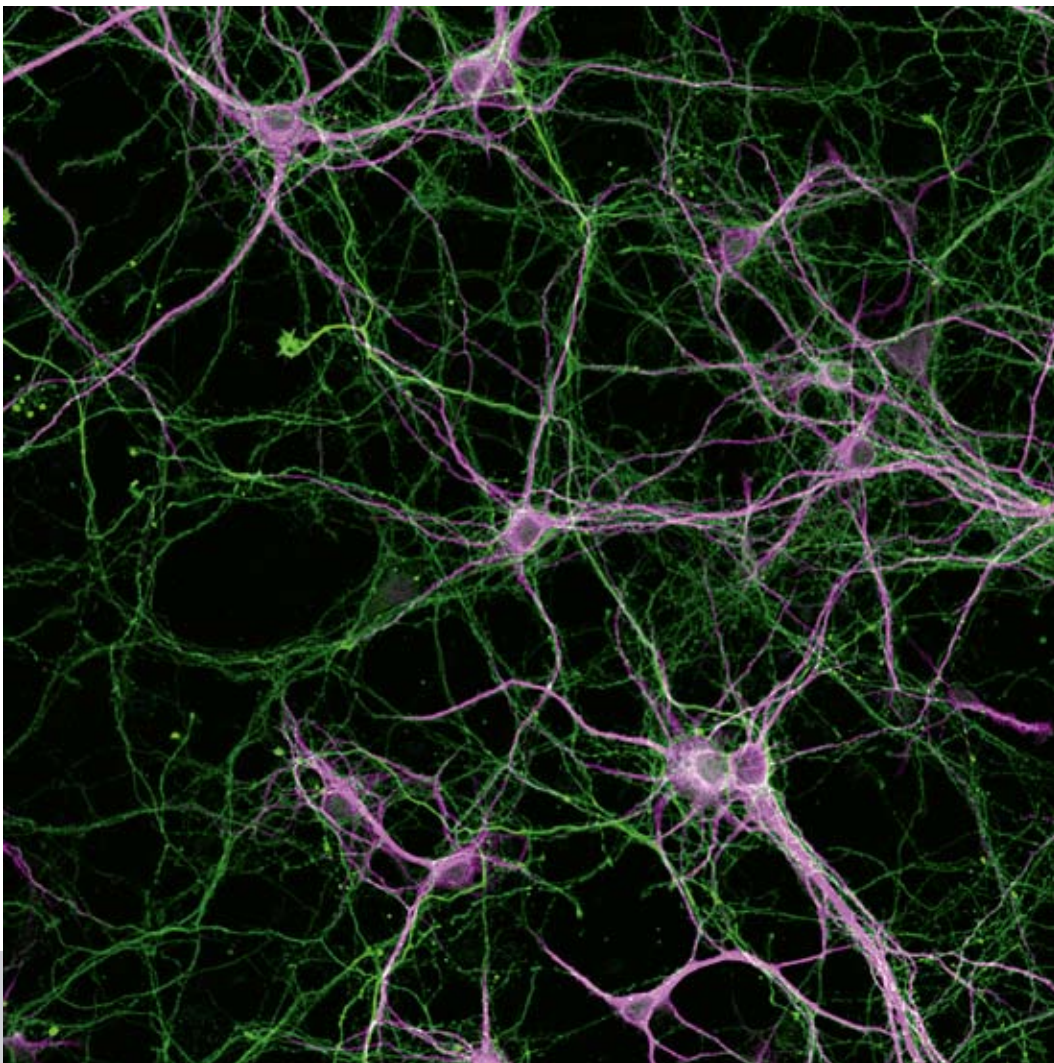
助教  
篠原 秀文



# 神経細胞のネットワーク形成における

## mRNA 輸送と局所的タンパク質合成機構

私たちがものを考えたり記憶したりする時、神経ネットワークを通じて神経興奮が伝えられている。神経ネットワークの形成には、それぞれの神経細胞から配線となる突起が伸び、突起どうしが然るべき相手とつながることが極めて重要である。この神経ネットワーク形成の様々な局面で、突起への mRNA 輸送とそれに伴う局所的なタンパク質合成が必要であることが明らかになりつつある。タンパク質合成はすべての種類の細胞の生命基盤であるが、それが突起内の局所で起きるという特殊性が、神経ネットワークを正しく構築する鍵を握っている。我々は、マウスをモデル生物とし、神経細胞における mRNA 輸送と局所的タンパク質合成メカニズムを分子・細胞・個体レベルで明らかにすることを目指して研究をおこなっている。



マウス大脳の神経培養細胞

神経細胞から出た 2 種類の突起、軸索（緑）と樹状突起（赤）が、互いにつながって神経ネットワークを形成している。

### Members

准教授  
椎名 伸之

助教  
中山 啓

技術支援員  
松田 知里

## 何がどんな mRNA を運ぶのか？

神経細胞からは2種類の突起、軸索と樹状突起が伸び出しているが、樹状突起には特定の mRNA が固まりになって輸送されている。この固まりには他にリボソームなどタンパク質合成に必要な因子も含まれており、この巨大複合体が mRNA 輸送・翻訳制御装置であることが明らかにされてきた。この複合体は” RNA granule” と呼ばれている。

我々は RNA granule に含まれる新規の RNA 結合タンパク質を発見し、RNG105 と名付けた (文献 3)。RNG105 遺伝子破壊マウスの神経細胞では特定の mRNA が樹状突起へ輸送されなくなることから、RNG105 が RNA granule による mRNA 輸送に関わることが明らかになった (図 1、文献 1)。

RNG105 によって輸送される mRNA には様々な種類があり、それらをリストアップすること、およびそれらが選択的に RNG105 に結合するメカニズムを明らかにすることが、今後の重要な課題の一つである。

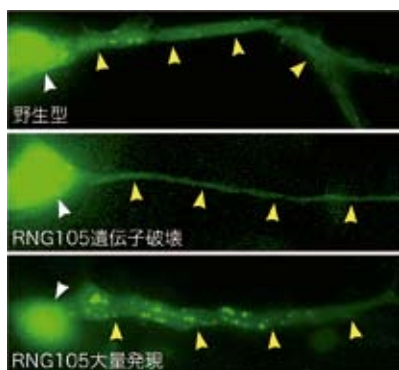


図 1. RNG105 による神経樹状突起への mRNA 輸送  
野生型の神経細胞 (上)、RNG105 遺伝子を破壊した神経細胞 (中)、および RNG105 を大量発現した神経細胞 (下) 内で特定の mRNA を緑色に光らせた (FXD1 mRNA に緑色蛍光タンパク質 (GFP) を結合している)。細胞体 (白矢頭) から樹状突起 (黄矢頭) への mRNA 輸送は、RNG105 遺伝子破壊神経では減少し、逆に RNG105 大量発現神経では増加している。

## mRNA 輸送と局所的タンパク質合成はなぜ必要か？

樹状突起へ輸送された mRNA は、他の神経細胞軸索からの興奮刺激を受けた部位で局所的にタンパク質に翻訳され、その部位の軸索-樹状突起の結合 (シナプス結合) の強化に関与すると考えられている。この強化は学習記憶の成立のために必要である。

RNG105 遺伝子破壊マウスでは、樹状突起でのシナプス結合が減少し、神経ネットワークが極めて貧弱になることを明らかにした (図 2、文献 1)。驚くことにその貧弱化は既に胎児期に起こっており、このマウスは学習記憶以前に呼吸すらできなかった。

現在、胎児期の脳の発達段階のどこに支障があるのか、また、成体マウスで RNG105 遺伝子破壊をおこなった際に

学習記憶などの高次脳機能にどのような影響を与えるかについて、解析を開始している。

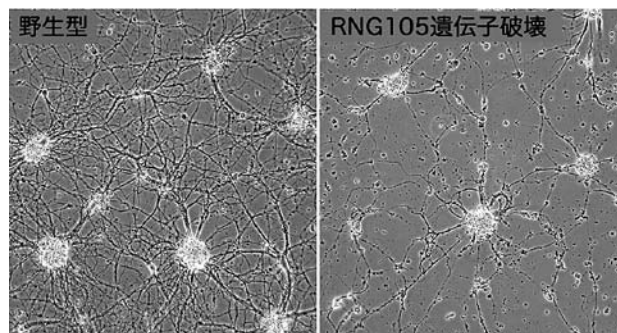


図 2. RNG105 遺伝子破壊による神経ネットワークの貧弱化  
野生型 (左) および RNG105 遺伝子破壊 (右) マウスの大脳神経細胞を培養したものを示す。白い固まりは細胞体が複数集まったもので、そこから突起が伸びてネットワークを形成している。

## mRNA 輸送様式は一つだけか？

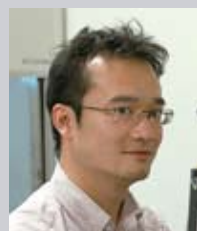
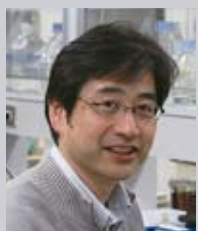
我々は RNG105 のホモログ RNG140 の解析も進めている。RNG140 も RNA 結合タンパク質であるが、RNG105 とは全く異なる RNA granule を形成して神経樹状突起に局在することを明らかにした (文献 2)。おそらく RNA granule は複数種類存在し、それぞれが異なる機能と制御メカニズムを持っていると予想される。今後、RNG140 が形成する RNA granule に含まれる mRNA を同定するとともに、RNG140 遺伝子破壊などによる機能解析をおこなうことによって、RNA granule の多様性の解明を目指す。

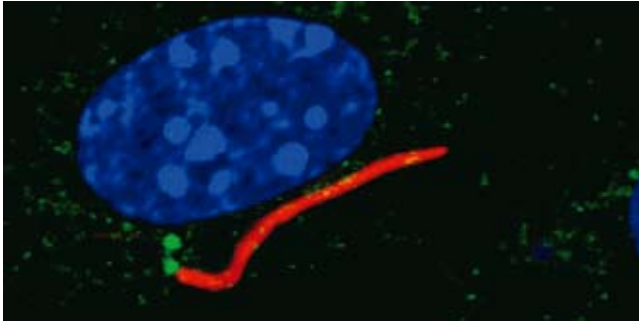
### 参考文献

1. Shiina, N., Yamaguchi, K., and Tokunaga, M. (2010). RNG105 deficiency impairs the dendritic localization of mRNAs for Na<sup>+</sup>/K<sup>+</sup> ATPase subunit isoforms and leads to the degeneration of neuronal networks. *J. Neurosci.* 30, 12816-12830.
2. Shiina, N., and Tokunaga, M. (2010). RNA granule protein 140 (RNG140), a paralog of RNG105 localized to distinct RNA granules in neuronal dendrites in the adult vertebrate brain. *J. Biol. Chem.* 285, 24260-24269.
3. Shiina, N., Shinkura, K., and Tokunaga, M. (2005). A novel RNA-binding protein in neuronal RNA granules: regulatory machinery for local translation. *J. Neurosci.* 25, 4420-4434.
4. Mimori-Kiyosue, Y., Shiina, N., and Tsukita, S. (2000). Adenomatous polyposis coli (APC) protein moves along microtubules and concentrates at their growing ends in epithelial cells. *J. Cell Biol.* 148, 505-518.
5. Kubo, A., Sasaki, H., Yuba-Kubo, A., Tsukita, S., and Shiina, N. (1999). Centriolar satellites: molecular characterization, ATP-dependent movement toward centrosomes and possible involvement in ciliogenesis. *J. Cell Biol.* 147, 969-980.

准教授  
椎名 伸之

助教  
中山 啓





いま繊毛が熱い。

微小管は $\alpha$ と $\beta$ チューブリンからなるヘテロダイマーの重合体である。微小管は臨界濃度を越えたチューブリン自身や微小管断片からつくることができる。細胞内ではセントロソームに含まれる $\gamma$ -TuRCでつくられるが、かならずしもセントロソームが見当たらない所から微小管が伸びている場合もあり、微小管の重合伸長は興味の尽きない研究分野である。

重合が進む方向を微小管の+端とすると、-端には $\gamma$ -TuRC以外の重合促進タンパク質があるかもしれない。

微小管の-端タンパク質である $\gamma$ -TuRCは市販の $\gamma$ チューブリン抗体で可視化すると培養細胞等の繊毛の基部を染める。いくつかの抗体を作製し、 $\gamma$ -TuRC抗体と同じように繊毛の基部に結合するものがあるかスクリーニングした。その結果一端に特異的に結合する抗体を得ることができた。更に研究を進めた結果、この抗体の抗原である-端タンパク質は非常に興味あるものであった。

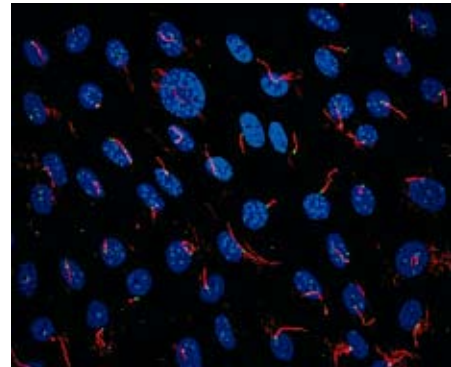


図 1. K5 細胞繊毛にある-端タンパク質

本研究室で確立した K5 細胞をアセチル化チューブリン抗体と本抗体、DAPI によって 3 重染色したものである。赤く染まった繊毛基部に緑色の部分があるが、本抗体が結合した所である。

准教授  
小川 和男





胎児の発生に不可欠な器官が胎盤である。胎盤では母親の血液は胎児由来の細胞、栄養芽細胞と接しながら流れる。母親の血液は狭い栄養芽細胞の間隙を広げ、大きな血液の流れが作られる。この過程には母と子の細胞間相互作用とその結果としての栄養芽細胞の変化が不可欠である。これらのイベントを細胞レベルで解析し、さらに関与する分子の同定を目標としている。

哺乳類以外の動物は孵化すると直ちに自然にある餌を食べることが出来る。哺乳類は卵に貯えられた栄養分が少ないために発生の初期で孵化し、成長に必要な栄養分を母親の子宮に着床して得る。母親から栄養や酸素を受け取り、老廃物や二酸化炭素を渡す器官が胎盤である。哺乳類が生後しばらくの間、栄養を母乳から取らなくてはならないのは孵化後母親に寄生したための必然の結果と考えられる。胎盤を持つ哺乳類でもその形は千差万別である。母体の血管と胎児の血管との間は何層かの細胞で隔てられている。その層の数と細胞の種類で胎盤は分類される。ヒトとマウスの胎盤は大変良く似た構造をしていて、円盤状の胎盤を作り、母親の血液が直接、胎盤の細胞に接する。体の血液は血管内皮細胞で作られる管を流れるが、ヒトとマウスの胎盤では胎児由来の胎盤の細胞で作られる空間を流れる。

ここでの研究は細胞の運命を決定すると考えられている遺伝子 Notch の胚発生における機能を調べることから始まっている。この遺伝子はショウジョウバエで最初に発見、同定された。隣接する未分化な細胞で、一方が神経細胞になると他方が表皮細胞になる。どちらが神経細胞になるのかを決定する遺伝子としての機能を持っていることが知られている。哺乳類には 4 個の Notch 遺伝子があり、哺乳類でのこの遺伝子の機能を探るために Notch2 遺伝子変異マウスを作製した。Notch2 遺伝子の欠損マウスは受精後 11 日までに死亡する。死亡原因は胎盤の機能不全である。Notch2 遺伝子変異マウスの胎盤では母親の血液が少ない。胎児の成長に必要な栄養や酸素が十分に供給されるためには胎盤の中を母親の血液が多量に流れる必要がある。胎盤の細胞と細胞の狭い隙間を広げないと、この目的は達成できない。Notch2 遺伝子は細胞間の隙間を広げるのに必要である。

この研究室ではこれまで他大学との連携を取りつつ以下の点を解明してきた。

- (1) 胎盤内で母親の血液が流れるための空間は栄養芽細胞の非アポトーシス型細胞死によって出来上がる。
- (2) 母親の血液は特殊な多核の栄養芽細胞によって胎児の血液と混ざらないようになっている。

今後は以下の点について研究をする。

- (1) 2 種類の非アポトーシス型細胞死の発生メカニズム。
- (2) 母親と胎児の物質交換は多核栄養芽細胞を介して行われている。この細胞の形成過程の解析、及び生理機能。
- (3) 胎盤の中に胎児性血管が形成される。胎盤中での動脈、静脈及び毛細血管の形成メカニズム。
- (4) 受精卵は種を越えて子宮に着床することが出来る。しかしながら、機能する胎盤の形成は不可能である。種の分化は胎盤での血管形成に大きな影響を与えている。その機構を解析する。

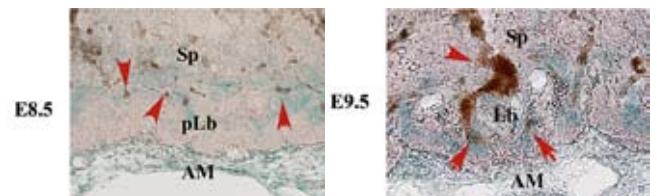


図 1. 胎盤での母親の血流の出来る様子  
狭い細胞間隙を広げて母親の血流（赤の鎌）が胎盤の奥まで作られる。Notch2 は血流の先端部にある栄養芽細胞で強く発現している（青い部分）。

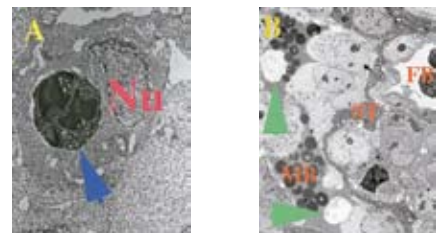


図 2. マウスの胎盤で見られる細胞死の電子顕微鏡像  
(A) 栄養芽細胞が他の栄養芽細胞（青の鎌）を取り込んで消化している。この細胞死は母親の血流形成とは無関係であることは判明している。  
(B) 母親の血液に接している栄養芽細胞が膨潤して、細胞死を起こしている（緑の鎌）。母親の血液（MB）は多核の栄養芽細胞（ST）によって子供の血液（FB）とは混ざらないようになっている。

#### 参考文献

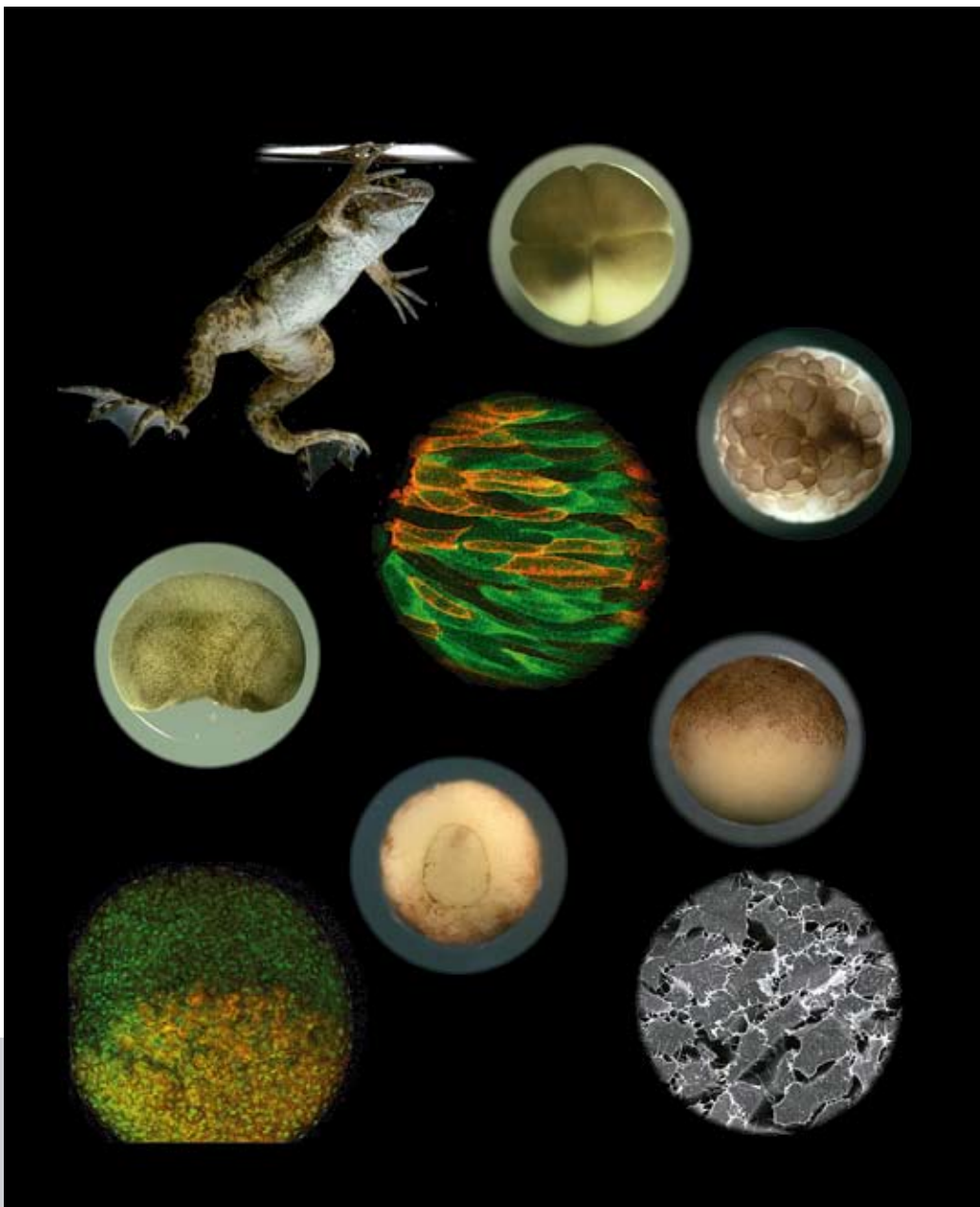
1. Hamada, Y., Hiroe, T., Suzuki, Y., Oda, M., Tsujimoto, Y., Coleman, J.R., and Tanaka, S. (2007). Notch2 is required for formation of the placental circulatory system, but not for cell type specification in the developing mouse placenta. *Differentiation* 55, 268-278.

助教  
濱田 義雄



# 形態形成メカニズムを理解する

動物はひとつの受精卵から細胞分裂を繰り返して細胞の数を増やし、それぞれの細胞の性質を変えながら、生物として固有の形づくり（形態形成）を行う。その過程には細胞同士のコミュニケーション、すなわち細胞間相互作用が重要であることが知られている。細胞間相互作用は細胞分化、細胞運動をダイナミックに制御する。また、細胞が形を変え、運動する方向を決めるには細胞極性が重要で、その極性形成にも多くの分子が働いている。さらに、胚は内部に発生する様々な力の影響を受けている。私たちはこの過程をプログラムとして理解し、動物種間で比較することによって、形態形成メカニズムの本質に迫りたいと考えている。



## Members

教授

上野 直人

准教授

木下 典行

助教

高橋 弘樹

鈴木 誠

技術課技術職員

高木 知世

博士研究員

橋本 昌和

森田 仁

総合研究大学院大学

大学院生

原 佑介

宮城 明日香

林 健太郎

技術支援員

山本 隆正

村上 美智代

鈴木 敦子

事務支援員

三宅 智子

柘植 豊子

アフリカツメガエルの形態形成と、その基盤となる細胞運動やシグナル伝達

## 生きもののかたちづくりに共通する分子基盤

地球上の生き物の姿形は実に多様です。卵からこれら動物の複雑な「かたち」はどのようにできるのか、その仕組みを分子や細胞レベルで解き明かすのが私たちの目標です。研究の進歩によって、一見多様に見える生物もそれらをかたちづくる基本の仕組み自体には大きな違いはなく、良く似た遺伝子を少しだけ使い分けたり、使う時期や場所を変えることによって、多様なかたちを作りだしていることが分かってきました。脊椎動物とはかけ離れたかたちをもつ動物たちも形づくりの制御機構の共通性と多様性を使い分けてそれぞれ固有の形に進化してきたのです。私たちは様々な動物を研究に用いて、形づくりを支えるしくみを遺伝子や細胞レベルで探ろうとしています。

## 脊索や神経管形成のメカニズムを探る

脊索という組織は昆虫には見られず、ヒトを含めた脊索動物にだけ見られる特徴的な構造です(図1)。脊索は発生の過程では体の中心構造としてつくられますが、将来脊椎骨に置き換わります。私たちは脊索ができる過程で進化上どのような変化が起こったのかを研究するために、脊索を持たない半索動物のギボシムシ、脊索を持つ最も原始的なナメクジウオ、尾索動物のホヤ、脊椎動物のメダカなど進化的位置の異なるさまざまな生物における遺伝子調節ネットワークの比較を行っています。一方、神経管(図1)は脊椎動物の発生初期に見られる脳神経系の形成に必須の器官ですが、魚類、両生類、羊膜類でそのできかたが少しずつ異なります。しかし、その形成過程では神経管を構成する細胞が大きく形を変えたり、移動したりするという共通の特徴を持っています。私たちは、この神経管形成における細胞のダイナミクスを支えるしくみを理解しようとしています。

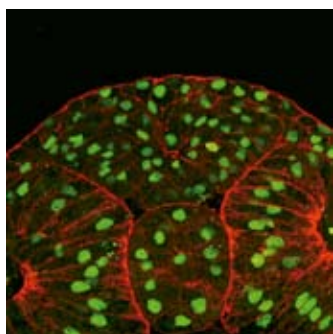


図1. アフリカツメガエルの神経管と脊索  
神経管は胚の背側(写真上部)に折りたたまれるように形成される。神経管下部に位置する円柱状の構造が脊索。

異なるさまざまな生物における遺伝子調節ネットワークの比較を行っています。一方、神経管(図1)は脊椎動物の発生初期に見られる脳神経系の形成に必須の器官ですが、魚類、両生類、羊膜類でそのできかたが少しずつ異なります。しかし、その形成過程では神経管を構成する細胞が大きく形を変えたり、移動したりするという共通の特徴を持っています。私たちは、この神経管形成における細胞のダイナミクスを支えるしくみを理解しようとしています。

## 細胞極性の確立と細胞骨格

形ができる仕組みを理解するためには、個体を構成する個々の細胞の振る舞いを理解することも重要です。個体が正しく

形づくられるためには細胞の形や相対位置、運動の向きを決めるための基準、すなわち「細胞極性」が必要なのです。とくに神経細胞が正常なネットワークを形成するためには細胞極性が必須であることが分かってきました。私たちは、この細胞極性がどのように形成されるのか、細胞がそれを読みとって形、運動の変化、機能へと結びつけるしくみを、分子をリアルタイムで可視化する「ライブイメージング」を取り入れて研究しています(図2)。

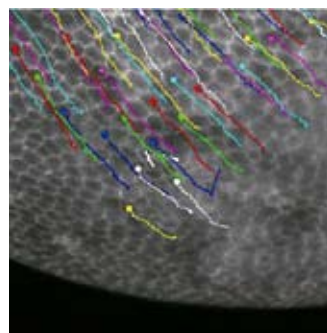


図2. 胚細胞移動の追跡  
光シート型顕微鏡 DSLM を用いたリアルタイム画像の取得と細胞の移動方向や速さの解析。

## 胚に発生する力の役割

この30年間の生物学研究の中心は、さまざまな生物現象が遺伝子でどのように調節されているかを明らかにすることでした。しかし最近になって、生物現象の理解には物理的な力の存在が無視できないことがわかってきました。私たちは、胚や組織に力を加えたり、それらの内部に発生する力を定量したりという研究から、胚発生における力の重要性や細胞が力を感じる仕組みについて理解したいと思っています。

### 参考文献

- Shindo, A., Hara, Y., Yamamoto, T.S., Ohkura, M., Nakai, J., and Ueno, N. (2010). Tissue-tissue interaction-triggered calcium elevation is required for cell polarization during *Xenopus* gastrulation. *PLoS ONE* 5, e8897.
- Suzuki, M., Hara, Y., Takagi, C., Yamamoto, T.S., and Ueno, N. (2010). MID1 and MID2 are required for *Xenopus* neural tube closure through the regulation of microtubule organization. *Development* 137, 2329-2339.
- Takahashi, H., Hotta, K., Takagi, C., Ueno, N., Satoh, N., and Shoguchi, E. (2010). Regulation of Notochord-Specific Expression of *Ci-Bra* Downstream Genes in *Ciona intestinalis* Embryos. *Zoolog. Sci.* 27, 110-118.
- Morita, H., Nandadasa, S., Yamamoto, T.S., Terasaka-Iioka, C., Wylie, C., and Ueno, N. (2010). Nectin-2 and N-cadherin interact through extracellular domains and induce apical accumulation of F-actin in apical constriction of *Xenopus* neural tube morphogenesis. *Development* 137, 1315-1325.
- Yamada, S., Ueno, N., Satoh, N., and Takahashi, H. (2011). *Ciona intestinalis* Noto4 contains a phosphotyrosine interaction domain and is involved in the midline intercalation of notochord cells. *Int. J. Dev. Biol.* 55, 11-18.

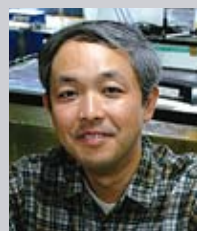
教授  
上野 直人



准教授  
木下 典行



助教  
高橋 弘樹



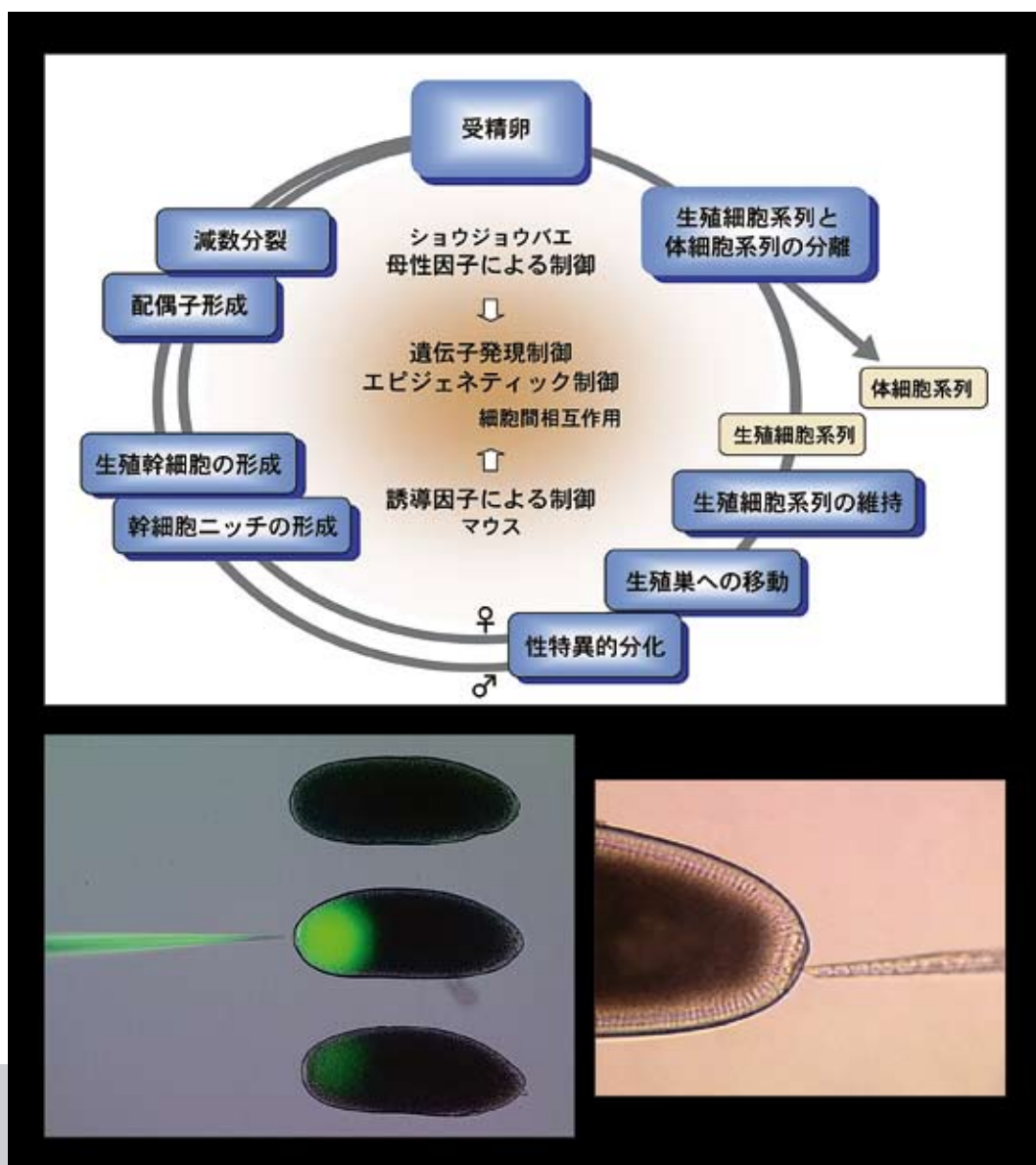
助教  
鈴木 誠



# 生殖細胞形成メカニズムの解明に挑む

「生命の連続性を担う生殖細胞」

どのような生き物でも次代の生命を生み出すためには卵や精子などの生殖細胞（生殖細胞系列）が必要である。一方、体細胞は、筋肉や神経などの体のパーツを作り上げ個体の生命を支えているが、やがて個体の死とともにその役割を終えてしまう。このように運命が大きく異なる生殖細胞と体細胞は、発生をさかのぼれば、1つの受精卵の分裂により生み出された姉妹同士である。では、どのように生殖細胞への運命が決定されるのか？この仕組みは進化の過程でどのように変化してきたのか？生命の連続性を担う生殖細胞がつくられるメカニズムを解明するのが私たちの研究課題である。



生殖細胞の形成に関する研究のポイント

微量注射や細胞移植などの実験手法や突然変異を用いた発生遺伝学的手法によりこのテーマに挑む

## Members

教授

小林 悟

助教

林 良樹

佐藤 昌直

技術課技術職員

野田 千代

特任助教

(統合バイオ)

影山 裕二

NIBB リサーチフェロー

橋山 一哉

博士研究員

藤澤 千笑

稲垣 幸

共同利用研究員

後藤 彩子

特別協力研究員

藤澤 敏孝

総合研究大学院大学

大学院生

久保 悟

篠塚 裕子

杉山 ありさ

特別共同利用研究員

大原 裕也

(静岡県立大学)

技術支援員

佐藤 香織

石原 日登美

新實 香緒里

事務支援員

本多 聡子

## 極細胞質に生殖細胞形成メカニズムを解く鍵が！

ショウジョウバエ卵の後端には極細胞質と呼ばれる特別な細胞質があり、この細胞質を取り込む極細胞のみが生殖細胞に分化する(図1)。極細胞質の中には、生殖細胞(生殖細胞系列)の形成の引き金を引く分子がそろっていることが、極細胞質の移植実験により明かにされている。そこで、このような分子の実体を明かにすることにより、生殖細胞形成メカニズムの全貌を解明することができると考えている。

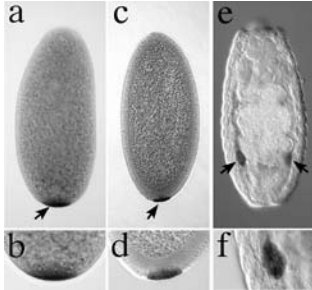


図1. ショウジョウバエ胚における生殖細胞形成過程

卵割期胚の後極の極細胞質(a中の矢印)は、胚前期に極細胞中に取り込まれる(c中の矢印)。極細胞は、やがて生殖巣中に移動し(e中の矢印)、成虫の生殖巣中で配偶子形成過程を経た後、卵や精子に分化する。

## 生殖細胞形成の最初のステップ

生殖細胞形成の最初のステップは、極細胞の形成である。この細胞の形成に、ミトコンドリアが産生するRNA(ミトコンドリア・リボソームRNA)が関わっていることを明かにした。このRNAは、極細胞質中でのみミトコンドリアから外に搬出され、極細胞の形成に関わる(文献1)。なぜ、ミトコンドリアが生殖細胞の形成に関わるのか?今後明かにしなければならない問題である。

## 極細胞が体細胞に分化してしまうのを阻止する

形成された極細胞が生殖細胞に分化するために必要な分子の1つとしてNanosと呼ばれるタンパク質を同定した(文献2)。Nanosは、極細胞質に分布し、極細胞に取り込まれる。極細胞中で、Nanosは、いくつもの重要な機能を果たしている。その一つが、極細胞が体細胞に分化してしまうのを阻止する機能である。Nanosの機能を欠いた極細胞は、体細胞に分化してしまう。さらに、Nanosは極細胞の細胞死(アポトーシス)を抑制することにより、極細胞の維持にも関わっている。この機能は、マウスにおいても保存されており、Nanosは動物種間に共通する生殖細胞形成メカニズムに関わっているようである(文献3)。現在、Nanosにより制御されている遺伝子群を同定し、Nanosの分子機能に迫ろうとしている。

## 生殖幹細胞ニッチの形成を制御する機構

生殖幹細胞は、連続的に精子や卵を生み出すために必要な細胞である。この生殖幹細胞を維持するためには生殖幹細胞

ニッチと接することが必要である。私たちは、このニッチが形成されるメカニズムを明かにした(図2)(文献6)。

## 未解決の重要な問題

極細胞は、雄では精子に雌では卵に分化する。このような性差をつくる機構はどのようなものなのだろうか?これまで、極細胞の性差は、周囲の体細胞からのシグナルにより決定されると考えられてきたが、極細胞自身でも決定していることを示す証拠が得られた(文献7)。この他にも、小さなペプチドが転写因子の機能を制御する機構や(文献5)、ヒドラにおける生殖幹細胞制御機構などユニークな研究も行なっている。私たちは、極細胞の発生過程で発現する遺伝子のデータベースを完成させており、この情報を最大限に活用し、生殖細胞形成機構の解明に挑んでいる。

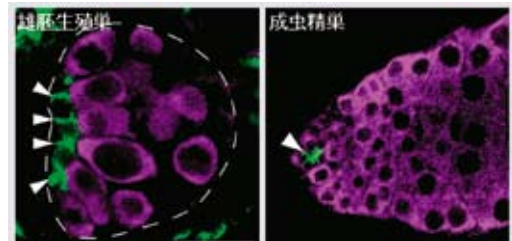


図2. 雄の生殖巣における生殖幹細胞ニッチ

胚の生殖巣(左)および雄成虫の精巣(右)における生殖幹細胞ニッチを緑で(矢印)、極細胞(生殖細胞)をマゼンダで示す。

## 参考文献

1. Kobayashi, S., Amikura, R., and Okada, M. (1993). Presence of mitochondrial large ribosomal RNA outside mitochondria in germ plasm of *Drosophila melanogaster*. *Science* 260, 1521-1524.
2. Kobayashi, S., Yamada, M., Asaoka, M., and Kitamura, T. (1996). Essential role of the posterior morphogen nanos for germline development in *Drosophila*. *Nature* 380, 708-711.
3. Tsuda, M., Sasaoka, Y., Kiso, M., Abe, K., Haraguchi, S., Kobayashi, S., and Saga, Y. (2003). Conserved role of nanos proteins in germ cell development. *Science* 301, 1239-1241.
4. Kitadate, Y., Shigenobu, S., Arita, K., and Kobayashi, S. (2007). Boss/Sev signaling from germline to soma restricts germline-stem-cell-niche formation in the anterior region of *Drosophila* male gonad. *Dev. Cell* 13, 151-159.
5. Kondo, T., Plaza, S., Zanet, J., Benrabah, E., Valenti, P., Hashimoto, Y., Kobayashi, S., Payre, F., and Kageyama, Y. (2010). Small peptides switch the transcriptional activity of *shavenbaby* during *Drosophila* embryogenesis. *Science* 329, 336-339.
6. Kitadate, Y., and Kobayashi, S. (2010). Notch and Egfr signaling act antagonistically to regulate germline stem cell niche formation in *Drosophila* male embryonic gonads. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 107, 14241-14246.
7. Hashiyama, K., Hayashi, Y., and Kobayashi, S. (2011). *Drosophila* Sex lethal gene initiates female development in germline progenitors. *Science* 333, 885-888.

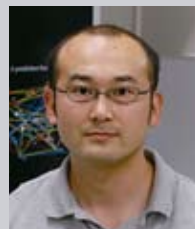
教授  
小林 悟



助教  
林 良樹

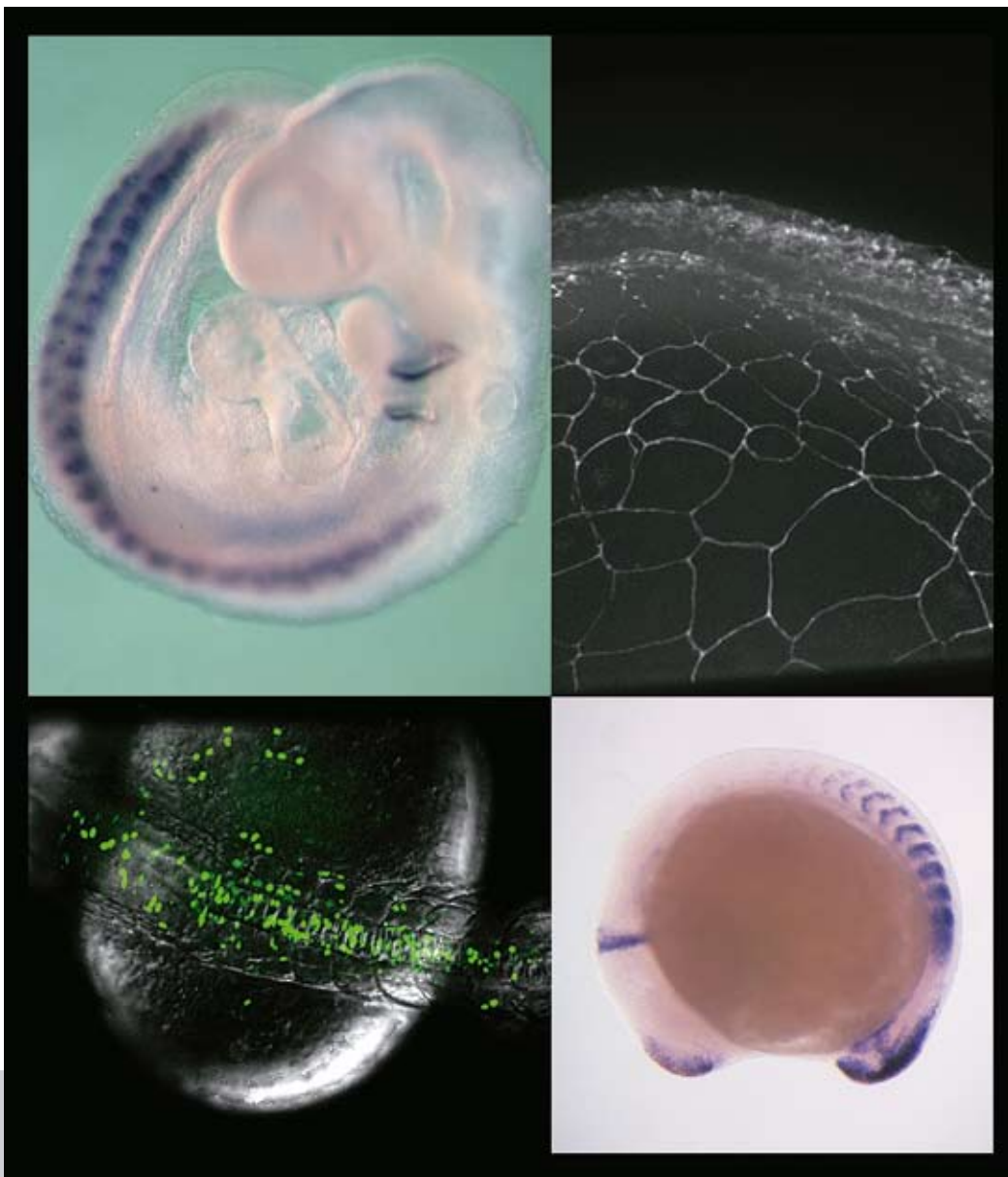


助教  
佐藤 昌直



# 分節とシグナルから発生のしくみを覗く

多細胞生物の発生が魅力的である理由の一つは、たった1個の受精卵が刻々と変化することによって高度に複雑化した組織や個体が形成されるダイナミズムにある。そこでは時間的にも空間的にもよく制御されかつ柔軟性をも兼ね備えた一連の現象が秩序立って刻々と進行する。このような見事な制御はどのようにしてなされるのであろうか。私たちは厳密な時間的コントロールのもとで体節という空間的な繰り返し構造が作られていくしくみをゼブラフィッシュを用いて解析すると同時に、さまざまな発生現象を空間的にコントロールする分泌性シグナルの濃度勾配形成機構に焦点を当て、そのしくみの一端を垣間見ようとしている。



## Members

教授  
高田 慎治

助教  
矢部 泰二郎

技術課技術職員  
内海 秀子

NIBB リサーチフェロー  
陳 秋紅

博士研究員  
高田 律子  
亀谷 祥子

総合研究大学院大学  
大学院生  
津國 浩之  
WANGLAR, Chimwar  
篠塚 琢磨  
鎌形 貴範

技術支援員  
高代 加代子  
富田 早苗  
大原かおり

事務支援員  
鵜飼 咲枝

## 脊椎動物に見られる反復構造の形成機構

動物のからだには、さまざまな繰り返し構造が認められる。例えば、脊椎は一つ一つの椎骨が連なりあってできている。このような反復性は、もとをたどれば発生初期に一過的に形成される体節の反復性に由来する(図1)。

脊椎動物の各体節は、発生の進行に従い頭部側から尾部側に向けて順次作られるが、その際、体節は胚の後端に存在する未分節中胚葉から一定の時間間隔のもと、逐次くびれ切れることにより形成される。すなわち、未分節中胚葉において一定の時間間隔のもと繰り返し起きる変化が、体節という形態の反復性を生み出しているわけである。このような「時間的周期性から形態的反復性への変換」は脊椎動物の体節形成を特徴づける大きなポイントとなっており、その変換を生み出す分子メカニズムは興味を持たれる。

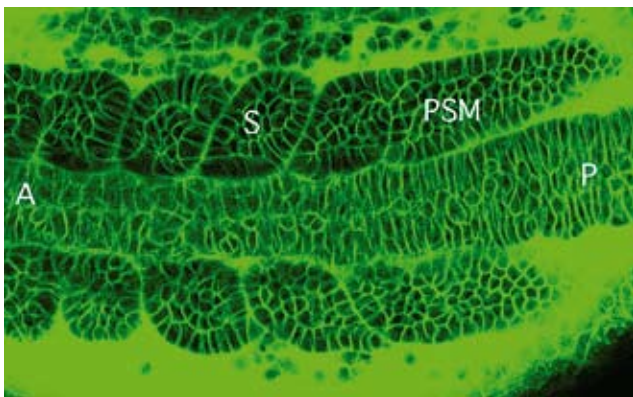


図1. ゼブラフィッシュの体節  
体節(S)は尾部側(図の右側)にある未分節中胚葉(PSM)が随時くびれ切れることにより形成される。A,Pは各々頭部側、尾部側を表す。

私たちは、体節形成の分子メカニズムの解明を目指し、ゼブラフィッシュという小型の熱帯魚とマウスをモデル系にして研究を進めている。すでに私たちの手によって体節形成に必要なさまざまな遺伝子が同定され、一定の時間間隔で反復的な体節の構造ができあがるしくみが次第に明らかになりつつある。

一方、体節と同様に発生の時間経過とともに反復的な構造が徐々に作られる組織に咽頭弓がある。私たちは咽頭弓の発生機構にも興味をもち、咽頭弓の発生やその反復的な構造形成に関わる分子機構についても研究を進めている。このように、体節と咽頭弓の発生機構を比較解析することにより、動物における反復構造の形成機構についての理解を深めていきたいと考えている。

## Wnt タンパク質の分泌・濃度勾配形成機構

動物の発生過程の様々な局面において、分泌性のシグナルタンパク質は重要な役割を演じている。このようなタンパク質は産生細胞自身および周囲の細胞に対して働きかける

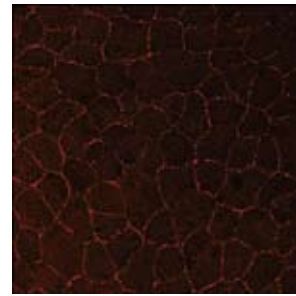


図2. Wnt タンパク質の細胞外への分泌  
アフリカツメガエル胚で発現させた Wnt-3a タンパク質(赤いシグナル)の免疫染色像を示す。分泌された Wnt タンパク質は細胞外タンパク質と相互作用をすることにより濃度勾配を形成しながら拡散していくものと考えられている。

が、その分泌距離や濃度に応じて作用を受ける細胞の数や反応の種類が変わってくる。したがって、シグナルタンパク質が細胞外へどのように分泌され、どのようにその拡散が制御されるのかという問題は、動物の形態形成機構を理解する上で不可欠なものである。我々はその解明に向け、分泌性のシグナルタンパク質の

一つである Wnt に着目し、その分泌と細胞外での輸送の分子機構を研究している。これまでの研究から Wnt の分泌には、脂肪酸修飾に関わる特殊なプロセスが必要であることが明らかになってきた。そこで、このような特殊な分泌プロセスにおいて、Wnt タンパク質の細胞外での挙動に影響を与えるような重要な特性が付与されるのではないかと考え、研究を行っている。

### 参考文献

1. Koshida, S., Kishimoto, Y., Utsumi, H., Shimizu, T., Furutani-Seiki, M., Kondoh, H., and Takada, S. (2005). Integrin5-dependent fibronectin accumulation for maintenance of somite boundaries in zebrafish embryos. *Dev. Cell* 8, 587-598.
2. Kawamura, A., Koshida, S., Hijikata, H., Ohbayashi, A., Kondoh, H., and Takada, S. (2005). Groucho-associated transcriptional repressor Ripply1 is required for proper transition from the presomitic mesoderm to somites. *Dev. Cell* 9, 735-744
3. Takada, R., Satomi, Y., Kurata, T., Ueno, N., Norioka, S., Kondoh, H., Takao, T., and Takada, S. (2006). Monounsaturated fatty acid modification of Wnt proteins: Its role in Wnt secretion. *Dev. Cell* 11, 791-801.
4. Takahashi, J., Ohbayashi, A., Oginuma, M., Saito, D., Mochizuki, A., Saga, Y., and Takada, S. (2010). Analysis of Ripply1/2-deficient mouse embryos reveals a mechanism underlying the rostro-caudal patterning within a somite. *Dev. Biol.* 342, 134-145.
5. Okubo, T., Kawamura, A., Takahashi, J., Yagi, H., Morishima, M., Matsuoka, R., and Takada, S. (2011). Ripply3, a Tbx1 repressor, is required for development of the pharyngeal apparatus and its derivatives in mice. *Development* 138, 339-348.

教授  
高田 慎治

助教  
矢部 泰二郎



# 細胞の挙動を調べてほ乳類胚を考える

ほ乳類の受精卵は対称な形をしているが、細胞分裂を繰り返し発生が進むと明確な軸をもった形ができあがり、様々な分化した細胞が秩序だって配置される。受精から体の大まかなプランが明らかになるまでの間、胚のなかにおける細胞や遺伝子の挙動を観察し、どうやって将来の体作りのプランに関する情報がつくられるかを明らかにしたいと考えている。顕微鏡の上で胚発生を進め、それを連続的に観察する系を開発し、発生中の胚のライブイメージングを中心的なアプローチとして研究を進めている。個々の細胞の振る舞いや細胞の中の変化をじっくり観察しながら、細胞間のコミュニケーションを通して作られる細胞の集団としての胚の形作りを理解したい。



?



## Members

教授  
藤森 俊彦

助教  
豊岡 やよい  
小山 宏史

技術課技術職員  
岡 早苗

NIBB リサーチフェロー  
佐藤 泰史

博士研究員  
小早川 智

特別共同利用研究員  
石 東博  
(京都大学)

技術支援員  
平尾 真由美

事務支援員  
加藤 あづさ

マウス受精卵と、12日目胚  
対称な形の受精卵から、前後、背腹、左右といった軸をもつ体が作られる。  
この形はどのようにしてきめられるのだろうか。



## ほ乳類胚の発生

ほ乳類の発生初期は、母親の卵管、子宮の中で進み、発生途上の胚の解析は他の動物に比べて難しい。モザイク的発生をみせる他の動物の胚では個体間で細胞の分裂や配置、分化の制御などといった発生の様式が良く保存されており、これまでの発生研究の中心的役割を果たしてきた。一方で、ほ乳類の初期発生では分裂パターンや細胞の配置は、個体間で異なりバラエティーに富んでいる。このように一見個々の細胞が自由に振る舞っているように見えるほ乳類の胚でも、胚の形は個体間によらず、ほぼ同じ形が作られる。我々は、将来の体軸に関する情報がどう生み出されるか、その情報と並んで個々の細胞の性質が決められ、胚の中に配置されるかを明らかにしたい。マウスを主な研究対象とし、胚の中における個々の細胞や遺伝子の挙動の解析を通して、発生学でまだ十分に理解されていない本質的な問題を明らかにできると考えている。

## 連続観察によるアプローチ

受精卵から着床前までの胚の全ての細胞の系譜を追跡したのが図1である。染色体をEGFPで標識して、連続観察した一部を示している。このタイムラプス画像を用いて解析す

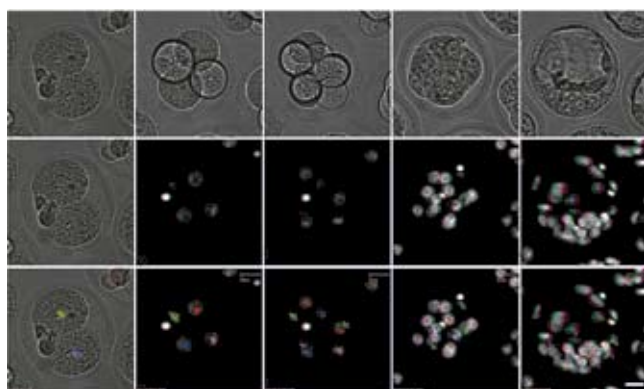


図1. 全ての細胞の核をヒストンH2B 融合EGFPで標識したマウス胚を顕微鏡下で培養、連続観察した例  
核には番号を付け、追跡を行った。

ると、時間軸を自由に往來しながら解析することができ、将来の分化運命を知った上で特定の細胞がどこに由来したかを明らかにすることが可能である。細胞系譜の解析の他に、個々の細胞の分化状態を蛍光タンパク質によって可視化したマウスの作製、その胚の連続観察を現在進めている。更に、胚を作っているそれぞれの細胞が、どのような形をしていて細胞内小器官がどんな違いを持っているかなども連続的に観察で

きる系を構築中である。これらの時間的・空間的に連続した胚発生の観察によって、新しい知見が得られると期待している。

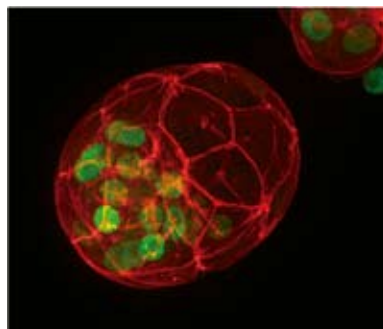


図2. 胚盤胞における細胞分化の例。  
緑色で染まっているNanogタンパク質は将来体になる内部細胞塊に局在する。赤はファロイジン染色による細胞の形態の可視化。

## 今後の研究展開

我々の研究室では、ほ乳類初期胚にける軸形成、細胞分化、形態形成の基盤となる機構を明らかにすることを大目標に据え、マウスの遺伝子操作、発生工学的技術、分子生物学的手法、更に顕微鏡技術などを応用し、発生生物学の基礎的な問題を解決したいと考えている。ほ乳類の初期発生では、細胞の性質や、胚の軸や形といった情報が卵の中に偏って存在しているのではないらしい。細胞の分裂、配置といった発生のプログラムを進めながら細胞の性質に差が現れたり、大まかな細胞の配置を決めながら胚全体の形を整えているようである。このように、ゆるやかに情報の具現化を進めるほ乳類初期胚を考えることで、生き物の持つ能力の理解に近づきたい。今後は取得した画像データを定量的に処理し、現象の数理的記載、モデル化を視野に入れて研究を進めていく。

## 参考文献

1. Fujimori, T. (2010). Preimplantation development of mouse: A view from cellular behavior. *Dev. Growth and Differ.* 52, 253-262(2010).
2. Fujimori, T., Kurotaki, Y., Komatsu, K., and Nabeshima, Y. (2009). Morphological organization of the mouse preimplantation embryo. *Reprod. Sci.* 16, 171-177.
3. Toyooka, Y., Shimosato, D., Murakami, K., Takahashi, K., and Niwa, H. (2008). Identification and characterization of subpopulations in undifferentiated ES cell culture. *Development* 135, 909-18.
4. Kurotaki, Y., Hatta, K., Nakao, K., Nabeshima, Y., and Fujimori, T. (2007). Blastocyst axis is specified independently of early cell lineage but aligns with the ZP shape. *Science* 316, 719-723.
5. Fujimori, T., Kurotaki, Y., Miyazaki, J., and Nabeshima, Y. (2003). Analysis of cell lineage in two- and four-cell mouse embryos. *Development* 130, 5113-5122.

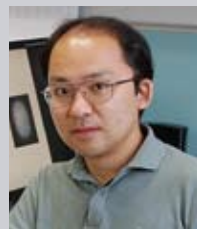
教授  
藤森 俊彦



助教  
豊岡 やよい

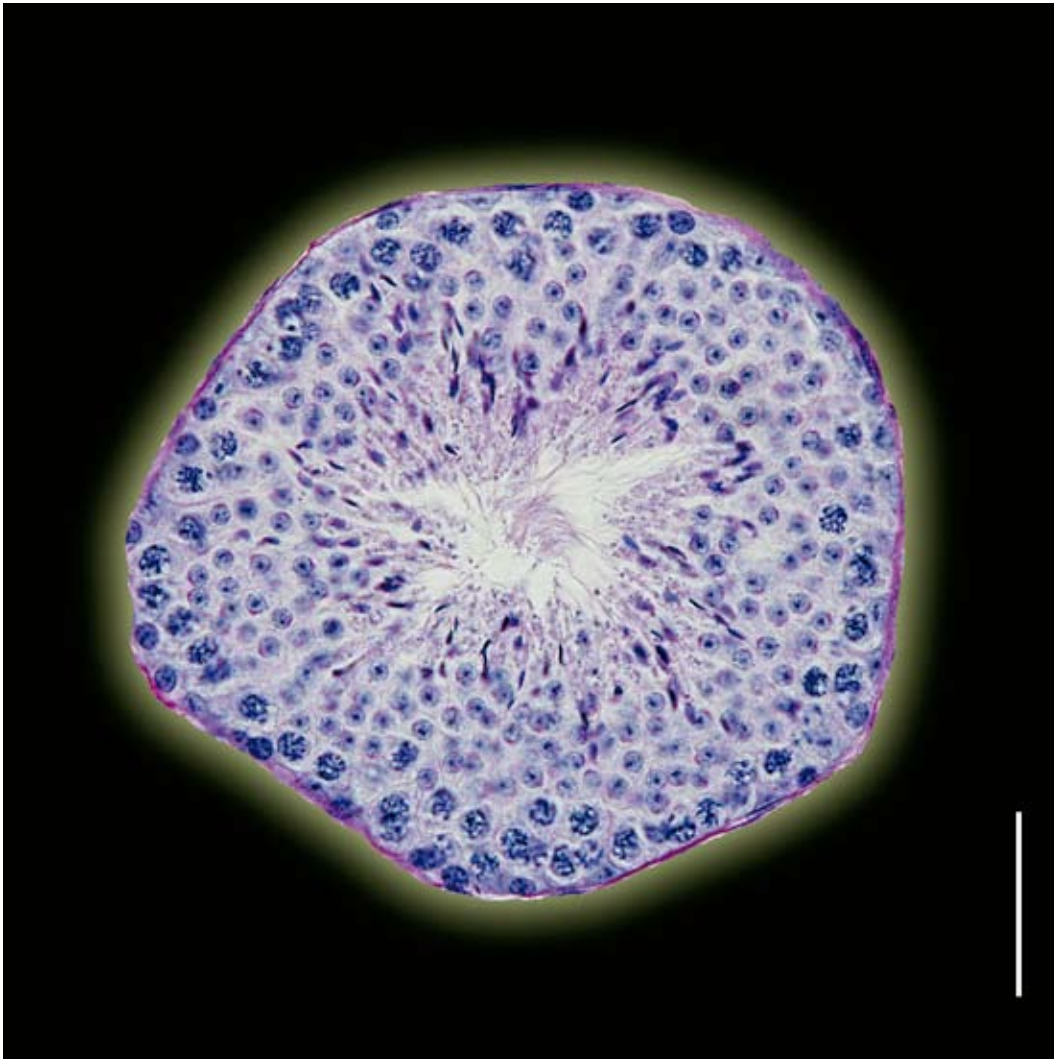


助教  
小山 宏史



# 世代をつなぐ精子幹細胞の謎

われわれほ乳類を含む多くの動物では、長期間にわたって多数の精子を生み出すことにより、子孫を確実に残す。その一方、一つ一つの精子は、遺伝情報を極めて正確に複製し次世代に伝える。この、一見相反する、しかし生命にとって本質的に重要な、高い生産性と正確性は、どのように実現されているのか？生殖細胞研究部門では、マウス精子形成幹細胞の実体と挙動を解明することを通して、この謎に挑戦する。



## Members

教授  
吉田 松生

助教  
北舘 祐  
原 健士朗

技術課技術職員  
高瀬 (水口) 洋子

NIBB リサーチフェロー  
中村 隼明

研究員  
杉本 亮

総合研究大学院大学  
大学院生  
伊神 香菜子  
徳江 萌

技術支援員  
市川 理恵  
稲田 加奈  
久保木 悠子

マウス精巣で精子を作っている精細管の断面。体細胞分裂をする精原細胞は最外層に位置し、そのごく一部が幹細胞である。その後精母細胞（減数分裂）、精子細胞（半数体）と分化が進むとともに内側に移動する。中心部に放出される直前の精子（細長く伸びた核（青）と尾部（うす赤）をもつ）が見える。（スケールバー：50 マイクロメートル）

## ほ乳類の精子幹細胞

精巣では長期間継続して精子が作られる。この生命にとって根源的な営みは、強靱な「幹細胞システム」が支えているとされる。しかし、その実体は謎に包まれている。

精巣という組織の中で、どの細胞が「幹細胞」で、どこで、どのように挙動（増殖・自己複製・分化・死）しているのだろうか？ 1950年代から70年代にかけて行われた、主に組織形態学的解析によって決着が着いているように見える。しかし、今、私たちは、ライブイメージングやパルス標識といった、当時は実現していなかった時間を越えて細胞の挙動を解析する方法を用いて、この問題を問い直している。その結果、教科書とは違う精子幹細胞の姿が見えて来つつある。

## 分化に向かった細胞が逆戻り

マウス精巣に見られる生殖細胞の中で、形態的に最も未熟とされるものは、通常の細胞と同じくただ一つの核を持つ「As細胞」である。As細胞が分化しながら数を増やす時、娘細胞同志がつながったまま残ることにより、2、4、8、16…個の細胞がつながった合胞体（シスト）を形成する（図1）。従来、「Asだけが幹細胞であり、シストとなった細胞は不可逆的に分化へと運命付けられている」と考えられて来た（図1 黒矢印）。我々は、精細管の最も外側に位置するこれらの細胞のライブイメージングを行った。その結果、16個程までの比較的短いシストが断片化し、より未分化な細胞に戻ることを発見した（図1 青矢印：文献1, 4）。これは、「As細胞だけではなく、更に多くの細胞が幹細胞システムに関わっている」ことを意味する。断片化や分化の方向を制御する機構の解明が現在の課題である。

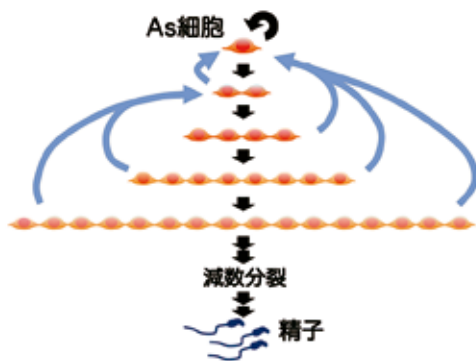


図1. 明らかになって来た、可逆的で柔軟な幹細胞システムの姿。従来の定説ではAs細胞だけが自己複製する幹細胞と言われて来た（黒矢印）が、実際にはシストの断片化などが観察され、分化は一方ではなく可逆的でしなやかなものであることが分かって来た。

## 精子幹細胞の居場所（ニッチ）に迫る

私たちはまた、幹細胞システムを支えるAsや初期の短いシスト（未分化型精原細胞）が、精細管の中でも血管に近接する部分に好んで局在し、分化が進むと精細管全体にちらばることを発見した（図2: 文献3）。この領域を、未分化型精原細胞の増殖と分化を制御する「ニッチ」として提唱し、その機能の分子実体の解明に取り組んでいる。

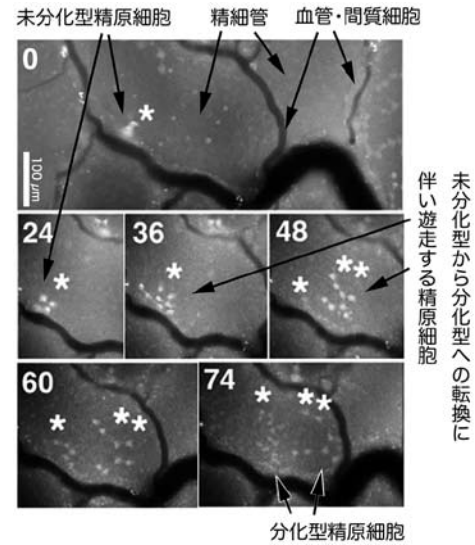


図2. 未分化型精原細胞の精巣内ニッチと分化に伴う移動。蛍光標識した未分化型精原細胞の精巣内ライブイメージング。この細胞は、血管に近い「ニッチ領域」に局在するが、分化と共に精細管の基底領域全体に広がる。数字は観察時間（時）。（生化学 80 9-13 (2008) より転載）。

幹細胞たちは、これからどんな素顔を見せてくれるだろうか？一緒に研究する方々の参加を希望しています。

### 参考文献

1. Nakagawa, T., Sharma, M., Nabeshima, Y., Braun, R.E., and Yoshida, S. (2010). Functional Hierarchy and Reversibility within the Murine Spermatogenic Stem Cell Compartment. *Science* 328, 62-67.
2. Klein, A.M., Nakagawa, T., Ichikawa, R., Yoshida, S., and Simons, B.D. (2010). Mouse germ line stem cells undergo rapid and stochastic turnover. *Cell Stem Cell* 7, 214-224.
3. Yoshida, S., Sukeno, M., and Nabeshima, Y. (2007). A vasculature-associated niche for undifferentiated spermatogonia in the mouse testis. *Science* 317, 1722-1726.
4. Nakagawa, T., Nabeshima, Y., and Yoshida, S. (2007). Functional identification of the actual and potential stem cell compartments in mouse spermatogenesis. *Dev. Cell* 12, 195-206.
5. Yoshida, S., Takakura, A., Ohbo, K., Abe, K., Wakabayashi, J., Yamamoto, M., Suda, T., and Nabeshima, Y. (2004). Neurogenin3 delineates the earliest stages of spermatogenesis in the mouse testis. *Dev. Biol.* 269, 447-458.

教授  
吉田 松生



助教  
北館 祐



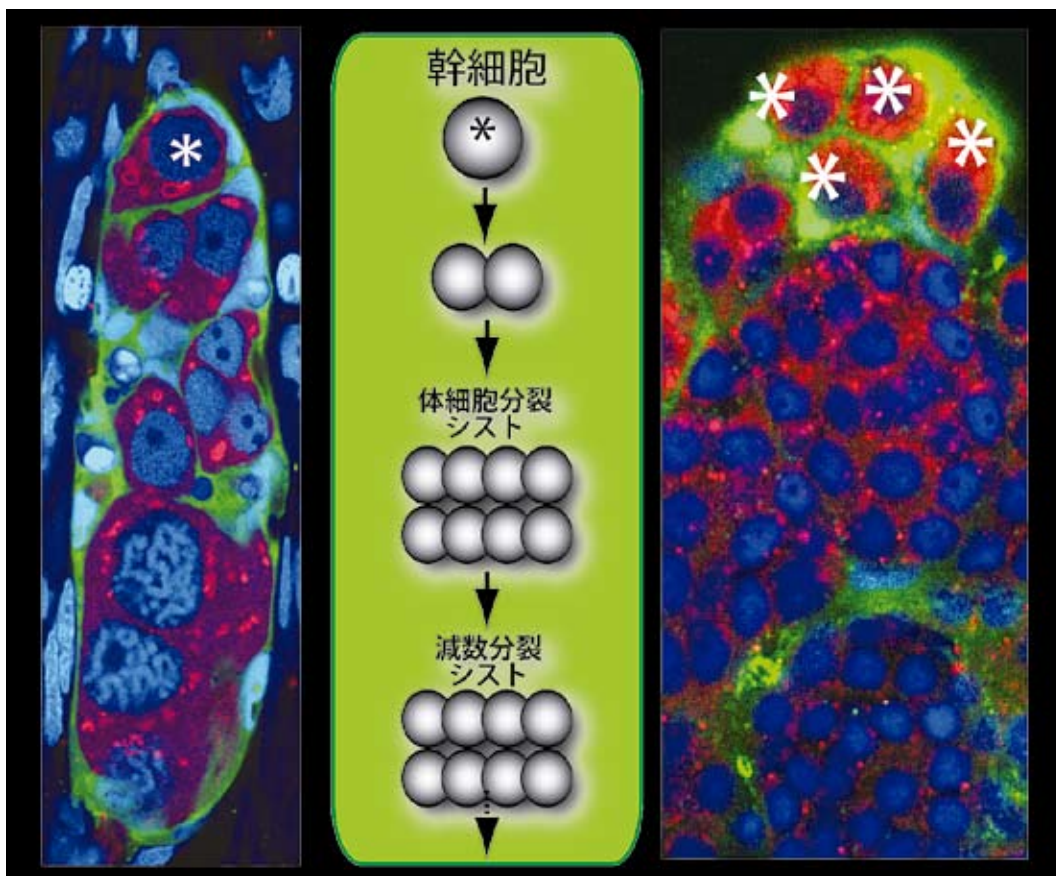
助教  
原 健士朗



# 性の原理と生殖幹細胞制御を

## 遺伝子・細胞レベルで探る

"性" にまつわる多彩な現象の多くは生殖腺に依存している。そしてこの多彩な性の表出は、卵や精子となる生殖細胞が重要であることを見いだしてきた。さらに、生殖幹細胞の制御も性と深く関わっていることが明らかになりつつある。この生殖細胞を軸に、性の原理ともいえるべき、多彩な現象の背後にある分子機構を理解すべく研究を行なっている。



### Members

准教授  
田中 実

NIBB リサーチフェロー  
山本 耕裕

博士研究員  
中村 修平

大学院生  
西村 俊哉

技術支援員  
小林 佳代  
木下 千恵  
渡我部 育子

事務支援員  
米満 雅子

卵巣と精巣に見いだされた共通の組織単位 (左が卵巣、右が精巣)

この組織単位は *sox9* と呼ばれる遺伝子を発現する細胞 (緑色の細胞) から構成され、生殖幹細胞 (星印) が存在する。この細胞から永続的に卵や精子形成 (赤い細胞) が制御される (青色は細胞核)。  
(Nakamura et al., Science 2010 より)

## 性の原理はバランスにあり

性（雌雄）の決まり方は動物によってさまざまである。遺伝子で決まる動物もあれば、環境で決まる動物もある。さらに性が一生の間で変化する動物も多い。動物にとって、性は状況に応じて決まればよいとも考えられる。

実際、人間やマウスなど、遺伝的に性の決まっている動物においても状況によっては組織の一部が性転換を起こすことがある。多くの動物の性決定分化機構は、性の維持と可塑性の機構を包含していると予想される。そこには、雄でなければ雌になり、雌でなければ雄になるという、昔から現象論として指摘されてきた「性のバランス」を垣間みることができる。ここに未解明の性の本質があると考えられるが、その分子機構はほとんど明らかではない。研究室では、その機構解明を目的として主としてメダカを用いて研究を行なっている。

メダカは、Y染色体によって雄となる遺伝的に性が決まる動物で、哺乳類同様通常は性転換しない。生殖腺でまず性が決定し、身体全体の雌雄差が現れる（第二性徴）。研究室では、イメージング、キメラメダカ作製、遺伝子発現誘導など、さまざまな技術を独自に開発し（文献5など多数）、性研究における生殖細胞の重要性を世界に先駆けて明らかにしてきた。

## 生殖細胞は雌？体細胞は雄？

生殖細胞は卵や精子の元の細胞である。突然変異体 *hotei* は、この生殖細胞が多くなり、雌へと性転換する興味深い表現型を示す。性転換は生殖細胞依存적であり、シグナル因子の受容体遺伝子 *amhrll* が関与することが判明した（図1:文献4）。

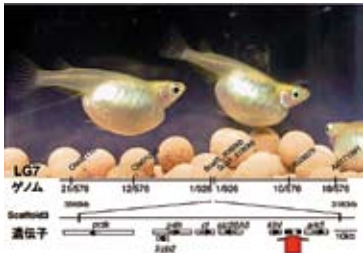


図1. 生殖細胞が増殖して雌へと性転換をおこす突然変異体メダカ、*hotei* (布袋) 大きく膨らんだお腹は雄でありながら卵巣で満たされている。ゲノム上の赤い遺伝子 (*amhrll*) に突然変異が生じて雌化することが解明された。

生殖細胞は、身体の性の影響を受けて受動的に卵や精子になり、性分化には関与しないといわれてきた。ところが生殖細胞がないメダカを作製すると、遺伝的に関わらず細胞や第二性徴は雄になることが明らかとなった（文献3）。このことから生殖細胞は、本来身体全体の雌化に働くと予想さ

れ、一方のまわりの体細胞は、性染色体の有無にかかわらず雄へと分化する性格をもつことが明らかとなった。性のバランスの問題が細胞レベルで初めて議論できるようになり、*amhrll* はこのバランスを調節している分子であると考えられた（図2:総説文献2）。



図2. 生殖細胞と性の関係  
生殖細胞がないと体細胞は自律的に雄化するが、通常は生殖細胞からシグナルにより雌化が引き起こされる。一方、Y染色体が存在すると体細胞の「雄性」が増強され、生殖細胞も雄化すると予想される。AMHシグナルはこの2つのシグナルを調整していると考えられる。

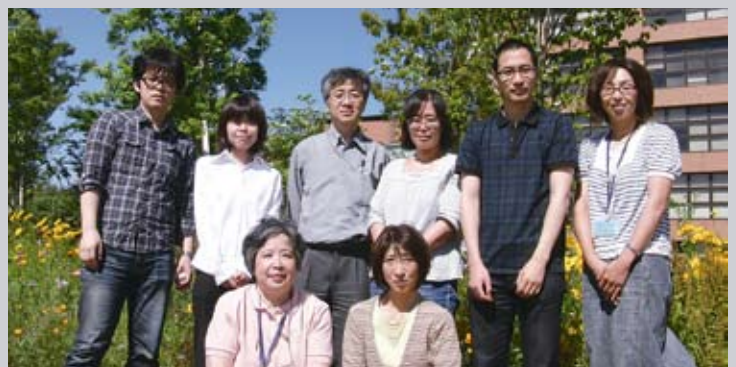
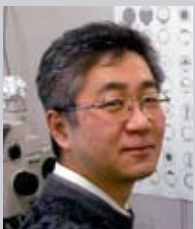
## 雌雄共通構造？- 卵巣生殖幹細胞の発見

一方、性決定後に形成される卵巣・精巣は全く異なる器官と考えられてきたが、そこでどのように性転換や性の維持が行われているかは明らかでなかった。しかし特定細胞可視化により雌雄共通と思われる組織構造が卵巣に見いだされ、さらに不明であった卵巣の生殖幹細胞がその構造に存在することが明らかとなった（文献1）。この構造が性的可塑性を裏付ける構造であると考えており、そこでの分子機構の詳細を解明中である。

### 参考文献

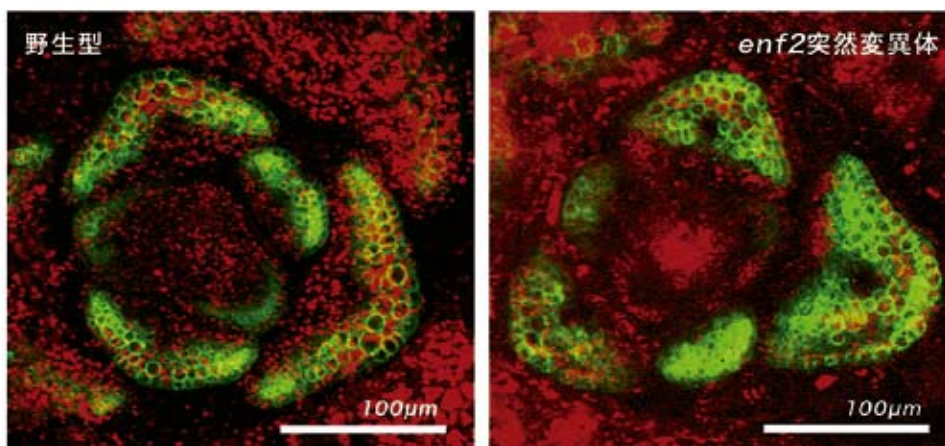
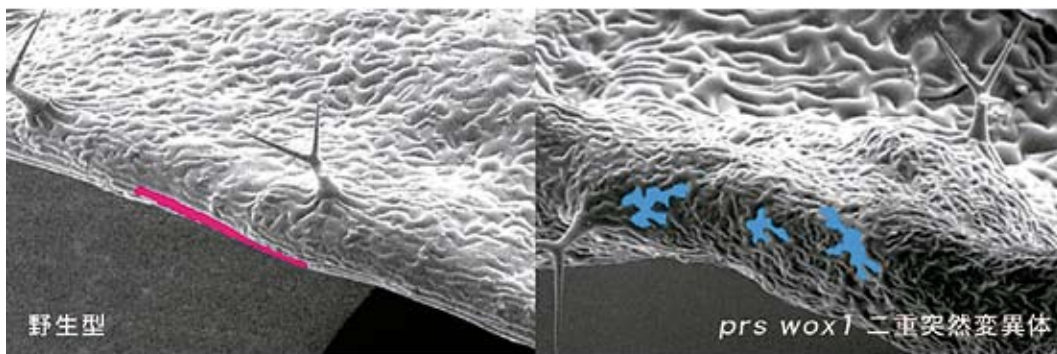
1. Nakamura, S., Kobayashi, K., Nishimura, T., Higashijima, S., and Tanaka, M. (2010). Identification of germline stem cells in the ovary of the teleost medaka. *Science* 328, 1561-1563.
2. Saito, D., and Tanaka, M. (2009). Germ cells are essential for sexual dimorphism in the medaka gonad. *Sex. Dev.* 104, 16958-16963.
3. Kurokawa, H., Saito, D., Nakamura, S., Katoh-Fukui, Y., Ohta, K., Aoki, Y., Baba, T., Morohashi, K., and Tanaka, M. (2007). Germ cells are essential for sexual dimorphism in the medaka gonad. *Proc. Acad. Natl. Sci. USA* 104, 16958-16963. (Direct Submission to PNAS Office)
4. Morinaga, C., Saito, D., Nakamura, S., Sasaki, T., Asakawa, S., Shimizu, N., Mitani, H., Furutani-Seiki, M., Tanaka, M. (Corresponding Author), and Kondoh, H. (2007). The *hotei* mutation of medaka in the anti-Mullerian hormone receptor causes the dysregulation of germ cell and sexual development. *Proc. Acad. Natl. Sci. USA* 104, 9691-9696. (Direct Submission to PNAS Office)
5. Tanaka, M., Kinoshita, M., Kobayashi, D., and Nagahama, Y. (2001). Establishment of medaka (*Oryzias latipes*) transgenic lines with the expression of green fluorescent protein fluorescence exclusively in germ cells: A useful model to monitor germ cells in a live vertebrate. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 98, 2544 - 2549. (Direct Submission to PNAS Office)

准教授  
田中 実



# 植物の体づくりの秘密を探る

葉や花、根はそれぞれ印象的な形を持っており、内部の組織や細胞は秩序のある美しい配列を示している。莖や根の先端には、活発に分裂する未分化な細胞集団（分裂組織）があり、植物の器官はこの細胞集団から作られるが、むやみに分裂しても規則的な細胞の配列や対称的な形にはならない。植物の細胞は互いに情報を交換して分裂のタイミングや方向を決めることによって、細胞が規則正しく配列した機能的な構造を作ると考えられる。私たちは、植物の器官が作られる際に働く細胞間の情報交換の分子機構を理解することを目的としている。



シロイヌナズナの葉（中）の周縁部にみられる縦長の周縁細胞（上左の赤色）。 *prs wox1* 二重突然変異体では周縁細胞が欠失し、裏側表皮細胞が表側に侵入する（上右の青色）。いずれも走査型電子顕微鏡による観察。葉の表裏の領域決定に関わる *enf2* 突然変異体では表裏の境界が表側に移行し、裏側領域が厚くなる（下右の緑色領域）。下左は野生型植物。いずれも葉の断面を観察しており、緑色は裏側領域を示す。

## Members

所長  
岡田 清孝

助教  
立松 圭

博士研究員  
五十嵐 久子  
浦和 博子  
土田 祐平  
富永 るみ  
矢部 公彦  
和田 拓治

外国人特別研究員  
POPRAWKA, Tomasz

特別共同利用研究員  
池内 桃子  
（東京大学）  
岩崎 晃  
（京都大学）  
為重 才覚  
（京都大学）  
豊倉 浩一  
（京都大学）  
中田 未友希  
（京都大学）

技術支援員  
杉本 渚  
都築 夕美子  
中森 ちひろ  
原 麗子  
松本 美和子

事務支援員  
坂神 真理

## 葉の表裏の区別を生じる仕組みを探る

成熟した葉の断面を調べると、表側表皮の下に細長い細胞が密に並んだ柵状組織、その下には丸い細胞が空隙をもって散らばった海绵状組織、さらに裏側表皮の順に並んでおり、表側で光を受け、裏側でガス交換して効率よく光合成を進めることが可能になっている。

1950年代に Ian Sussex など多くの研究者が、ジャガイモやタバコなどの分裂組織の中央領域と葉原基の形成予定領域の間に刃物で切れ目を入れ、表層細胞間の連絡を絶つ実験をおこなった。このような手術の後で、新たに生じる葉は裏側組織のみを持ち、表側組織が分化しないことから、分裂組織の中央領域から葉原基に伝えられ、表側領域の形成を誘導するシグナルが存在することが予測されていた。が、シグナルの実体は証明されておらず、葉の表裏の区別を生じる仕組みは謎のままである。

この問題を解決するために、本研究室では、いくつかの実験手法を使って研究を進めている。分子遺伝学的手法を用いた研究では、葉の裏側領域で発現し、裏側組織の形成に必要な *FIL* 遺伝子の発現が異常になったシロイヌナズナの突然変異体を多数分離して解析している。その中で、*enf1* 突然変異体では表裏の領域を決定する機構がうまく働いておらず、*enf2* 突然変異体では裏側領域が大きくなっている（左ページ図）。これらの突然変異体の変異遺伝子を同定して、葉の表裏の領域決定に関わる新たな分子機構を探っている。また、表側組織の形成に必要な PHB タンパク質が正確に葉の表側領域で働くためには、そのプロモーター領域の活性とマイクロRNA (miR165/166) による裏側領域での発現抑制の両方が必要であることがわかっている。これらマイクロRNAが、どのような仕組みで裏側領域と表側領域の細胞を区別しているのか、についても解析を進めている。さらに、葉の周縁部に特異的な細長い表皮細胞の形成に *PRS* 遺伝子と *WOX1* 遺伝子が必要であることもわかっている（左ページ図）。分子遺伝学的な解析から、これら遺伝子は葉の表裏領域の境界形成に関与することが示唆されている。

一方、生化学方法を用いた研究では、食用カリフラワーの花序塊の細胞間隙に存在するペプチドを集め、LC-MS/MSによって部分的なアミノ酸配列を調べて、分裂組織の機能に関わるシグナルペプチドを探索している。さらに、分裂組織の機能解析のために様々な外科手術を加えた古典的な研究を新たに見直し、イメージングやレーザーを用いた微小手術の手法と情報生物学や理論生物学によるモデリングの方法を併

せ用いて、植物の器官発生過程における位置情報の理解を目指している。

## 表皮細胞から分泌されるワックスの新たな役割

花器官の発達過程メカニズムを明らかにするために、開花時に花弁が二回屈曲するシロイヌナズナの *fop* 突然変異体を分離して解析している（図1）。この突然変異体では、花弁が雄しべとがく片の間隙をうまくすり抜けることができず、がく片と強く接触して屈曲するものと思われる。*FOP* 遺伝子を調べた結果から、花弁表皮に分泌されるワックスやクチンが潤滑剤としての新たな役割を持つことがわかった。



図1. 野生型シロイヌナズナの花（左）と *fop* 突然変異体の花（右）。*fop* 突然変異体の花弁は、形状は野生型と同じであるが、開花時に屈曲している。白の矢尻は屈曲している部位を示す。

## 参考文献

1. Shimizu, K.K., Ito, T., Ishiguro, S., and Okada, K. (2008). MAA3 (MAGATAMA3) helicase gene is required for female gametophyte development and pollen tube guidance in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell Physiol.* 49, 1478-1483.
2. Yoshida, Y., Sano, R., Wada, T., Takabayashi, J., and Okada, K. (2009). Jasmonic acid control of GLABRA3 links inducible defense and trichome patterning in *Arabidopsis*. *Development* 136, 1039-1048.
3. Tsugeki, R., Ditengou, F.A., Sumi, Y., Palme, K., and Okada, K. (2009). The Novel Nuclear Factor NO VEIN Mediates Auxin-Dependent Specification and Patterning in the Embryo, Shoot and Root. *Plant Cell* 21, 3133-3151.
4. Toyokura, K., Watanabe, K., Oiwa, A., Kusano, M., Tameshige, T., Tatematsu, K., Matsumoto, N., Tsugeki, R., Saito, K., and Okada, K. (2011). Succinic Semialdehyde Dehydrogenase is Involved in the Robust Patterning of *Arabidopsis* Leaves along the Adaxial-Abaxial Axis. *Plant Cell Physiol.* 52, 1340-1353.
5. Ueda, M., Matsui, K., Ishiguro, S., Kato, T., Tabata, S., Kobayashi, M., Seki, M., Shinozaki, K., and Okada, K. (2011). *Arabidopsis* RPT2a encoding the 26S proteasome subunit is required for various aspects of root meristem maintenance, and regulates gametogenesis redundantly with its homolog, RPT2b. *Plant Cell Physiol.* (in press).

所長  
岡田 清孝

助教  
立松 圭



# 中枢神経の発生・分化から

## 成体脳機能の発現制御まで

脳は、外界の様々な情報を眼や耳などの感覚器官を使って取り入れ、統合、認識するとともに、それを記憶し、正しい行動を指令する働きをもつ。また、脳は、体液中の塩分濃度や血圧、血糖値など体内の状態もモニターしており、その情報に応じて摂食や排泄などの制御を行っている。これらの脳の機能は、個体発生の過程で正しい神経回路が形成されることで初めて可能となる。統合神経生物学研究部門では、脳のできるしくみとして視覚系の形成機構を、また成体の脳機能として、体液の恒常性を保つための機構、並びに記憶や学習における神経伝達の制御機構を、分子、細胞から、回路、システムのレベルまで統合的に明らかにする研究を行っている。

### Members

教授  
野田 昌晴

准教授  
新谷 隆史

助教  
作田 拓  
檜山 武史

技術課技術職員  
竹内 靖

NIBB リサーチフェロー  
久保山 和哉

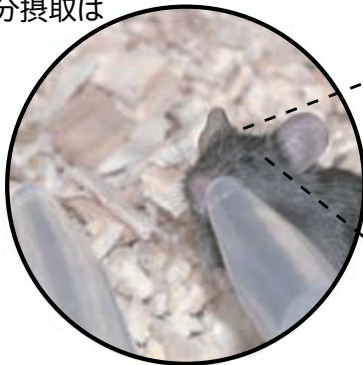
博士研究員  
藤川 顕寛  
鈴木 亮子  
西原 絵里  
吉田 匡秀  
松本 匡史

総合研究大学院大学  
大学院生  
湊 佐知子  
桜庭 寿一  
宮崎 友里子

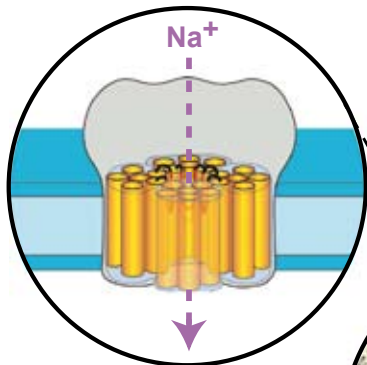
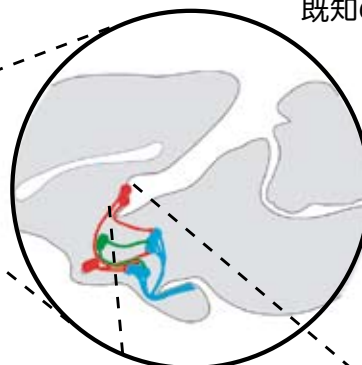
技術支援員  
服部 宣子  
富田 奈央  
三浦 誓子  
磯島 佳子  
同京 由美  
中西 規恵  
宮崎 絵美  
和田 琴恵

事務支援員  
小玉 明子

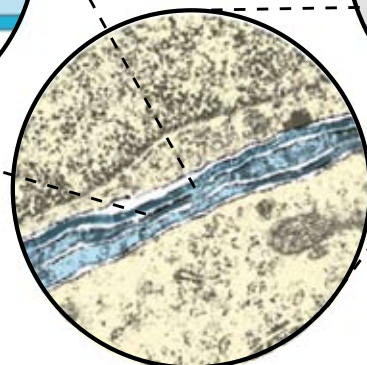
脱水状態において体液のNaレベルが上昇すると、マウスは水分摂取を行う一方で塩分摂取は避ける



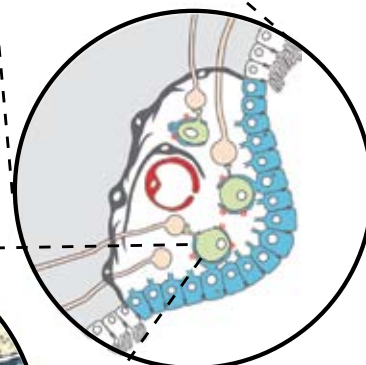
体液Naレベルの感知と塩分摂取行動制御の中樞である脳弓下器官からの既知の神経連絡



体液Naレベルを感知するセンサー分子、 $\text{Na}_x$ チャンネル



グリア細胞の突起(青)に $\text{Na}_x$ の存在を示すシグナルが見られる



脳弓下器官では $\text{Na}_x$ 陽性のグリア細胞(青)の突起が神経細胞をとり巻いている



## 体液恒常性維持のための脳内機構

哺乳類の脳には体液恒常性を維持するため、体液のNaレベルと浸透圧をそれぞれモニターしているセンサー分子が存在する(図1)。

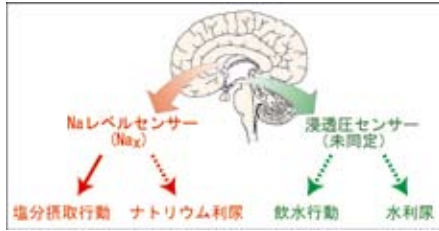


図1. 体液恒常性維持のための脳内機構  
点線で示した経路は、まだ解明されていない。

我々は、脳弓下器官、終板脈管器官などの特殊なグリア細胞に発現するNa<sub>x</sub>チャンネルが体液中のNa<sup>+</sup>濃度の上昇を検知するセンサーであり、塩分摂取行動の制御に関わっていること、また、Na<sub>x</sub>に対する自己抗体の産生が本態性高Na血症の原因となることなどを明らかにしてきた。現在、体液恒常性維持のための脳内機構の全容を解明すべく、浸透圧センサーの同定を始めとして、塩分/水分摂取行動の制御機構、及び利尿/抗利尿ホルモンの産生・分泌の制御機構等の詳細を明らかにする研究を展開している。

## 受容体型プロテインチロシンホスファターゼの機能的役割

タンパク質のチロシンリン酸化の制御を介したシグナル伝達は、生命活動の様々な局面において重要な働きをしているが、脱リン酸化を担うプロテインチロシンホスファターゼ(PTP)の調節機構とその生理的役割については良く判っていない。哺乳類は8つのサブファミリーに分類される20種の受容体型PTP(RPTP)をもっている。我々は、個々のRPTPのリガンド、基質分子の同定、遺伝子破壊マウスの解析を通して、個々のRPTPの生理的役割、特に脳の形成と機能における役割を明らかにする研究を展開している。

## 脳神経系の形成を制御する分子機構

我々はこれまで、視神経の視蓋への領域特異的投射(Topographic retinotectal projection)の基盤として、発生期における網膜内の領域特異化(patterning)の分子機構の全容を明らかにしてきた。特異的神経結合形成の後期過程では、神経軸索のナビゲーションに続いて、神経軸索の分岐形成、シナプス形成、並びに不必要な側枝とシナプスの除去など、複雑な過程が進行する(図2)。現在、神経細胞移動におけるナビゲーション機構とともに、神経軸索の先端部である成長円錐が環境の変化を感知する情報伝達機構の解明を目指している。

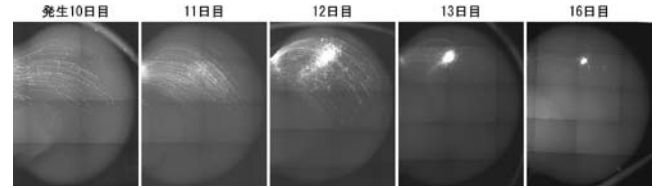


図2. ニワトリ網膜の耳側寄りの視神経の投射の様子(視蓋前側でシナプス形成)  
**網膜神経節細胞サブタイプの発生・分化機構**

光情報は網膜内で色や動き等の特性に分解され、それぞれの情報は、12余りの異なる網膜神経節細胞(RGC)サブタイプによって中枢に送られる。これまで各RGCサブタイプを識別する方法がなかったことから、それぞれを同定して研究することができなかった。我々はSPIG1という分子を特異的に発現するRGCサブタイプが、上向き光移動の情報を副視覚系内側核に伝えていることを明らかにした(図3)。現在、更に他のRGCサブタイプを特徴付けるマーカー遺伝子を探索するとともに、サブタイプの発生・分化機構を明らかにする研究を行っている。

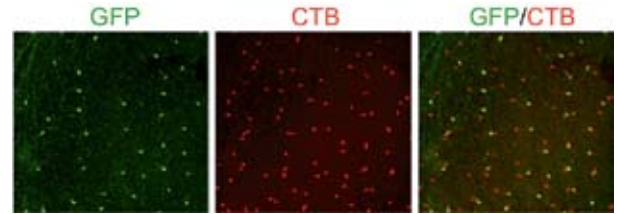


図3. SPIG1-GFP ノックインマウスの網膜  
内側核投射細胞をCTBで逆行性にラベルしている(赤)。GFP陽性細胞(緑)は、CTBで染まったRGC(赤)の半分を占め、網膜内でモザイク状に分布している。残り半分のRGC(赤)は下向き光移動の情報を伝えている。

### 参考文献

1. Yuasa, J., Hirano, S., Yamagata, M., and Noda, M. (1996). Visual projection map specified by expression of transcription factors in the retina. *Nature* 382, 632-635.
2. Sakuta, H., Suzuki, R., Takahashi, H., Kato, A., Shintani, T., Iemura, S., Yamamoto, T.S., Ueno, N., and Noda, M. (2001). Ventroptin: A novel BMP-4 antagonist expressed in a double-gradient pattern in the retina. *Science* 293, 111-115.
3. Shintani, T., Ihara, M., Sakuta, H., Takahashi, H., Watakabe, I., and Noda, M. (2006). Eph receptors are negatively controlled by protein tyrosine phosphatase receptor type O. *Nature Neurosci.* 9, 761-769.
4. Shimizu, H., Watanabe, E., Hiyama, T.Y., Nagakura, A., Fujikawa, A., Okado, H., Yanagawa, Y., Obata, K., and Noda, M. (2007). Glial Na<sub>x</sub> channels control lactate signaling to neurons for brain [Na<sup>+</sup>] sensing. *Neuron* 54, 59-72.
5. Hiyama, T.Y., Matsuda, S., Fujikawa, A., Matsumoto, M., Watanabe, E., Kajiwara, H., Niimura, F., and Noda, M. (2010). Autoimmunity to the sodium-level sensor in the brain causes essential hyponatremia. *Neuron* 66, 508-522.

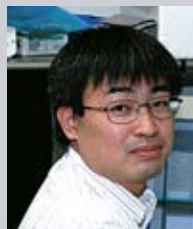
教授  
野田 昌晴



准教授  
新谷 隆史



助教  
作田 拓

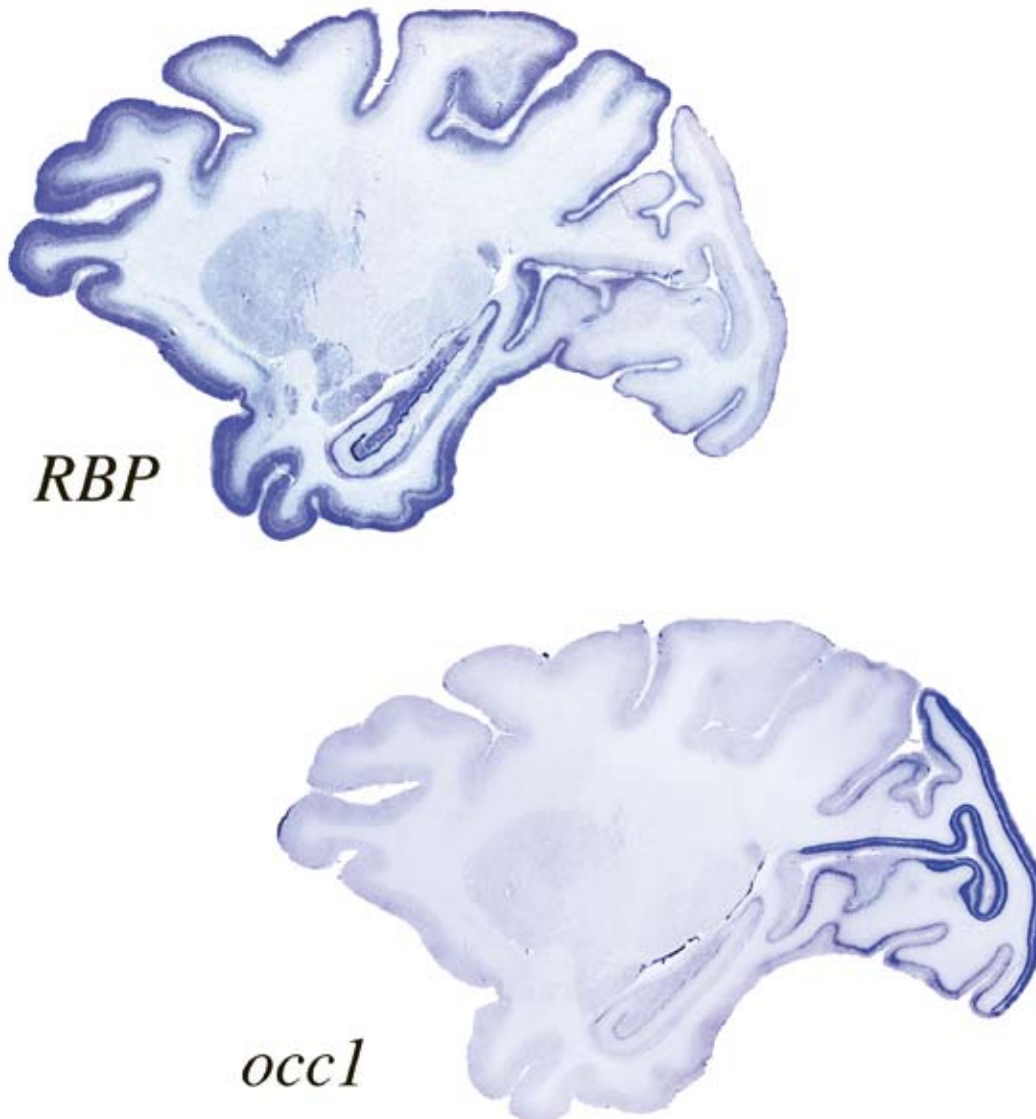


助教  
檜山 武史



# 大脳皮質の形成と進化の分子機構

大脳皮質はヒトで最も良く発達し、高次脳機能の重要な機能を担うと考えられている。大脳皮質の大きさは、体重で補正してもヒトとテンレクス科では約200倍も違うが、最近のゲノム配列の決定から、遺伝子数は、哺乳類の間で殆ど変わらないことが明らかになってきている。それでは、どのようにして、大脳皮質の機能的な進化が達成されたのだろうか？脳生物学研究部門は、大脳皮質の形成と進化に興味を持ちその解明を目指して研究を行っている。



## Members

教授  
山森 哲雄

准教授  
渡我部 昭哉

助教  
小峰 由里子  
定金 理

特任助教  
小松 勇介 (脳プロ)

技術課技術職員  
大澤 園子

NIBB リサーチフェロー  
大塚 正成

博士研究員  
畑 克介  
佐々木 哲也  
高司 雅史

総合研究大学院大学  
大学院生  
Rammohan Shukla

技術支援員  
仲神 友貴  
竹田 悠太  
中村 徹  
森田 淳子  
井本 英子  
今 弥生  
小谷 慶子  
平山 由香  
梶谷 智樹

事務支援員  
今井 亜紀子

特別訪問研究員  
平川 玲子

occl と Rbp の発現パターン  
(Yamamori & Rockland, Neurosci Res., 55, 11-27, 2006 より引用)

## 大脳皮質領野特異的発現遺伝子の解析

大脳皮質はヒトで最も良く発達し、高次脳機能の重要な機能を担うと考えられている。哺乳類の大脳皮質は、全て6層から成ることは共通であるが、しかし、大脳皮質の大きさは、種によって非常に大きく異なり、例えば、体重で補正してもヒトとテンレクス科では約200倍も違う。これは、単に脳の大きさが異なるだけではなく、領野という大脳皮質の中で、それぞれの役割分担を担う区分が異なるのである。このような領野の違いがそれぞれの種の大脳皮質機能の違いを作っていると考えられる。私達は、霊長類(マカ属)大脳皮質の代表的領野間(前頭葉、運動野、側頭葉、視覚野等)で発現に顕著な差が見られる遺伝子を探索し、その解析を行い、その遺伝子の発現様式や生理的機能を解析することによって、こうした大脳皮質領野の機能と進化の未解決の問題を分子レベルから解明することを目指して研究を行っている。

まず、Differential Display法を用いて、視覚野に特異的に発現する遺伝子 *occ1* (occipital 1) を見出した(2001年)。*occ1* は、一次視覚野(V1)に顕著に発現がみられ、大脳皮質のブロードマン領野に厳密に対応する発現パターンを示すおそらく最初の報告である。更に、霊長類の連合野特異的に発現する遺伝子 *Rbp* (retinol-binding protein) を報告した(2005年)。*Rbp* は、レチノール(ビタミンAが代表例)と結合することにより、細胞内にレチノールを運搬し、レチノールはそこでレチノイン酸(RA)に代謝される。RAは、多様な生物学的活性が知られているが、低分子で拡散性が

強い為、成熟個体の大脳皮質における正確な分布はこれまで知られていなかった。

*occ1* と *Rbp* の霊長類大脳皮質に於ける発現パターンを調べると相補的であることが判った(左ページの図)。更に、RLCS(restriction land mark cDN scanning)法による網羅的発現解析で霊長類領野間で顕著な差のある遺伝子の詳細な解析を行ったところ、これらの発現パターンは、*occ1*、又は、*Rbp* と良く似ていた。この発現をブロードマンの領野地図上に図示すると図1のようになるが、これら

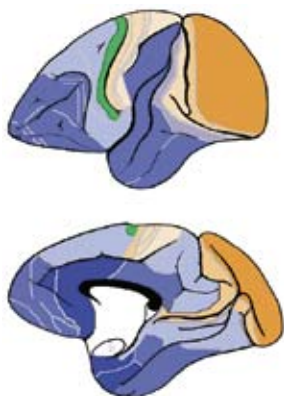


図1. ブロードマン領野(オナガザル)に於ける遺伝子発現パターン(オレンジ色:一次感覚野, 青色:連合野)

の領野は、視覚野と連合野は霊長類で、殊に良く発達している領野である。従って、霊長類の領野間で顕著な発現の差がある遺伝子を調べることにより、霊長類の領野で良く発達した領野で強く発現するものが得られてきたことになる。これらの分子の霊長類大脳皮質領野に於ける役割を解明することにより、霊長類の高次機構機能の分子レベルからの解明に貢献できると考えて研究を進めている(Yamamori, T. Prog. Neurobiol., 94, 201-222, 2011)。

## 学習行動下での脳内情報処理過程の解明

当研究室では、特に細胞レベルでの脳神経回路の同定を目指している。これまでに用いていた学習システムは2つであるが、その一つは、京都大学文学部の櫻井芳雄教授との共同研究として行っている視聴覚弁別学習課題であった。音と光を同位置から発し、音から光刺激に切り替えた時でも、位置情報を記憶していることや、音と光刺激を同時に与えた場合に反応時間が促進されることを観察した。主に、こうした2種類の刺激による反応促進が脳のどの部位の活動と関係しているのかを明らかにした(Hirokawa, Neuroscience, 153, 1402-1417, 2008)。今一つは、wheel running systemである。このsystemでは、回転する輪の中の足場(ペグ)を変えることにより、歩行パターンが変化した際、脳内の情報処理過程がどのような変更を受けるのかを調べることができ、遺伝子発現、薬理的実験、電気生理学的手法を用いてこれを解析している(Kitsukawa, et al., J. Neurophysiol., 106, 479-487, 2011)。

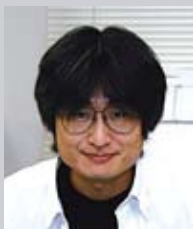
### 参考文献

- Tochitani, S., Liang, F., Watakabe, A., Hashikawa, T., and Yamamori, T. (2001). The *occ1* is preferentially expressed in the primary visual cortex in an activity-dependent manner: a pattern of gene expression related to the cytoarchitectonic area in adult macaque neocortex. *Eur. J. Neurosci.* 13, 297-307.
- Komatsu, Y., Watakabe, Y., Hashikawa, T., Tochitani, S., and Yamamori, T. (2005). Retinol-binding protein gene is highly expressed in higher-order association areas of the primate neocortex. *Cereb. Cortex* 15, 96-108.
- Watakabe, A., Komatsu, Y., Sadakane, O., Shimegi, S., et al. (2008). Enriched Expression of Serotonin 1B and 2A Receptor Genes in Macaque Visual Cortex and their Bidirectional Modulatory Effects on Neuronal Responses. *Cereb. Cortex* 19, 1915-1928
- Takaji, M., Komatsu, Y., Watakabe, A., Hashikawa, T., Yamamori, T. (2009). Paraneoplastic Antigen-Like 5 Gene (PNMA5) Is Preferentially Expressed in the Association Areas in a Primate Specific Manner. *Cereb. Cortex* 19, 2865-2879.
- Sasaki, T., Komatsu, Y., Watakabe, A., Sawada, K., Yamamori, T. (2010). Prefrontal-Enriched SLIT1 Expression in Old World Monkey Cortex Established during the Postnatal Development. *Cereb. Cortex* 20, 2496-2510

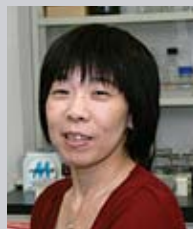
教授  
山森 哲雄



助教  
渡我部 昭哉



助教  
小峰 由里子

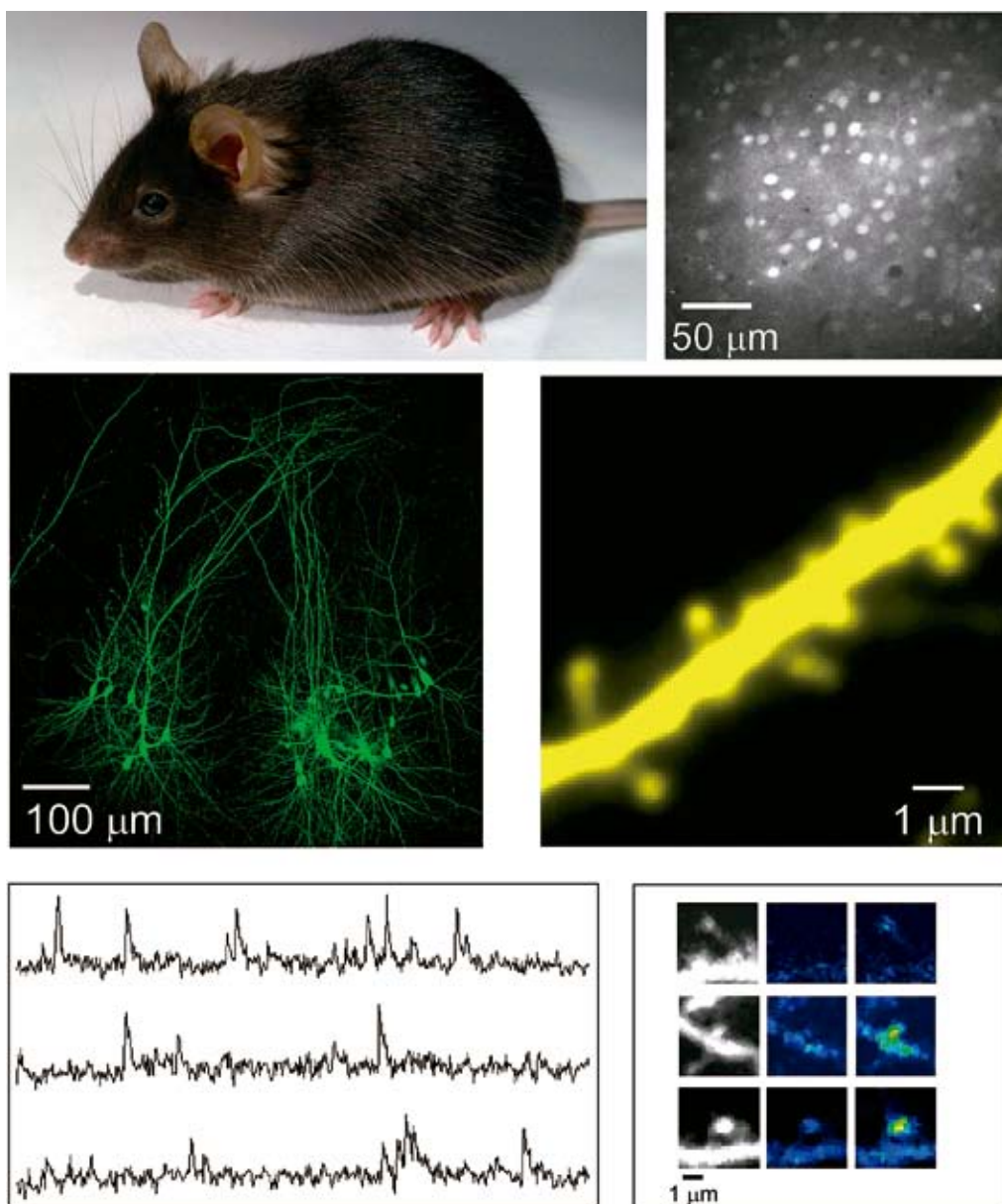


助教  
定金 理



# 光技術を駆使して大脳回路の動作原理に迫る

動物は、様々な環境に適応するためにそれに見合った様々な行動を取る、という戦略を進化させてきた。動物は環境からの情報を脳の中でコード化し、それを保持しつつ過去の記憶と照らし合わせて、いくつかの選択肢から行動を決定する。また環境からの情報なしに、内発的にさまざまな行動パターンを作り出すことも出来る。そしてこのような行動は学習を通じて実現される。この時、脳の中で細胞レベルでどのようなことが起こっているのか。脳内の神経細胞の複雑なネットワークの実体、可塑性、そしてその動作原理を、2光子イメージングや光遺伝学、電気生理学、分子生物学などの方法論を組み合わせることで、単一細胞レベル、単一シナプスレベルで明らかにすることを目標としている。



## Members

教授  
松崎 政紀

研究員  
正水 芳人  
田中 康裕

総合研究大学院大学  
大学院生  
大久保 文貴

特別共同利用研究員  
平 理一郎 (東京大学)

技術支援員  
姫野 美貴  
斎藤 順子

事務支援員  
杉山 朋美

上段右図は生きた個体マウスの大脳新皮質の2光子蛍光イメージ。中段左図は海馬神経細胞の広域イメージ、中段右図は海馬神経細胞の樹状突起の高解像度イメージ。下段左図は3つの細胞の活動を示す蛍光強度の時間変化、下段右図は、3つのシナプス後部スパインでのカルシウム流入前後での蛍光イメージ。

## 大脳における随意運動の情報表現の解明

随意運動はその名の通り、意思に随った運動である。この運動を獲得するためには、ある行動と報酬の関連性を認知学習を通じて理解する必要がある。またその行動を行うかどうかは、外的状況や内的状況に対する価値判断を行ったうえで決定することになる。随意運動を実現するためには、大脳一次運動野だけでなく、高次運動野、線条体や小脳などを含む広域なネットワークが必要であることが、ヒトやサルの研究からわかっている。しかしこれらの領域のどの細胞群がどのようにシナプス結合して信号を受け渡ししているか、各細胞がどのようにシナプス可塑性を起こして、新しい情報表現を獲得しているのか、というネットワークの実体については技術的限界もあり、殆どわかっていない。

本研究室では、最先端のイメージング法や光遺伝学、電気生理学、分子生物学などを行うことが可能なマウス・ラットを用いて、認知学習、行動選択を含む随意運動の大脳情報表現を明らかにすることを目標に研究を行っている。2光子イメージング法を用いて、一度に数十～数百個の大脳神経細胞の活動をリアルタイムに計測し、運動関連細胞の挙動を解析している。光照射すると活性化するケイジド試薬という小分子化合物を細胞外液に投与したり、光照射すると細胞内外間にイオンを通すチャネルロドプシン2 (ChR2) やハロロドプシンというタンパク質を神経細胞に導入することで、シナプス活動や神経細胞活動を自在に操作し、神経ネットワーク活動と随意運動の間の因果律を調べている。特に運動を発現する前での神経細胞の持続的な活動やワーキングメモリといった短期記憶保持がどのような反響回路によって形成され、どのような情報を担っているのか、を明らかにしたいと考えている。

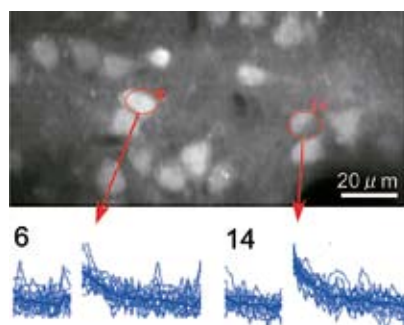


図 1. ChR2 発現細胞の 2 光子イメージングによる同定。ChR2 が一部の神経細胞で発現しているマウスの大脳皮質にカルシウム蛍光指示薬をロードした後の 2 光子イメージング像 (上図)。この大脳領域に青色レーザーを照射すると、ChR2 発現細胞だけが発火し、それを細胞内カルシウム上昇 (下図) として、2 光子イメージングで同定することが可能である。ここでは、No.6、No.14 の細胞がそれにあたる。

## 運動学習におけるシナプス構造・機能可塑性の研究

高等動物の学習・記憶の素過程は、神経細胞間の情報伝達の間であるシナプスの可塑性であると考えられている。特に興奮性シナプス後部の突起構造であるスパインの構造・機能が、記憶・学習が起こるときの刺激によって急速に変化し、それが維持されることが私たちのこれまでの研究によって明らかになった。そこで次にこのシナプス可塑性が、随意運動学習過程において、どのような神経回路のどの神経細胞をつなぐシナプスで起こるのかを明らかにする研究を始めている。特に運動学習には、認知学習とそれに続く熟練学習の 2 つの段階があり、それぞれの段階でどのようにシナプス構造・機能が変化するのかをリアルタイムで追跡する。また神経細胞に伝わった複数の情報が統合されるときには、シナプス活動の時空間分布が重要な役割を担っていると予想されており、この実体を 2 光子イメージングを使って明らかにしたいと考えている。

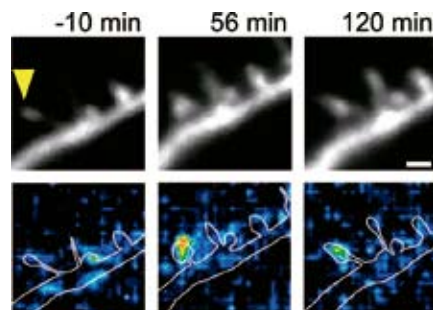


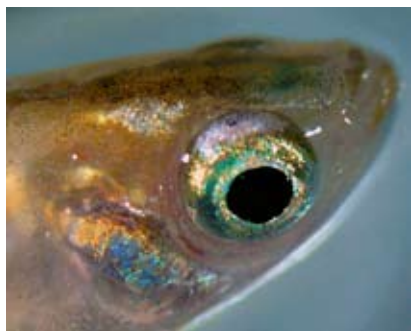
図 2. 単一シナプス可塑性の光学的誘発。2 光子励起法によるグルタミン酸投与を単一スパイン (黄色矢) に頻回投与すると、構造の肥大化 (上図) とグルタミン酸受容体の反応性 (下図、擬似カラー) の増強が起こり、それが 2 時間にわたって持続する (文献 5 より)。

### 参考文献

1. Matsuzaki, M., Hayama, T., Kasai, H., and Ellis-Davies, G.C.R. (2010). Two-photon uncaging of  $\gamma$ -aminobutyric acid in intact brain tissue. *Nat. Chem. Biol.* 6, 255-257.
2. Kantevari, S., Matsuzaki, M., Kanemoto, Y., Kasai, H., and Ellis-Davies, G.C.R. (2010). Two-color, two-photon uncaging of glutamate and GABA. *Nat. Methods* 7, 123-125.
3. Tanaka, J., Horiike, Y., Matsuzaki, M., Miyazaki, T., Ellis-Davies, G.C.R. and Kasai, H. (2008). Protein-synthesis and neurotrophin dependent structural plasticity of single dendritic spines. *Science* 319, 1683-1687.
4. Wang, H., Peca, J., Matsuzaki, M., Matsuzaki, K., Noguchi, J., Qiu, L., Wang, D., Zhang, F., Boyden, E., Deisseroth, K., Kasai, H., Hall, W.C., Feng, G., and Augustine G.J. (2007). High-speed mapping of synaptic connectivity using photostimulation in Channelrhodopsin-2 transgenic mice. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 104, 8143-8148.
5. Matsuzaki, M., Honkura, N., Ellis-Davies, G.C.R., and Kasai, H. (2004). Structural basis of long-term potentiation in single dendritic spines. *Nature* 429, 761-766.

教授  
松崎 政紀





視覚系研究のモデル動物としてのメダカ

## メダカの視覚

魚類は、視覚系を高度に発達させた動物である。生殖行動、逃避行動、摂食行動など様々な場面で、視覚システムが利用されている。当研究室では、視覚システム研究のモデル系として、日本で開発が進められたモデル動物であるメダカを活用している。最近では、メダカのオープンフィールドテストの開発を通じて、視覚情報による空間学習の存在を明らかにした。また、視覚システムによるミジンコ捕獲のメカニズムの数理モデル化（ピンクノイズ仮説）にも成功している（図1）。計算機によるバーチャルプランクトンシステムは、視覚研究の新しい地平を開くと考える。

## ヒトの視覚

私たちヒトも、視覚系を高度に発達させた動物である。当研究室では、メダカの視覚系に加えてヒトの視覚系の研究も進めている。ヒトについては、錯視などによる心理物理学的なアプローチ、及び、数理モデル化を試みている。最近では、ケバブ錯視と呼ぶ新規の錯視を発表、また、視覚認知の新仮説である『デルタモデル』を提案している。

## 脳のナトリウムセンサー

統合神経生物学研究部門との共同研究。Naxは永らく機能不明のチャンネル分子であった。当研究室では、遺伝子欠損マウスを開発、解析し、Naxは脳でナトリウム濃度を検出しているセンサーチャンネル分子であることを明らかにした。細胞外ナトリウム濃度依存性のチャンネル分子の発見は、これが世界で初めての例である。

さらに解析を進めたところ、Naxはグリアに発現しており、グリアの代謝活動を介してニューロン活動を制御していることが判明した。現在、この新しく見いだされたニューロン-

情報ネットワークを張り巡らせているニューロンの電気化学的活動。そして、ニューロンを支えているグリアネットワークの代謝活動。これら細胞ネットワークによる高度な情報処理が、動物の心と行動の基盤となっている。当研究室では、情報ネットワーク、及びソフトウェアとしての神経メカニズムに着目し、動物個体レベルでの神経生物学研究を展開している。

グリア相互作用（乳酸仮説）について解析を進めている。

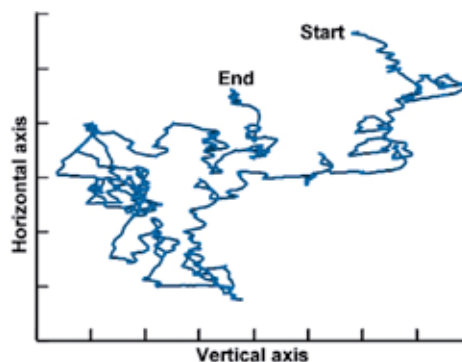


図1. ミジンコのモーション解析

メダカの被食者であるミジンコの運動解析。計57秒間の軌跡をプロットしている。数理解析の結果、ミジンコの運動はフラクタル構造を持つピンクノイズであることが判明した。メダカは計算機が合成した人工ミジンコへの摂食行動を示した。

## 参考文献

1. Watanabe, E., Fujikawa, A., Matsunaga, H., Yasoshima, Y., Sako, N., Yamamoto, T., Saegusa, C., and Noda, M. (2000). Nav2/NaG channel is involved in control of salt-intake behavior in the CNS. *J. Neurosci.* 12, 7743-7751.
2. Hiyama, T.Y., Watanabe, E., Ono, K., Inenaga, K., Tamkun, M.M., Yoshida, S., and Noda, M. (2002). Nax channel involved in CNS sodium-level sensing. *Nature Neurosci.* 5, 511-512.
3. Watanabe, E., Hiyama, T.Y., Shimizu, H., Kodama, R., Hayashi, N., Miyata, S., Yanagawa, Y., Obata, K., and Noda, M. (2004). Sodium-level-sensitive sodium channel Nax is expressed in glial laminate processes in the sensory circumventricular organs. *Am. J. Physiol.* 290, R568-R576 (2006).
4. Shimizu, H., Watanabe, E., Hiyama, T.Y., Nagakura, A., Fujikawa, A., Okado, H., Yanagawa, Y., Obata, K., and Noda, M. (2007). Glial Nax channels control lactate signaling to neurons for brain [Na<sup>+</sup>] sensing. *Neuron* 54, 59-72.
5. Watanabe, E., Matsunaga, W., and Kitaoka, A. (2010). Motion signals deflect relative positions of moving objects. *Vision Research* 50, 2381-2390

准教授  
渡辺 英治



NIBB リサーチフェロー  
中易 知夫

特別協力研究員  
松永 渉  
青野 幸子



# 何がどうかわることによって進化するのか

全ての生物は約40億年前に生じた一つの祖先生物から進化してきた。そして、現生生物に見られる多様性は、40億年間に蓄積した突然変異によって引き起こされた。従って、生物進化の痕跡は現生生物のゲノム上に記されているはずだ。では、ゲノムのどこがどう変わることによって進化がおこるのか？従来の進化学では解けなかった問題を、ゲノムという古文書の中から、遺伝子工学という技術を用いて実験的に探り出す。これが我々の近未来的ミッションである。さらに、とりとめもなく多様に見える進化を、包括的、総合的に説明する一般原則を明らかにしたい。自然選択や中立進化に匹敵するような新しい進化パラダイムは存在するのだろうか。それを探るのが我々の究極のミッションである。

## Members

教授

長谷部 光泰

准教授

村田 隆

助教

日渡 祐二

玉田 洋介

技術課技術職員

壁谷 幸子

NIBB リサーチフェロー

眞野 弘明

博士研究員

石川 貴章

石川 雅樹

今井 章裕

大島 一正

岡本 治子

久保 稔

程 朝陽

永島 明知

野澤 昌文

総合研究大学院大学

大学院生

青山 剛士

福島 健児

Chen Li

市川 俊輔

菅谷 友美

技術支援員

青木 栄津子

安藤 沙有里

市川 倫子

伊藤 由紀子

大井 祥子

大島 真澄

柿木 理恵子

梶川 育見

後藤 みさ子

後藤 美穂

小原 真由子

西 多代

馬場 奈弓

平松 美佳

深田 初美

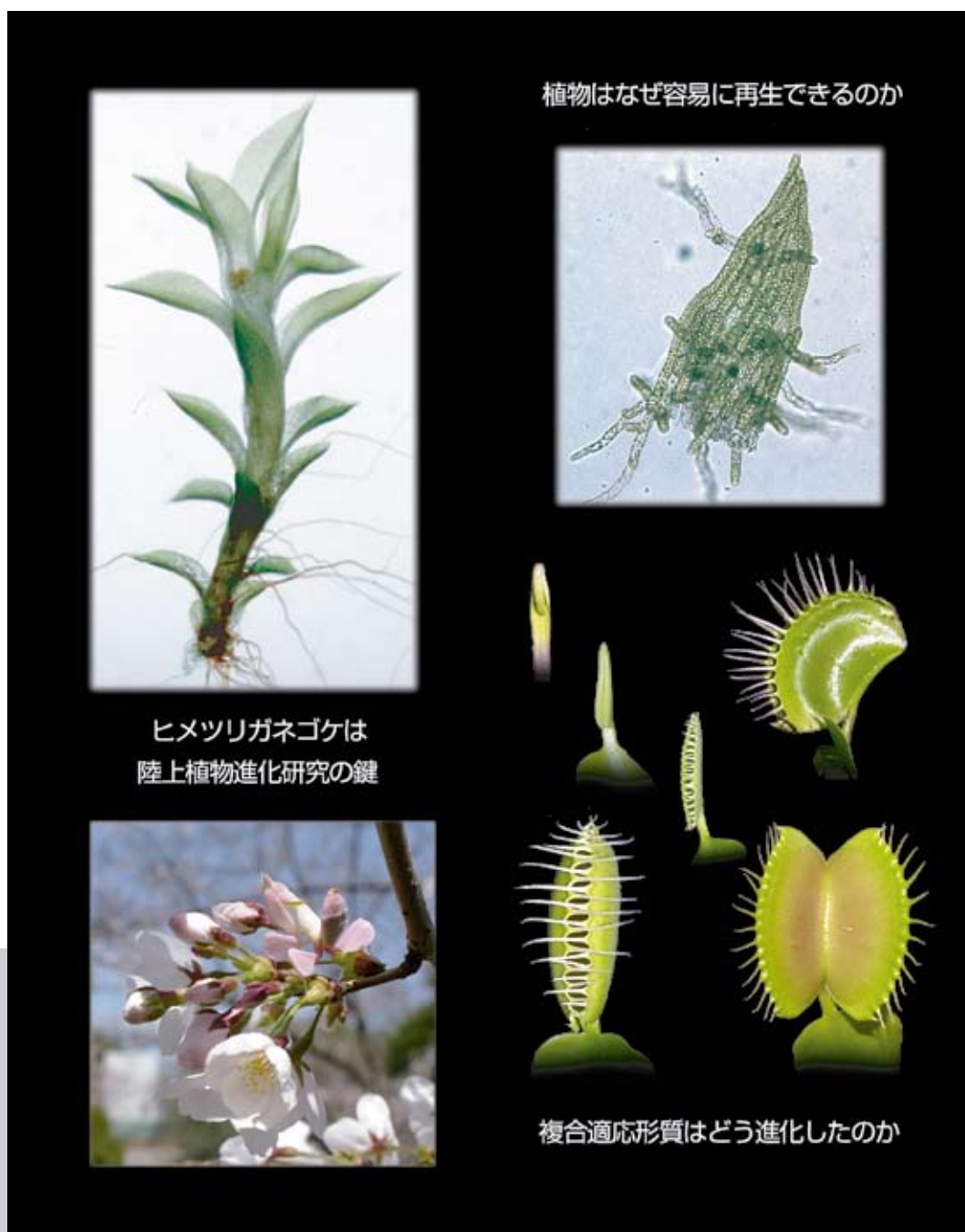
榎岡 朋子

若月 幸子

鷲尾 みどり

事務支援員

小島 洋子





## 動物細胞と植物細胞の違いはどうして生じたのか

細胞の基本的性質の違いは、多細胞生物の違いを生み出す源である。細胞分裂・伸長は微小管をはじめとする細胞骨格系によって制御されている。動物細胞の微小管は中心体から形成されるが、植物細胞には中心体が見つからず、どこから微小管ができるか謎だった。我々は、植物では微小管が既存の微小管上から生じるという、常識外の発見をした。つまり、中心体が無くても、「種」になる微小管があれば、そこから新しい微小管を作りだせるのだ。この植物特有の微小管形成様式の違いが細胞分裂様式など、他の植物細胞特有の現象にどう関与しているのかを調べている。

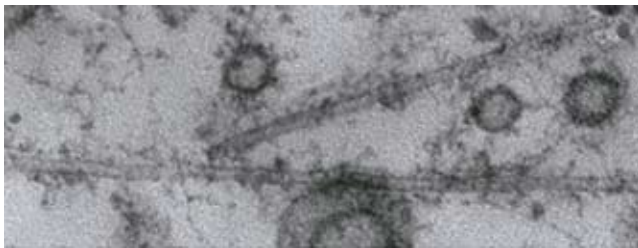


図1. タバコ培養細胞抽出液中で作らせた、分岐する微小管

## 生物はどうして複雑になったのか

幹細胞は器官や組織の元になる細胞である。多様な幹細胞を異なった時期に作り出すことにより生物は複雑化してきた。従って、異なった幹細胞を作り出す分子機構解明は、生物の複雑性がどう進化したかを解明する鍵となる。我々は、いくつかの転写因子や細胞記憶を司るポリコム遺伝子群が幹細胞多様化に関わっていることを明らかにし、現在、その制御ネットワークと進化過程解明を目指している。



図2. ヒメツリガネゴケのポリコム遺伝子破壊体1倍体幹細胞が2倍体幹細胞へと転換し、野生型でできる茎葉体(左ページ左上図)に変わって、このような構造体が形成される。

## 陸上植物の形の進化はどんな遺伝子の進化によって生じたか

陸上には多様な形態を持った植物群が存在している。しかし、花の咲く植物以外には遺伝子工学を用いた研究のできる実験材料が無く、形作りの遺伝子の進化を調べることが困難だった。我々は、コケ植物ヒメツリガネゴケの遺伝子操作系確立、ゲノム解読を通して、形態的多様性を引き起こした形態形成遺伝子制御ネットワークの進化を研究している。花や

茎葉がどう進化したかなどが明らかになってきた。

## 複合適応形質の進化

生き物のいろいろな形質の中には、複数の形質進化が積み重なることによって初めて適応的となり、未完成な段階では適応的ではなく、かえって生存に不利な形質が多々見受けられる。例えば、昆虫の食草転換は幼虫が新しい食草を食べられるようになる進化と親が新しい食草に産卵するような進化がともに起こらなければ進化しない。どうしてこんなことが起こるのだろうか。また、食虫植物もそうである。捕虫葉、消化酵素、吸収機構が全てそろわなければ適応的ではない。ランカマキリの擬態もそうである。行動、色、形、これらがそろってこそ擬態になる。これらの複合適応形質がどのように進化したのかを解明する第一段階として、これらの形質を作り出す分子機構の解析を行っている。



図3. クルミホソガの幼虫の食痕

## 植物はなぜ簡単に再生できるのか

ほとんどの動植物は再生能力が低い。ところが、ヒメツリガネゴケは葉を切断し、水に浸けておくだけで、24時間ほどの間に葉細胞が幹細胞へと転換し、再生を開始する。どうして、いとも容易く幹細胞化がおこるのか。再生過程における遺伝子ネットワーク解明を通して、この問題に挑戦している。

### 参考文献

1. Banks, J.A., Nishiyama, T., Hasebe, M. *et al.* (2011). The Selaginella genome identifies genetic changes associated with the evolution of vascular plants. *Science* 332, 960-963.
2. Okano, Y., Aono, N., Hiwatashi, Y., Murata, T., Nishiyama, T., Ishikawa, T., Kubo, M., and Hasebe, M. (2009). A polycomb repressive complex 2 gene regulates apogamy and gives evolutionary insights into early land plant evolution. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106, 16321-16326.
3. Rensing, S.A., *et al.* (2008). The *Physcomitrella* genome reveals evolutionary insights into the conquest of land by plants. *Science* 319, 64-69.
4. Maizel, A., Busch, M.A., Tanahashi, T., Perkovic, J., Kato, M., Hasebe, M., and Weigel, D. (2005). The floral regulator LEAFY evolves by substitutions in the DNA binding domain. *Science* 308, 260-263.
5. Murata, T., Sonobe, S., Baskin, T.I., Hyodo, S., Hasezawa, S., Nagata, T., Horio, T., and Hasebe, M. (2005). Microtubule-dependent microtubule nucleation based on recruitment of gamma-tubulin in higher plants. *Nat. Cell Biol.* 7, 961-968 (issue Cover).

教授  
長谷部 光泰



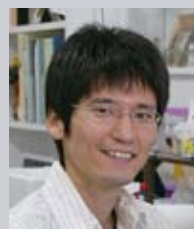
准教授  
村田 隆



助教  
日渡 祐二

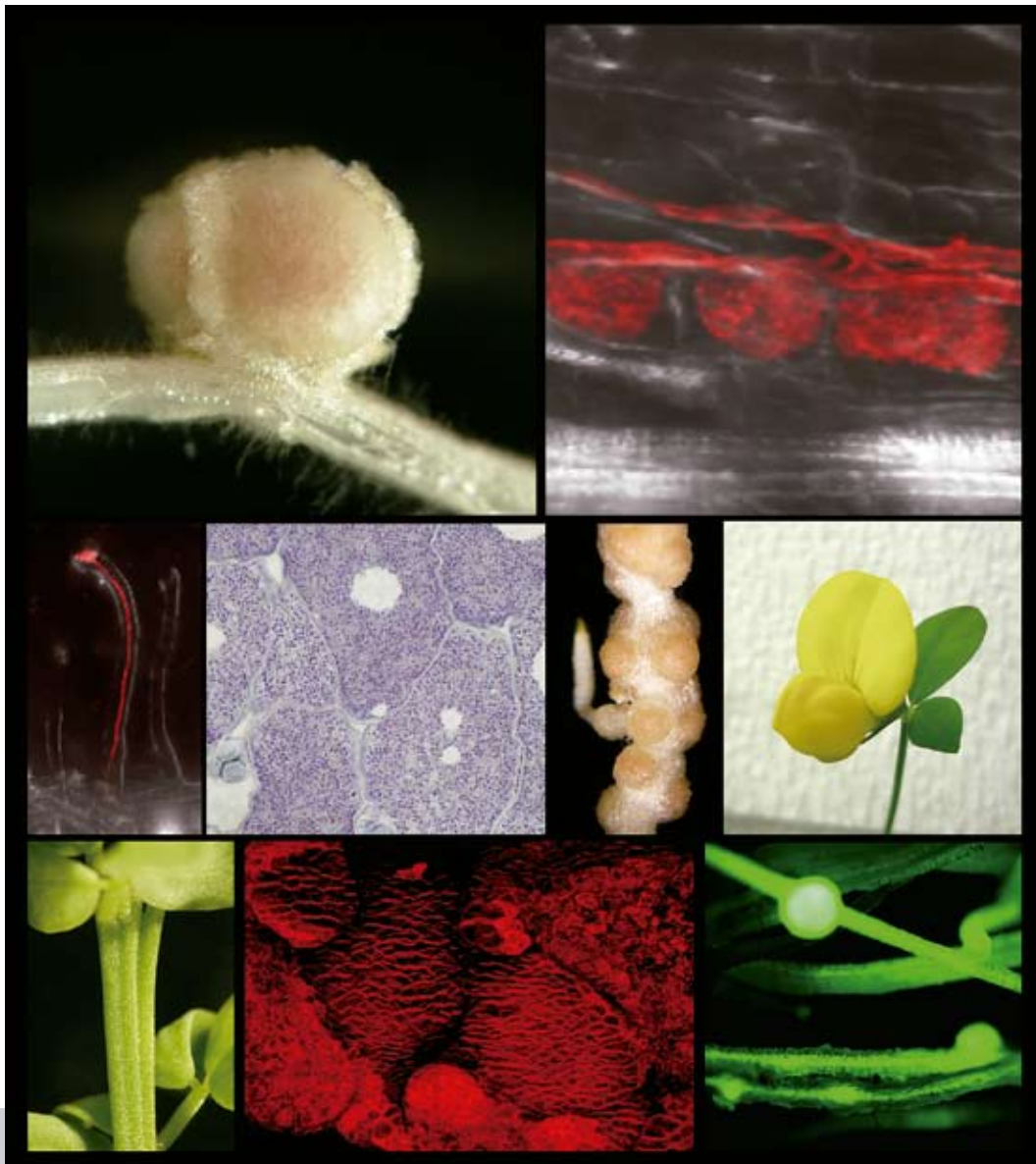


助教  
玉田 洋介



# 植物と微生物の共生の仕組みを解き明かす

マメ科植物は土壌細菌である根粒菌と植物由来の器官である根粒を介して共生しており、根粒菌のもつ窒素固定能を利用することで窒素源を得ている。それに対し、根粒菌は窒素固定を行うためのエネルギー源として植物から光合成産物の供給を受けている。また、多くの陸上植物は根に樹枝状体と呼ばれる構造を形成するアーバスキュラー菌根菌と共生しており、リンなどの栄養源の供給を受けている。本部門ではマメ科のモデル植物であるミヤコグサを用いて、植物と微生物の相互作用、根粒共生、アーバスキュラー菌根共生の分子基盤の解明を目指した研究を行っている。



## Members

教授  
川口 正代司

助教  
武田 直也  
壽崎 拓哉

技術課技術職員  
田中 幸子

NIBB リサーチフェロー  
岡本 暁

博士研究員  
矢野 幸司  
藤田 浩徳  
半田 佳宏  
宮澤 日子太

総合研究大学院大学  
大学院生  
高原 正裕  
中島 迪子  
佐々木 武馬  
養老 瑛美子

事務支援員  
三城 和子

## 根粒形成という発生プログラム

根粒形成過程では、根粒菌の感染を契機に宿主植物のこれまで分化した組織であった根の皮層細胞が脱分化し、根粒原基形成に向けた新たな発生プログラムが実行される(図1)。本部門では、遺伝学・細胞生物学的アプローチにより、この脱分化と根粒原基形成の仕組みを明らかにするための研究を進めている。得られた知見を手がかりに、植物に特徴的な発生プログラムの基本原理を理解したいと考えている。

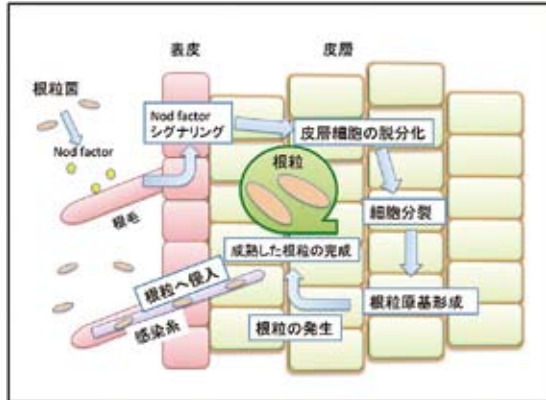


図1. 根粒形成過程の概要

## 根-シュート間の遠距離シグナル伝達を介した根粒形成の全身的なフィードバック制御

根粒は植物に窒素源を供給する優れた器官である反面、その形成や維持には多くの炭素源が消費されている。そのため、植物は根粒の数を適正にコントロールしている。本部門では、これまで、根粒数が増加する突然変異体を用いた遺伝学的な解析により、根粒数が根-シュート間の遠距離シグナル伝達

を介した全身的なフィードバック機構により制御されていることを明らかにしてきた。現在、根からシュートへ移動する遠距離シグナルの候補である CLE ペプチド、その受容体候補である HAR1, KLV, および根で機能する TML, PLENTY の解析を行っており、根粒形成の全身的なフィードバック制御の全容解明を目指している(図2)。

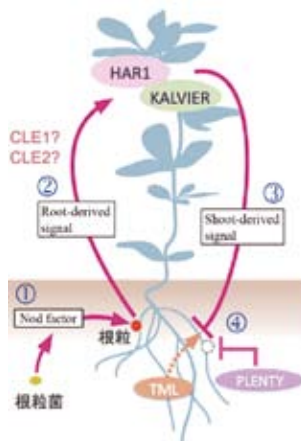


図2. 根粒形成の全身的なフィードバック制御機構のモデル図

## 菌根共生システムを司る共生因子の同定と解析

アーバスキュラー菌根共生は根粒共生の起源となった植物-微生物間相互作用として知られており、根粒共生と共通する多くの遺伝子・機構を有している。しかし、この菌根共生

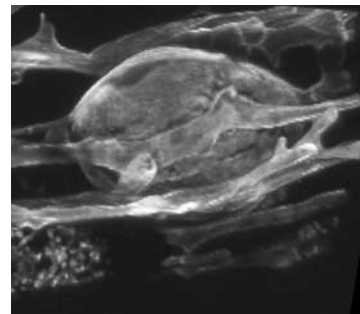


図3. 菌根共生時に形成される、のう状体共焦点レーザー顕微鏡で画像取得後、画像を3次元構築している。

システムに関する知見はほとんど得られておらず、共生成立を司る共生因子の同定が望まれている。本部門ではこの共生システムを構成するシグナル伝達因子の同定を目指して、遺伝学・逆遺伝学的手法を用いて研究を行っている。

## 植物パターン形成の数理生物学的解析

根粒形成、茎頂分裂組織形成、葉脈パターンなどの植物のパターン形成の機構を、分子レベルでの知見に基づいて数理モデルを構築し、数理生物学的な手法により現象の理解、検証を試みている。

### 参考文献

- Nishimura, R., Hayashi, M., Wu G-J, Kouchi, H., Imaizumi-Anraku, H., Murakami, Y., Kawasaki, S., Akao, S., Ohmori, M., Nagasawa, M., Harada, K., and Kawaguchi, M. (2002). HAR1 mediates systemic regulation of symbiotic organ development. *Nature* 420, 426-429.
- Saito, K., Yoshikawa, M., Yano, K., Miwa, H., Uchida, H., Asamizu, E., Sato, S., Tabata, S., Imaizumi-Anraku, H., Umehara, Y., Kouchi, H., Murooka, Y., Szczyglowski, K., Downie, JA., Parniske, M., Hayashi, M., and Kawaguchi, M. (2007). NUCLEOPORIN85 is required for calcium spiking, fungal and bacterial symbioses, and seed production in *Lotus japonicus*. *Plant Cell* 19, 610-624.
- Okamoto, S., Ohnishi, E., Sato, S., Takahashi, H., Nakazono, M., Tabata, S., and Kawaguchi, M. (2009). Nod factor/nitrate-induced CLE genes that drive HAR1-mediated systemic regulation of nodulation. *Plant Cell Physiol.* 50, 67-77.
- Miyazawa, H., Oka-Kira, E., Sato, N., Takahashi H., Wu, GJ., Sato, S., Hayashi, M., Betsuyaku, S., Nakazono, M., Tabata, S., Harada, K., Sawa, S., Fukuda, H., and Kawaguchi, M. (2010). A receptor-like kinase, KLAVER, mediates systemic regulation of nodulation and non-symbiotic shoot development in *Lotus japonicus*. *Development* 137, 4317-4325.
- Fujita, H., Toyokura, K., Okada, K., and Kawaguchi, M. (2011). Reaction-diffusion pattern in shoot apical meristem of plants. *PLoS One* 6, e18243.

教授  
川口 正代司

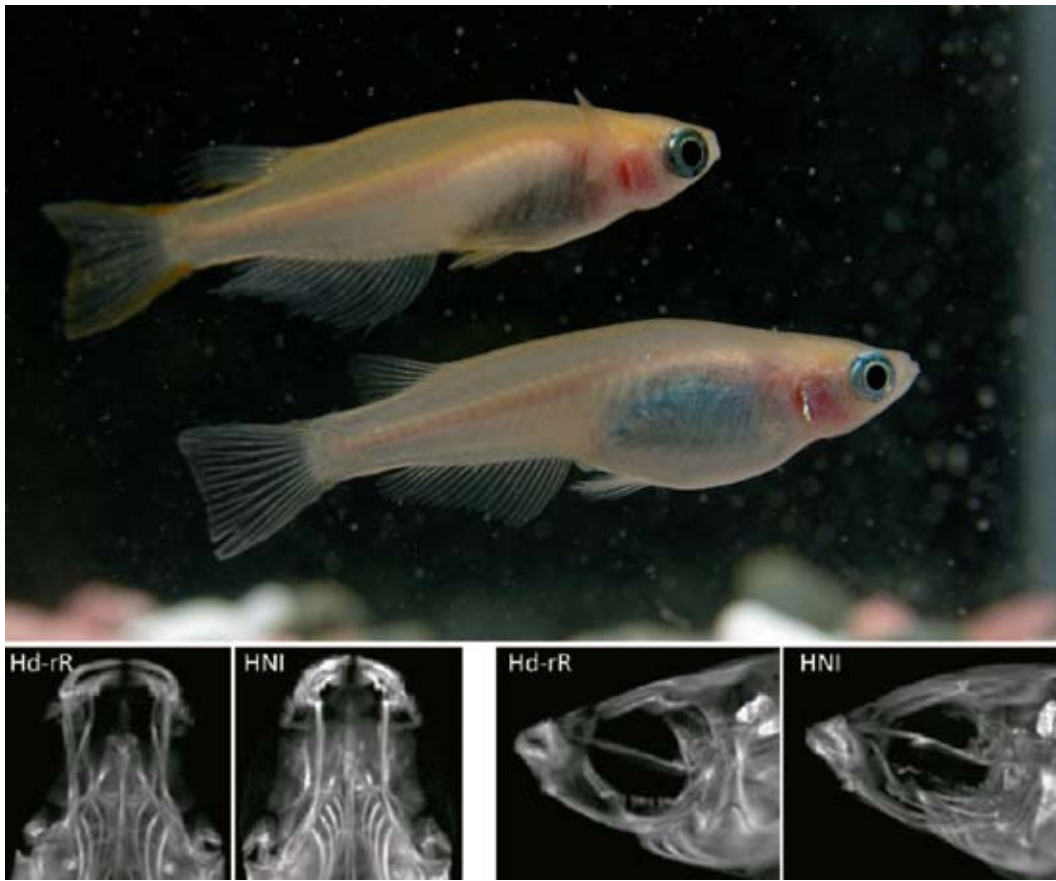
助教  
武田 直也

助教  
壽崎 拓哉



# 量的形質の遺伝要因の解明とリソース開発

メダカは日本発のモデル動物として現在では世界各国で利用されている。モデル生物としてのメダカの特徴として野生集団の特徴を受け継いだ 10 系統あまりの近交系がある。我々の研究室ではこの近交系を用いて、量的形質のゲノム基盤を明らかにすることを目的として研究を行っている。また性決定システムをモデルとしてメダカ近縁種間の形質変化を司るゲノム配列を同定することで、進化の過程で起きる形質変化がどのようなゲノム構造の変化によって引き起こされるのかという点に注目して研究を進めている。さらに、始原生殖細胞の移動に関する突然変異体の原因遺伝子をポジショナルクローニング法によって同定することで、生殖細胞の移動の分子メカニズムに関する研究も行っている。メダカゲノムリソースの開発としては完全長 cDNA シークエンスプロジェクトを推進するとともに、ゲノム多型を明らかにするため次世代シーケンサーを用いた近交系リシーケンシングプロジェクトも開始した。また 2007 年より開始された第 2 期 NBRP Medaka を担う研究室として、メダカバイオリソースの収集・保存・配布事業もおこなっている。



ゲノム配列を決定したメダカ近交系 Hd-rR 系統と近交系の X 線 CT 像  
メダカ近交系は形態、行動、生理的性質など様々な系統特異的な形質をもっている。この形質多様性を QTL 解析することで、それを担う染色体領域を特定し、さらに染色体置換系統を用いることで形質の多様性を担うゲノム基盤を明らかにすることができる。

## Members

准教授  
成瀬 清

NIBB リサーチフェロー  
木村 哲晃

博士研究員  
笹土 隆雄  
竹花 佑介  
中本 正俊  
奥山 輝大  
柴田 安司  
関 桂君

研究員  
金子 裕代  
原 郁代  
吉村 ゆり子

技術支援員  
小池 ゆかり  
鳥居 直子  
味岡 理恵  
小池 知恵子  
手嶋 祐子  
柴田 恵美子  
高木 千賀子  
石川 裕恵

事務支援員  
鈴木 登貴子

## メダカ近交系を用いた量的形質の解析

メダカ近交系は様々な系統特異的な形質をもつ。我々は脊椎骨数、顔貌のような形態の多様性を中心に、これらの形質を担う染色体領域を QTL マッピングにより明らかにしてきた。染色体領域が明らかになった形質については、染色体置換系統を作成することでさらに領域を絞り込み、最終的にはどのようなゲノム配列の違いが形質の量的な違いをもたらすのかを明らかにすることを目指し研究を進めている。そのためスピードコンジェニック法により迅速に染色体置換系統を作成する方法の開発や高速な遺伝子タイピングシステムの開発も行っている。

## メダカ属魚類の性決定システムの進化

メダカ属魚類は大きく 3 つの単系統群 (祖先を共有するグループ) に分けられる。我々はこれらの単系統群を *latipes*

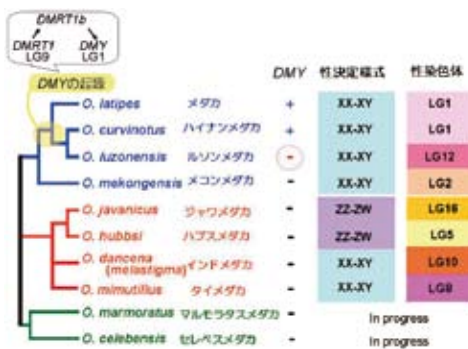


図 1. メダカ属魚類の系統関係と性決定システムの進化

グループ、*javanicus* グループ、*celebensis* グループと命名した。メダカで発見された性決定遺伝子 *DMY* はこれらメダカ属の中ではメダカとハイナンメダカのみでしか保存されていないことが明らかとなった。他のメダカ近縁種の性決定機構と性染色体を同定したところ、解析した全ての種が異なる性染色体を持つことが明らかとなった (図 1 参照)。現在は近縁種 BAC ライブラリー作成し、ポジショナルクローニング法をもちいて、新規性決定遺伝子の同定を行っている。

## 生殖細胞の移動に関する突然変異体の解析

始原生殖細胞 (PGC) は生命の連続性を担保するという重要な機能をもつ。PGC は胚体内で長い距離を移動するという特徴を持つがこの分子メカニズムの詳細は明らかではない。そこで以前おこなわれた大規模な突然変異体作製プロジェクトの際に同定された PGC の移動に関する突然変異体 (*kamigamo*, *shimogamo*, *naruto*, *kazura* and *yanagi*) の原因遺伝子をポジショナルクローニング法により明らかにするとともに、in situ hybridization による発現解析、変異体と野生型間の細胞移植等の方法を駆使することで PGC 移動の

分子機構に関する包括的理解を進める研究を行っている。

## メダカバイオリソースプロジェクトの推進

基礎生物学研究は 2007 年から始まった第 2 期メダカバイオリソースプロジェクトの中核機関として選定された。



図 2. メダカバイオリソースプロジェクトで提供しているメダカ系統  
近交系 Hd-r, actin-Ds-Red 遺伝子導入系統、半透明メダカ Quintet

我々はこのプロジェクトを推進するための中心研究室の役割を担っている。突然変異体、遺伝子導入系統、近縁種等 600 を越える系統についてライブ及び凍結精子として保存すると共に、リクエストに応

じて提供をおこなっている (図 2 参照)。また、メダカゲノムの 90% 程度を覆う BAC/Fosmid クローン、35 万の cDNA/EST クローンも保存・提供をおこなっている。2010 年からは TILLING 法 (Targeting Induced Local Lesion. IN Genomes) によって作製された突然変異体の同定システムを共同利用研究者に提供することで、逆遺伝学的手法による解析の普及を推進している。

## 参考文献

1. Kasahara, M., Naruse, K., Sasaki, S., *et al.*, (2007). The medaka draft genome and insights into vertebrate genome evolution. *Nature* 446, 714-719.
2. Sasado, T., Yasuoka, A., Abe, K., *et al.*, (2008). Distinct contributions of CXCR4b and CXCR7/RDC1 receptor systems in regulation of PGC migration revealed by medaka mutants *kazura* and *yanagi*. *Dev. Biol.* 320, 328-339.
3. Sasado, T., Tanaka, M., Kobayashi, K., *et al.*, (2010). The National BioResource Project Medaka (NBRP Medaka): An Integrated Bioresource for Biological and Biomedical Sciences. *Experimental Animals* 59, 13-24.
4. Kimura, T., and Naruse, K. (2010). M-marker 2009, a marker set for mapping medaka mutants using PCR length polymorphisms with an automated microchip gel electrophoresis system. *Biotechniques* 49, 582-583.
5. Kato, M., Takehana, Y., Sakaizumi, M., and Hamaguchi, S. (2010). A sex-determining region on the Y chromosome controls the sex-reversal ratio in interspecific hybrids between *Oryzias curvinotus* females and *Oryzias latipes* males. *Heredity* 104, 191-195.

准教授  
成瀬 清





複雑な曲線を描くチョウのハネの輪郭

チョウの翅は、単層上皮の袋が封筒のようにたたまれたものであり、幾何学的構造および構成細胞の種類のシンプルさゆえに、形態形成過程を考えるのに適した材料である。この系を使って、成虫翅の輪郭形成過程および、その周辺のメカニズムを調べている。

鱗翅目昆虫（チョウやガ）の翅は、幼虫期に成虫原基の形で準備されているものが、蛹の期間に大きく面積を拡大するとともに、その輪郭の形も変化して成虫の翅として完成する。たとえばアゲハチョウの尾状突起も、このようにして蛹の期間に形作られる。この輪郭の変化が、脊椎動物の指の形成過程で知られるアポトーシス（プログラムされた細胞死）と類似のしくみによって引き起こされていることを既に報告した。すなわち、蛹の翅の周縁部に境界線ができ、その外側が急速に細胞死を起こす一方、内側が鱗粉形成などの分化をして、成虫の翅が完成するのである。

アポトーシスをおこした細胞は、翅を作っている2枚の細胞シート（上皮）の間にあるマクロファージによって速やかに貪食・除去される。その後分かったところでは、細胞死の時期の前後で、境界線の内側でだけ翅の2枚の上皮間の接着が強くなってマクロファージが入り込めなくなり、その結果、細胞死を起こす部分にマクロファージが濃縮されて、死んだ細胞の貪食が効率よく行われるようになっているらしい。

翅の形態形成の過程では、気管およびトラキオール（毛細気管）が何度も進入して、空気供給をおこなうとともに、翅脈の配列や斑紋パターンを形作る因子として作用しているらしい。一部の気管の走行が、上記の細胞死の境界線と重なっていることから、この過程にも注目し、終令幼虫から蛹をへて成虫にいたる過程で、気管やトラキオールの変化を、光顕・電顕を併用して詳細に観察している。このような研究は、翅脈依存性の斑紋パターンのなりたちを研究する基礎としても重要である。

このほかに、光学顕微鏡・電子顕微鏡などの経験を生かして、所内の部門等と共同研究を行っている。情報・戦略室准教授

を兼任しているため、主にこのような共同研究の形で研究所の研究活動に寄与していきたいと考えている。

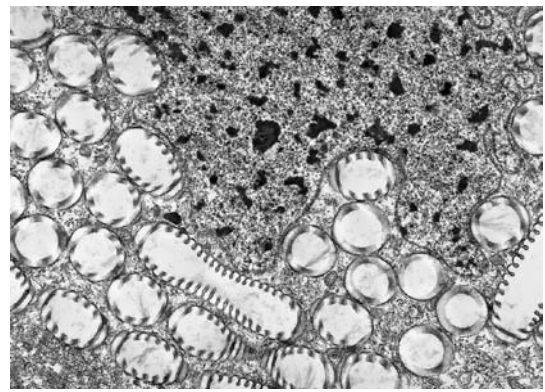


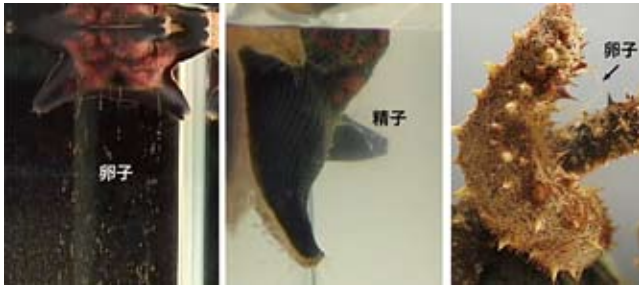
図1. トラキオール（毛細気管）細胞の透過型電子顕微鏡観察像  
細胞内に既に形成されているトラキオールの断面が多数見える。細胞が移動するにつれて、その後ろにトラキオールが伸びていく。

#### 参考文献

1. Kodama, R., Yoshida, A., and Mitsui, T. (1995). Programmed cell death at the periphery of the pupal wing of the butterfly, *Pieris rapae*. *Roux. Arch. Dev. Biol.* 20, 418-426.
2. Watanabe, E., Hiyama, T. Y., Shimizu, H., Kodama, R., Hayashi, N., Miyata, S., Yanagawa, Y., Obata, K., and Noda, M. (2006). Sodium-level-sensitive sodium channel *Nax* is expressed in glial laminate processes in the sensory circumventricular organs. *Am. J. Physiol.* 290, R568-576.
3. Kusaka, M., Katoh-Fukui, Y., Ogawa, H., Miyabayashi, K., Baba, T., Shima, Y., Sugiyama, N., Sugimoto, Y., Okuno, Y., Kodama, R., Iizuka-Kogo, A., Senda, T., Sasaoka, T., Kitamura, K., Aizawa, S., and Morohashi, K. (2010). Abnormal epithelial cell polarity and ectopic epidermal growth factor receptor (EGFR) expression induced in *Emx2* KO embryonic gonads. *Endocrinology* 151, 5893-5904.

准教授  
児玉 隆治





GSS 投与で誘発されたイトマキヒトデの産卵・放精 クビフリン投与で誘発されたマナマコの産卵

## 生殖腺刺激ホルモンの精製、同定、解析

まず我々は、イトマキヒトデ放射神経抽出物中に存在することが分かっていた生殖腺刺激ホルモン (Gonad Stimulating Substance; GSS) を精製し、そのアミノ酸配列を決定する事に成功した。このホルモンは、インスリン族のペプチドで、脊椎動物で見出されていたリラキシン亜族と、相同性があることが分かった。これを化学合成し、取出した卵巣に投与したところ、卵の最終成熟が誘起された。また、成体への投与により、産卵・放精行動が誘起され、産卵・放精にまで至った。

更に、相同性の検索から、アメリカムラサキウニにも、リラキシン様ペプチドを見出すことに成功し、キタムラサキウニ、エソバフンウニ、バフンウニ、アカウニ、ムラサキウニの放射神経 cDNA から、相同性の高い分子種を同定することができた。

ヒトデ、ウニともに、このリラキシン様遺伝子の発現は、神経組織で極めて高く、また、発現レベルは一年を通してあまり変化がないことが分かった。このことから、分泌の制御が生殖時期の制御に重要であると考えられる。

また、インスリン族の遺伝子は、腔腸動物から脊椎動物や節足動物に至るまで、広く存在していることが知られているが、脊椎動物に見られるインスリン/IGF 亜族と、リラキシン亜族のそれぞれに相同性を持つ遺伝子が、棘皮動物でも存在していることが明らかとなった。

マナマコについても、神経抽出物中に存在することがわかっていて卵成熟誘起因子について、やはり精製を行い、そのアミノ酸配列を決定することに成功した。このペプチドは、5 残基からなるアミド化ペプチドで、僅か 10-9M の濃度で卵の最終成熟および産卵・放精の誘起活性が見られた。更に、その発現は、神経で極めて高く、周年変化はあまり見られないこともわかり、イトマキヒトデ GSS と同様に、分泌制御

脊椎動物では、生殖システムの制御因子として、数多くのホルモンが単離同定され、それらの作用機構や階層性の解析が進んでいるが、無脊椎動物において、それらが同定・解析されている例は多くない。我々は、水産無脊椎動物のうち、イトマキヒトデ、アカウニ、マナマコ、マガキなどを対象として、生殖システムを制御しているホルモンの同定と解析を行うとともに、それらの多様性と共通性の解明を目指している。

の解明が、生殖時期制御の解明に重要であると考えられる。(文献 2)

マガキにおいても、神経抽出物が産卵誘発活性を持つことを確認することができたため、精製を行っている。

## 神経分泌ペプチドの網羅的解析

イトマキヒトデ、マナマコ、アカウニ、マガキの神経組織中に、配偶子成熟や産卵行動を誘発するペプチド/タンパク成分が含まれていることを見出すことができたため、因子の同定を迅速化する目的から、対象種に対して、神経組織の EST 解析を行い、発現遺伝子のデータベースを構築した。特に、予想アミノ酸配列から、分泌ペプチドと考えられる発現遺伝子については、それらの全長配列を決定した。更に、神経抽出物中のペプチドを質量分析機で解析したデータを、構築した EST データベースと照合することで、生殖ホルモンの候補ペプチドとその遺伝子を得ることができた。現在、それらのペプチドを化学合成し、生理活性の検証を行っている。

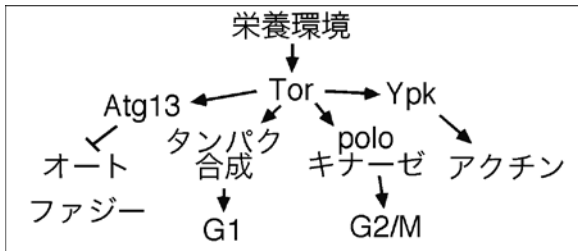
今回、発現・翻訳されている神経分泌ペプチドのデータベースと、それらの化学合成ストックを得ることができたので、今後、対象種における神経分泌ペプチドの研究を活性化する目的で、データベースを公開すると共に、希望する研究者には、合成ペプチドストックの配布を行っていきたいと考えている。

## 参考文献

1. Fujiwara, A., Unuma, T., Ohno, K., and Yamano, K. (2010). Molecular characterization of the major yolk protein of the Japanese common sea cucumber (*Apostichopus japonicus*) and its expression profile during ovarian development. *Comp. Biochem. Physiol. Mol. Integr. Physiol.* 155, 34-40.
2. Fujiwara, A., Yamano, K., Ohno, K., and Yoshikuni, M. (2010). Spawning induced by cubifrin in the Japanese common cucumber *Apostichopus japonicus*. *Fisheries Science* 76, 795-801.

助教  
大野 薫





Tor 経路は栄養シグナルを感知し、さまざまな生命活動を制御している

「腹が減っては戦ができぬ」の諺を生物学的に言い換えると「栄養源は生命活動になくなくてはならない」となる。つまり、栄養環境に対する受容と応答は、最重要の細胞内生命現象である。その任務を担うのが Tor (Target of rapamycin) 複合体で、栄養シグナルを感知し多岐に亘る現象を統括している。当研究グループは、真核細胞のモデル系・出芽酵母を用いて、新規 Tor シグナル経路を発掘してきた。

## Tor を介したオートファジー誘導メカニズム

細胞内リサイクルシステム・オートファジーは、栄養飢餓環境下、Tor 複合体 1 (TORC1) 不活性化を伴って誘導される。オートファジーに必須なプロテインキナーゼ Atg1 はいくつかの Atg タンパク質と複合体を形成しているが、その 1 つ Atg13 は TORC1 によりリン酸化される。リン酸化型 Atg13 は Atg1 との結合能を失うので、TORC1 は Atg13 のリン酸化を通じてオートファジーを負に制御していることが明らかになった (文献 5)。

また、わたしたちは、Atg13 のリン酸化サイトを決定し、脱リン酸化型 Atg13 変異体を作成した。この変異体を発現させると、栄養環境に依らないオートファジー誘導が見られることを発見した (図 1)。これにより、TORC1-Atg13 経路がオートファジー誘導・抑制を担っていることが明らかとなった (文献 1,2)。

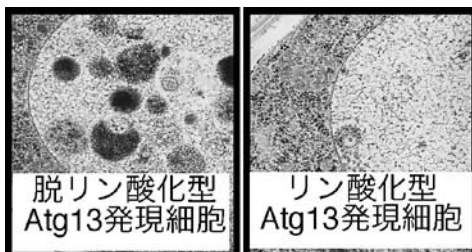


図 1. 脱リン酸化型 Atg13 によるオートファジー誘導  
脱リン酸化型 Atg13 を発現させるとオートファジーによる細胞成分の分解が見られる (左)。一方、リン酸化型 (野生型) を発現させてもオートファジーは誘導されない (右)。

## 新規の細胞周期制御に関与する Tor 経路

TORC1 がタンパク質合成の制御を介して、細胞周期 G1 期をコントロールすることは広く知られている。わたしたちは、TORC1 が G1 のみならず、G2/M 期の制御にも関わることを世界に先駆けて見出した。G2/M 期では、TORC1 は M 期で重要な役割を果たす polo キナーゼ (Cdc5) の核

局在とそれに伴う活性化をコントロールしていることを突き止めた (図 2) (文献 3)。

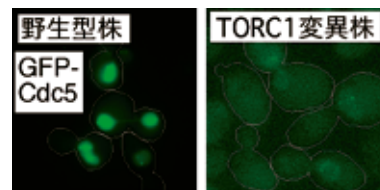


図 2. TORC1 による Cdc5 の細胞内局在の制御  
野生型株では Cdc5 は G2/M 期に核に局在するが (左)、TORC1 変異株では核に局在できず細胞周期は G2/M 期で止まる (右)。

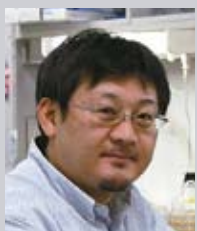
## Tor によるアクチン構築の制御

わたしたちはさらに、Tor 複合体 2 (TORC2) がプロテインキナーゼ Ypk2 を直接リン酸化することで Ypk2 を活性化し、アクチン構築を制御することを発見した。活性化型 Ypk2 変異体は TORC2 の機能を完全に相補できるので、TORC2-Ypk2 経路は TORC2 経路のメインストリームであることが判明した (文献 4)。

### 参考文献

1. Kamada, Y., and Ohsumi, Y. (2010). The TOR-mediated regulation of autophagy in the yeast, *Saccharomyces cerevisiae*. Structure, Function and Regulation of TOR complexes from Yeasts to Mammals. *The Enzymes* 28, 143-165. Review
2. Kamada, Y., Yoshino, K., Kondo, C., Kawamata, T., Oshiro, N., Yonezawa, K., and Ohsumi, Y. (2010). Tor directly controls the Atg1 kinase complex to regulate autophagy. *Mol. Cell Biol.* 30, 1049-1058.
3. Nakashima, A., Maruki, Y., Imamura, Y., Kondo, C., Kawamata, T., Kawanishi, I., Takata, H., Matsuura, A., Lee, K. S., Kikkawa, U., Ohsumi, Y., Yonezawa, K., and Kamada, Y. (2008). The yeast Tor signaling pathway is involved in G2/M transition via Polo-kinase. *PLoS ONE* 3, e2223.
4. Kamada, Y., Fujioka, Y., Suzuki, N.N., Inagaki, F., Wullschlegler, S., Loewith, R., Hall, M.N., and Ohsumi, Y. (2005). TOR2 directly phosphorylates the AGC YPK2 to regulate actin polarization. *Mol. Cell Biol.* 25, 7239-7248.
5. Kamada, Y., Funakoshi, T., Shintani, T., Nagano, K., Ohsumi, M., and Ohsumi, Y. (2000). Tor-mediated induction of autophagy via an Atg1 protein kinase complex. *J. Cell Biol.* 150, 1507-1513.

助教  
鎌田 芳彰







ゲノムの変化により現れるアサガオの模様

## 花の模様とゲノムの変化

ゲノムが変化して、生物の着色を決める遺伝子を調節すると模様が現れる。このような現象は観察が容易なため古くから研究されている。トウモロコシの種やショウジョウバエの目に現れる斑入り模様からは、ゲノムの変化や遺伝子の調節に関する基本的なメカニズムが明らかにされてきた。一方、日本独自の園芸植物であるアサガオにも多様な模様が存在する。その中には、未知のメカニズムによると思われる模様もあり、その解析からゲノムの変化や遺伝子の調節について理解したいと考えている。

## 花色の形成

多彩な花の色は、色素の構造だけでなく、さまざまな細胞内外の要素で決まる。原種は青い花を咲かせるアサガオの場合、青く発色する色素が合成され、それが蓄えられる液胞の内部 pH が弱アルカリ性になることが重要である。これらの要素が失われて咲く色変わりのアサガオを使い、色素合成と液胞 pH を調節するメカニズムを調べている。

## アサガオを研究するための基盤整備

アサガオは実験植物として優れた特性や、ほかのモデル植物にない性質を持つために国内外で広く研究されている。しかし、研究に必要なツールやリソースの整備が十分に進んでいない。そこで、各種 DNA クローンや EST データベースを作成し、形質転換系を立ち上げ、ゲノム解読も開始した。

## アサガオバイオリソースプロジェクト

基礎生物学研究所はナショナルバイオリソースプロジェクト・アサガオの分担機関であり、中核機関である九州大学と連携して、その遂行を担っている。当研究室では 150 の花色に係わる突然変異系統、6 万の EST クローン、5 万の

生物の模様は、ゲノム（遺伝情報の全体）の変化によって生じることがある。このようなゲノムの変化は、生物に個性や多様性を与えている。その理解のために、アサガオの多様な模様と、模様のもとになる花色を研究している。さらに、アサガオを研究する上で必要なツールやリソースを開発し、ナショナルバイオリソースプロジェクト・アサガオを分担する研究室として、アサガオリソースの収集・保存・提供も行っている。

BAC クローンを保存し、国内外の研究者に提供している。

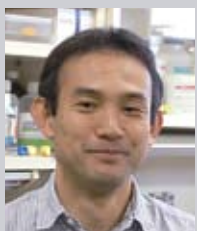


図 1. 多彩なアサガオの花の色  
花色は色素の構造だけでなく、色素が蓄積する液胞 pH に依存する。

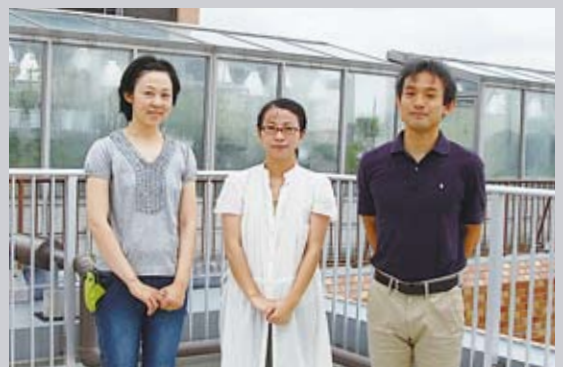
### 参考文献

1. Park, K.I.\*, Choi, J.D.\*, Hoshino, A.\*, Morita, Y., and Iida, S. (2004). An intragenic duplication in a transcriptional regulatory gene for anthocyanin biosynthesis confers pale-colored flowers and seeds with fine spots in *Ipomoea tricolor*. *Plant J.* 38, 840-849. (\*: equal contribution)
2. Morita, Y., Hoshino, A., Kikuchi, Y., Okuhara, H., Ono, E., Tanaka, Y., Fukui, Y., Saito, N., Nitasaka, E., Noguchi, H., and Iida, S. (2005). Japanese morning glory *dusky* mutants displaying reddish-brown or purplish-grey flowers are deficient in a novel glycosylation enzyme for anthocyanin biosynthesis, UDP-glucose:anthocyanidin 3-O-glucoside-2''-O-glucosyltransferase, due to 4-bp insertions in the gene. *Plant J.* 42, 353-363.
3. Park, K.I., Ishikawa, N., Morita, Y., Choi, J.D., Hoshino, A., and Iida, S. (2007). A *bHLH* regulatory gene in the common morning glory, *Ipomoea purpurea*, controls anthocyanin biosynthesis in flowers, proanthocyanidin and phytomelanin pigmentation in seeds, and seed trichome formation. *Plant J.* 49, 641-654.
4. Choi, J.D.\*, Hoshino, A.\*, Park, K.I., Park, I.S., and Iida, S. (2007). Spontaneous mutations caused by a *Helitron* transposon, *Hel-It1*, in morning glory, *Ipomoea tricolor*. *Plant J.* 49, 924-934. (\*: equal contribution)

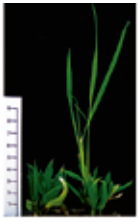
助教  
星野 敦



技術支援員  
渡邊 晴子  
中村 涼子



# トランスポゾンとゲノムの再編成 多様性生物学研究室 ( 梅根 )



ゲノム中には多くの転移因子 (トランスポゾン) が存在しているが、その多くは転移する事ができない。しかし稀にゲノムによる抑制機構をすり抜けて転移できるトランスポゾンも存在する。ゲノムによるトランスポゾンの制御機構や転移によって引き起こされるゲノムの再編成の解析を行っている。さらに内在性トランスポゾンを用いてイネの遺伝子破壊システムを作出して、機能ゲノム学的解析も試みている。



極わい性の表現型を安定に示すイネの *thambelina-stable* (*thl-stb*) 変異体 (左) と易変性 (変わり易い) を示す *thl-mutable* (*thl-m*) 変異体 (右)。トランスポゾンの脱離によって遺伝子機能が回復した *thl-m* 変異体の分けつは、野生型と同じように伸長することができる。Thl 遺伝子の構造とトランスポゾン挿入の模式図 (下)

## ゲノムのダイナミズム

様々な生物の全塩基配列の解読により、ゲノム中には多くのトランスポゾンが存在していることが明らかになった。例えばヒトではおよそ 45%、イネでは 35% がトランスポゾン様の配列と予測されている。トランスポゾンによるゲノムの再編成は新しい遺伝子を創ることもあり、進化の原動力一つとなっていると考えられている。トランスポゾンの転移は、ホストのゲノムにとって有害になるので、転移する能力はジェネティックやエピジェネティックに抑制されており、通常の成育条件下で転移する事はまれである。そこで転移する事ができる DNA トランスポゾンに注目して、トランスポゾンによるゲノムのダイナミズムと遺伝子発現の制御機構の解明を明らかにすることを試みている。

イネは詳細なゲノム配列が決定されていることから、ゲノ

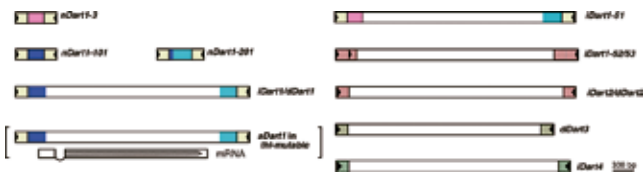


図 1. イネゲノム中から見いだされた *nDart* 系トランスポゾン  
三角が示す末端反復配列が共通な非自律性因子や転移酵素をコードする自立成因子候補が見いだされた。

ム全体を対象にして挿入領域の同定や DNA の再編成を明らかにできる単子葉のモデル植物である。我々はイネにおいて自然栽培条件下で活発に転移することができる DNA トランスポゾン *nDart1* を同定することができた (文献 1)。*nDart1* は非自律性因子であるので、転移するためには自律性因子 *aDart1* が必要である。イネのゲノム中には *aDart1* になりうる候補配列が存在していたが (図 1)、それはエピジェネティックに抑制されていて通常は転移酵素を発現することができない。しかしながら、染色体上の同じ場所に存在している因子でも特定の系統ではエピジェネティックな抑制を逃れて転

移活性を維持できていることを明らかにした (文献 2,3)。イネゲノム中に存在している転移の活性化や抑制といった制御因子の同定と機能解析に向けて研究を行っている。

## イネの機能ゲノム学

イネの 3 万個ほどの遺伝子機能を解明するために、様々な変異系統が確立されているが、未だ十分とは言えない。*nDart1* は遺伝子領域に挿入しやすい性質であり (文献 4)、優性変異も得られたので新規の変異体の分離も期待できる。*nDart1* の挿入領域の迅速な同定法を確立し、*nDart1/aDart1* システムを利用して遺伝子破壊システムの確立を試みている。

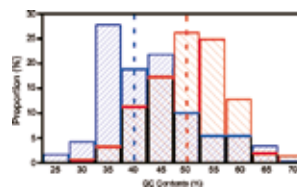
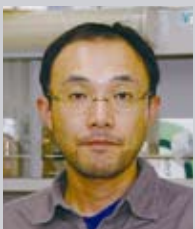


図 2. *nDart* 挿入領域指向性の平均 GC 含量  
*nDart* 挿入領域 (赤) とランダムに選んだ領域の +500bp の GC 含量。点線によって平均値を表す。

## 参考文献

1. Tsugane, K., Maekawa, M., Takagi, K., Takahara, H., Qian, Q., Eun, C.H., and Iida, S. (2006). An active DNA transposon *nDart* causing leaf variegation and mutable dwarfism and its related elements in rice. *Plant J.* 45, 46-57.
2. Nishimura, H., Ahmed, N., Tsugane, K., Iida, S., and Maekawa, M. (2008). Distribution and mapping of an active autonomous *aDart* element responsible for mobilizing nonautonomous *nDart1* transposons in cultivated rice varieties. *Theor. Appl. Genet.* 116, 395-405.
3. Shimatani, Z., Takagi, K., Eun, C.H., Maekawa, M., Takahara, H., Hoshino, A., Qian, Q., Terada, R., Johzuka-Hisatomi, Y., Iida, S., et al. (2009). Characterization of autonomous *Dart1* transposons belonging to the *hAT* superfamily in rice. *Mol. Genet. Genomics* 281, 329-344.
4. Takagi, K., Maekawa, M., Tsugane, K., and Iida, S. (2010). Transposition and target preferences of an active nonautonomous DNA transposon *nDart1* and its relatives belonging to the *hAT* superfamily in rice. *Mol. Genet. Genomics* 284, 343-355.

助教  
梅根 一夫



特別協力研究員  
梅根 美佳





葉は一般的に表裏の極性を持ち、このような葉を両面葉という。一方、アヤメ科やネギ科等、いくつかの単子葉植物は、「単面葉」という裏側しか持たない葉をもつ。私たちは単面葉の発生進化機構解明に向けて、イグサ属植物に着目した独自の研究システムを構築し、その発生制御に関わる主要な遺伝子群を同定しつつある。そして、単面葉の形作りと進化のしくみを明らかにすることで、生物形態の進化や多様性をもたらす遺伝子背景の解明を目指している。

## 単面葉研究のモデルシステム

単面葉は、古くから植物学者の興味を集めてきたが、遺伝子レベルでの研究はこれまで全く手つかずであった。我々は、単面葉研究のモデル系として、葉の形態が多様であり、分子遺伝学的研究材料として適した種を多く含むイグサ属植物に着目した。多数の種を収集してライン化するとともに、突然変異体の単離系等、独自の分子遺伝学的研究基盤を構築し、世界に先駆けた独自の研究を展開することが可能となった (文献 1)

## 単面葉の裏側化と平面化機構

まず我々は、単面葉をもつコウガイゼキショウ (*J. prismatocarpus*) における詳細な遺伝子発現解析を行い、単面葉の葉身は、葉の裏側を決定する遺伝子が、葉全体で異所的に機能することで裏側化することを解明した (文献 2)。次に我々は、単面葉が平面化する機構に着目した。葉は多くの光を集めるために平たい構造になるのが特徴である。両面葉では、表側と裏側運命の境界面で細胞増殖が促進されることで葉が平面化する。つまり葉が平面化するためには、葉が表裏の極性を獲得することが必要である。しかしながら単面葉は、裏側しか持たないにもかかわらず、多くの場合平たい葉をもつ。したがって単面葉は両面葉とは異なる独自の機構により平面化し、平たい葉は両面葉と単面葉で独立に進化したと考えられる。

我々は、2種の最近縁イグサ属植物、平たい単面葉を持つコウガイゼキショウと、丸い単面葉を持つハリコウガイゼキショウを用いた分子遺伝学的解析を行い、単面葉の平面化を制御する因子として、*DROOPING LEAF (DL)* 相同遺伝子を同定した (文献 2)。*DL* は、両面葉では、葉の中肋形成という一見異なる機能を持つが、細胞レベルでは葉原基の細胞増殖をシュート頂側に促進する (文献 6)。単面葉はそのような *DL* 遺伝子の機能をうまく用いることで、裏側化した葉を

平面化することがわかった。

現在我々は、単面葉の発生進化機構をさらに明らかにするとともに、様々な葉の進化や、葉の極性制御機構解明を目指した研究を進めている (文献 3-5)。



図 1. 単面葉の平面化機構

*DL* 遺伝子は、葉原基の細胞増殖をシュート頂側に促進する機能を持ち、両面葉の場合は中肋の形成を制御する。単面葉はこの *DL* 遺伝子の機能によって葉を平面化させる。ハリコウガイゼキショウでは、葉で *DL* が機能しない。

## 参考文献

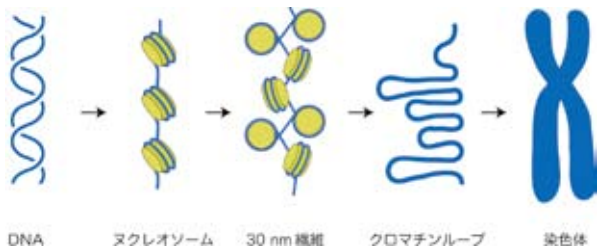
1. Yamaguchi, T., and Tsukaya, H. (2010). Evolutionary and developmental studies of unifacial leaves in monocots: *Juncus* as a model system. *J. Plant Res.* 123, 35-41.
2. Yamaguchi, T., Yano, S., and Tsukaya, H. (2010). Genetic framework for flattened leaf blade formation in unifacial leaves of *Juncus prismatocarpus*. *Plant Cell* 22, 2141-2155.
3. Toriba, T., Suzuki, T., Yamaguchi, T., Ohmori, Y., Tsukaya, H., and Hirano, H.Y. (2010). Distinct regulation of adaxial-abaxial polarity in anther patterning in rice. *Plant Cell* 22, 1452-1462.
4. Nakayama, H., Yamaguchi, T., and Tsukaya, H. (2010). Expression patterns of *AaDL*, a *CRABS CLAW* ortholog in *Asparagus asparagoides* (Asparagaceae), demonstrate a stepwise evolution of *CRC/DL* subfamily of *YABBY* genes. *Am. J. Bot.* 97, 591-600.
5. Nelissen, H., De Groeve, S., Fleury, D., Neyt, P., Bruno, L., Bitonti, M.B., Vandenbussche, F., Van der Straeten, D., Yamaguchi, T., Tsukaya, H., et al. (2010). Plant Elongator regulates auxin-related genes during RNA polymerase II transcription elongation. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 107, 1678-1683.
6. Yamaguchi, T., Nagasawa, N., Kawasaki, S., Matsuoka, M., Nagato, Y., and Hirano, H.Y. (2004). The *YABBY* gene *DROOPING LEAF* regulates carpel specification and midrib development in *Oryza sativa*. *Plant Cell* 16, 500-509.

助教  
山口 貴大

博士研究員  
糠塚 明



技術支援員  
山口 千波



細胞の分裂に伴い、複製されたゲノムは正確に娘細胞に分配される。顕微鏡で観ると太い棒状の染色体が現れ、両極に分配されていく様子を観ることが出来る。しかしながらわずか 2nm の細い DNA ファイバーが、光学顕微鏡で容易に観察できる巨大な染色体へどのようにして構築されるのか、その詳細は分かっていない。我々は出芽酵母を真核生物のモデル系として染色体構築機構と、その構造が生物機能のために果たす役割について研究している。

## 染色体構造とゲノム安定性

分裂期染色体を構成する主要なタンパク質としてカエルから同定されたコンデンシンは、複数のサブユニットからなるタンパク質複合体で、酵母からヒトに至るまで広く保存され、染色体形成とその分配に中心的な役割を果たすことが知られている。出芽酵母でコンデンシン変異体は、リボソーム RNA 遺伝子 (rDNA) リピート領域の娘細胞への分配に異常が観られる。我々は、rDNA リピートの長さがコンデンシンの変異体で顕著に短くなる特徴を見出した。リピート内での組換え頻度が著しく上昇していることから、コピーの欠失が頻繁に起きていると考えられる。Rad52 等の組換え酵素は通常、rDNA が局在する核小体には進入せず、それ故リピートの安定性が維持されているが、コンデンシン変異体では、染色体凝縮が始まる分裂期に入ると Rad52 が核小体に侵入する様子が観察される。コンデンシンにより適正な染色体構造をとることで、組換え系のアクセスを抑制して、リピートの安定性の維持することにも貢献しているようだ。

## コンデンシンのクロマチンへの作用

出芽酵母では、多くのコンデンシンが核小体に集中している様子が顕微鏡で観察できる。我々は、核小体に局在する rDNA リピートの中にコードされている複製阻害配列 (RFB) にコンデンシンが結合することを見出した。また遺伝学的手法を駆使することで、コンデンシンと RFB が結合するために必要な、Fob1, Tof2, Csm1, Lrs4 の 4 種のリクルータータンパク質を特定した。これらはいずれも RFB に結合する因子で、しかも階層性をもってコンデンシン複合体と物理的に相互作用することが分かってきた。さらにコンデンシンとの相互作用が欠損した変異体では、コンデンシンの RFB への結合が著しく減少することから、物理的な相互作用によりコンデンシンを RFB にリクルートしていると考えている。

RFB 配列は、ゲノムの任意の場所に挿入しても、4 種のリクルータータンパク質があれば、そこにコンデンシンが強く結合することができる。すなわちゲノムの任意の場所にコンデンシンの結合部位を幾つでも並べ、さらにはリクルータータンパク質の有無でコンデンシンのそれらへの結合をコントロールすることが可能だ。この系を利用して、コンデンシンがクロマチン繊維をいかに折り畳んでいるのか、謎の解明を目指している。

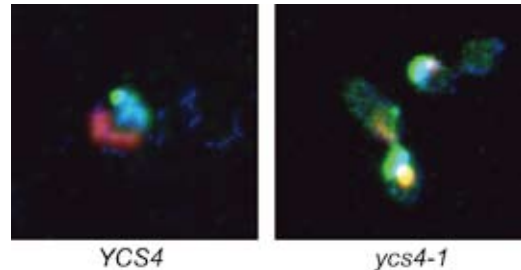
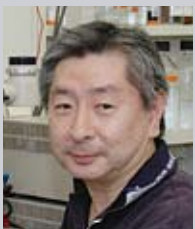


図 1. コンデンシン変異体における核小体への Rad52 局在  
分裂期 (metaphase) の細胞で核小体構成成分である Nop1 を mCherry, Rad52 を GFP で観察した。コンデンシン変異体 (ycc4-1) では Rad52 の緑のシグナルが核小体 (赤) に侵入して黄色くなっている様子が観える。

## 参考文献

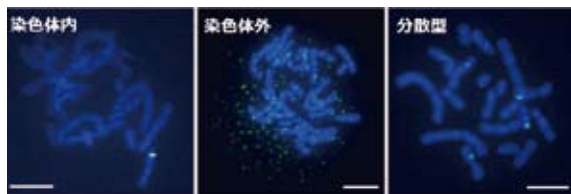
- Johzuka, K., Horiuchi, T. (2009). The cis element and factors required for condensin recruitment to chromosomes. *Mol. Cell* 34, 26-35.
- Johzuka, K., Horiuchi, T. (2007). RNA polymerase I transcription obstructs condensin association with 35S rRNA coding region and can cause contraction of long repeat in *Saccharomyces cerevisiae*. *Genes Cells* 12, 759-771.
- Johzuka, K., Terasawa, M., Ogawa, H., Ogawa, T., and Horiuchi, T. (2006). Condensin loaded onto the replication fork barrier site in the rRNA gene repeats during S phase in a FOB1-dependent fashion to prevent contraction of a long repetitive array in *Saccharomyces cerevisiae*. *Mol. Cell. Biol.* 26, 2226-2236.
- Johzuka, K., Horiuchi, T. (2002). Replication fork block protein, Fob1, acts as an rDNA region specific recombinator in *S.cerevisiae*. *Genes Cells*. 7, 99-113.

助教  
定塚 勝樹



技術補佐員  
石根 直美  
松崎 陽子





動物細胞での増幅産物。分裂期 FISH 法により増幅領域が緑に蛍光標識され染色体が青に染色されている。一般に染色体内外いずれかに増幅産物が形成され、癌細胞では加えて分散型の産物も見られる。BFB サイクル等、多くの増幅モデルが提唱されているが増幅機構には未だ多くの謎が残されている。白線は 10 μm。

## 遺伝子増幅のモデルシステム

これまで詳細な解析を可能にするモデル生物での増幅系は存在せず、複雑な増幅産物の構造から増幅機構が調べられてきた。そのため増幅の分子メカニズムには不明な点が多く残されている。そこで私達は発想を変え、増幅反応を選びそれを誘導できる構造を染色体にデザインして計画した増幅を誘導できるかを検証する新しいアプローチに取り組んだ。

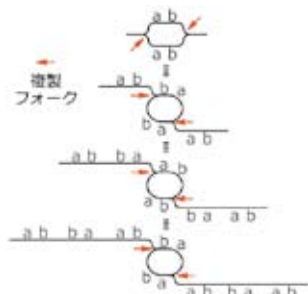


図 1. DRCCR 反応。2つの複製フォークが追いつき合い DNA を連続的に複製する。高速に逆位反復配列を形成できる。

まず動物細胞での増幅の特徴を元に、2つの複製フォークが互いを追いつき合い高速に DNA を増幅する double rolling-circle replication (DRCCR) という反応に着目した (図 1)。この反応を真核細胞の優れたモデル生物である出芽酵母に誘導したところ、動物細胞で見られる癌遺伝子等の増幅に非常に良く似た産物が得られた。つまり DRCCR が動物細胞での増幅に重要な役割を果たしていることが強く示唆された (文献 1, 2)。

## 癌遺伝子の包括的な増幅モデルへ

次に DRCCR が関わる増幅モデルを確立するため、デザインした DRCCR 反応が動物細胞でも機能するかを検証した。その結果、染色体内外に天然の増幅で見られる産物が得られると共に癌細胞で見られる分散型の産物も観察できた (文献 2)。以上の研究より癌遺伝子等の増幅を説明できる包括的なモデルを考案した。これは増幅初期を表すモデルとして古くから知られる BFB サイクルが作る構造が DRCCR やその類似反応を誘導し、染色体内外の増幅産物を形成すると考え

ゲノムはダイナミックに進化を遂げてきており、発生過程、疾病、環境変化等において絶えず変化が生じている。このゲノム変化の一つである遺伝子増幅はゲノム内のある領域のコピー数が増加する現象であり、昆虫の農薬耐性、癌の悪性化や抗癌剤耐性、遺伝子進化等、多くの生物現象に関わっている。しかし増幅の分子機構には不明な点が多く残されたままである。私達は約 20 年にわたり滞った増幅機構の研究を進めるため発想を転換し、新しいアプローチに取り組んでいる。

たモデルである。これまで増幅を部分的に説明するモデルは多数存在したが、染色体内外両方の産物の形成や増幅に伴う染色体再編成を含めた増幅の全体像を記述したモデルはこれが初めてである。出芽酵母ではその構造 (→←→←) から染色体内外の増幅産物が生じることが確認でき、現在、動物細胞での解析を進めている。

また遺伝子増幅現象は抗体等のタンパク質医薬の生産にも応用されている。今回 DRCCR 誘導に利用した Cre-lox 組換えは極めて高頻度の誘導が可能であるため、医療用タンパク質生産の大幅な効率化にも貢献するかもしれない (文献 2)。

## 高効率な遺伝子進化の可能性

DRCCR 増幅系に共通する非常に興味深い特徴は、増幅に伴い劇的に組換えが活性化する点である。私達は DRCCR の ON/OFF を制御可能な系を用いてこの組換え現象 (逆位・欠失・重複) が DRCCR に因ることを証明した (文献 3)。遺伝子増幅は変異が起きても安全なコピーを提供し遺伝子進化に大きく貢献してきた。一般にその変異は長い時間を経て蓄積すると考えられているが、DRCCR 増幅が組換えによって遺伝子を劇的に多様化させるユニークな進化の経路も有り得るのではないだろうか。現在、組換え活性化の分子機構を解析すると共に DRCCR が遺伝子進化に貢献する可能性について検討を行っている。

### 参考文献

1. Watanabe, T., and Horiuchi, T. (2005). A novel gene amplification system in yeast based on double rolling-circle replication. *EMBO J.* 24, 190-198.
2. Watanabe, T., Tanabe, H., and Horiuchi, T. (2011). Gene amplification system based on double rolling-circle replication as a model for oncogene-type amplification. *Nucleic Acids Res.* doi: 10.1093/nar/gkr442.
3. Okamoto, H., Watanabe, T., and Horiuchi, T. (2011). Double rolling circle replication (DRCCR) is recombinogenic. *Genes Cells* 16, 503-513

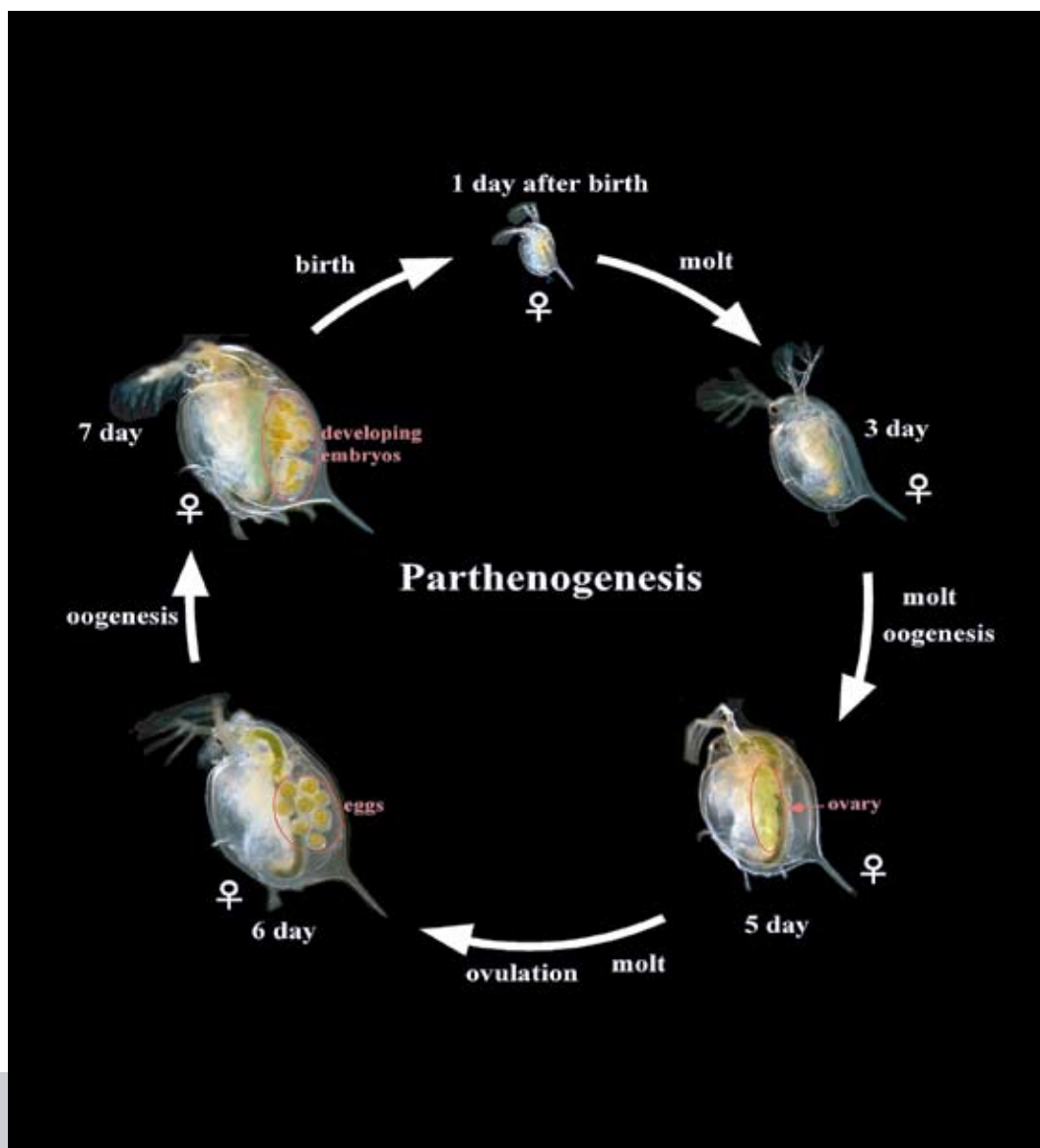
助教  
渡邊 孝明

技術支援員  
米澤 晴美



# 発生・生殖・性分化とホルモン関連物質

生体を取りまく環境要因の発生・生殖・性分化への影響を個体レベルから分子レベルまで、統合的な視野で様々な生物を用いて基礎研究を行っている。動物の発生中にはホルモンやホルモン類似物質に特に感受性の高い臨界期があり、この時期にホルモンやホルモン類似物質（内分泌かく乱物質）の影響を受けると、性分化や生殖への影響があらわれる。例えば、ミジンコやワニではホルモン・ホルモン類似物質や温度が性分化の方向を変え、マウスでは不妊や生殖器官の恒久的な変化が起こる。このようなミジンコやワニの性分化の分子機構、マウス生殖器官の恒久的な変化の分子機構を理解するとともに、ホルモン受容体の分子進化も研究のねらいとしている。



## Members

教授  
井口 泰泉

客員准教授  
(統合バイオ)  
勝 義直

助教  
荻野 由紀子  
宮川 信一

技術課技術職員  
水谷 健

NIBB リサーチフェロー  
Chakraborty, Tapas

研究員  
平川 育美

総合研究大学院大学  
大学院生  
佐藤 優  
豊田 賢治  
角谷 絵里  
谷津 遼平

特別共同利用研究員  
遠山 早紀  
(静岡県立大学)

技術支援員  
林 友子

事務支援員  
今泉 妙依子

環境指標生物オオミジンコの生活環

人間も含めて、生物が地球上で生存するうえで、水、酸素、光や温度など、環境から大きな恵みを受けている。人間は多くの地下資源を掘り出し、人工物質を合成し、農薬も大量に使用して生活を豊かにしているが、反面多くの物質による環境汚染を引き起こし、生物もこの影響を受けている。環境に出ている物質の中には、人間や動物のホルモン受容体に結合してホルモン作用や、体内のホルモンの作用を邪魔する物質が多く見出され、環境ホルモン（内分泌かく乱物質）とも呼ばれている。最近では、女性ホルモン受容体に結合しそうな物質は2000種類くらいあるといわれている。

女性ホルモンや化学物質が、生物の発生のどの時期に、どのくらい作用すると、どのような遺伝子が関係して悪影響がおこるのかを明らかにする必要がある。動物はそれぞれ特有な発生方式や生活様式を持っているので、ハツカネズミ、アメリカワニ、オオサンショウウオ、アフリカツメガエル、メダカ、オオミジンコなど、を用いて広く研究している。このような研究を通して、地球環境の保全や生物多様性の保存に貢献したいと考えている。

## 生殖器官への不可逆的なホルモン影響

マウスでは、胎児期から生まれて数日間の臨界期と呼ばれる時期の、外からの女性ホルモンやホルモン関連物質の影響で、不妊や生殖器官の腫瘍化がおこる。新生児期のエストロゲン投与により、膈上皮細胞の細胞増殖因子の高発現・その受容体の活性化・細胞内タンパク質のリン酸化カスケード・エストロゲン受容体のリン酸化および活性化、というポジティブフィードバックループ（図1）ができることが明らかと

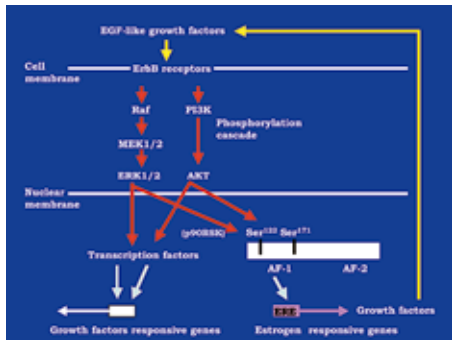


図1. リン酸化シグナルによるエストロゲン受容体の活性化機構  
成長因子が膜上に局在する成長因子受容体に作用すると細胞内でタンパク質リン酸化のカスケードが働き、最終的にエストロゲン受容体の122番目及び171番目のセリン残基をリン酸化する。するとエストロゲン受容体はリガンド非依存的な転写活性を持つようになる。

## 動物の性と温度・化学物質

環境ホルモンによって動物の性比が乱れるともいわれているが、雄雌を決める仕組みがわかっていない動物がほとんどである。アメリカワニは、33度で孵卵すると雄に、30度では雌になる、温度依存性の性分化機構を持つ。しかし、卵を女性ホルモンで処理すると、雄になる温度でも雌に分化する。また、オオミジンコは単為生殖（雌が雌を産む）で増殖するが、外からの幼若ホルモンにより雄を生むようになることを見いだした。化学物質の影響に加えて、ワニの温度依存性の性分化やミジンコの性分化にかかわる遺伝子の解明にも取り組んでいる。

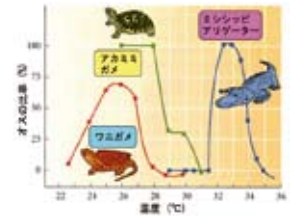


図2. 温度依存性の性決定機構を持つ生物

## ホルモン受容体の分子進化

生物進化の中でどの段階から、ホルモンやホルモン受容体による、体の恒常性・生殖・発生の制御機構が形成されてきたのだろうか。モデル動物であるメダカやマウスのみならず、巻貝、ナメクジウオ、ヤツメウナギ、ハイギョなど進化上重要な生物を使って、各種動物のステロイドホルモン受容体の構造とその機能を調べることにより、ホルモン受容体の分子進化を明らかにし、生物進化、環境適応におけるステロイドホルモンシグナリングの貢献、重要性を明らかにしようとしている。

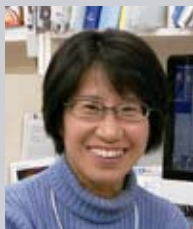
### 参考文献

- Miyagawa, S., Katsu, Y., Watanabe, H., and Iguchi, T. (2004). Estrogen-independent activation of erbBs signaling and estrogen receptor- $\alpha$  in the mouse vagina exposed neonatally to diethylstilbestrol. *Oncogene* 23, 340-349.
- Iguchi, T., Miyagawa, S., and Sudo, T. (2010). Modern genetics of reproductive biology. In: *Environmental Impacts on Reproductive Health and Fertility*, Cambridge University Press, Woodruff, T., Janssen, S.J., Guillelte, L.J.Jr., and Giudice, L.C. (Eds.), 60-71.
- Miyagawa, S., Katsu, Y., Ohta, Y., Sudo, T., Lubahn, D.B., and Iguchi, T. (2010). Estrogen receptor  $\alpha$  is indispensable for the induction of persistent vaginal change by neonatal 5-dihydrotestosterone exposure. *Biol. Reprod.* 82, 497-503.
- Katsu, Y., Kubokawa, K., Urushitani, H., and Iguchi, T. (2010). Estrogen-dependent transactivation of amphioxus steroid hormone receptor via both estrogen- and androgen-response elements. *Endocrinology* 151, 639-648.
- Kato, Y., Kobayashi, K., Oda, S., Tatarazako, N., Watanabe, H., and Iguchi, T. (2010). Sequence divergence and expression of a transformer gene in the branchiopod crustacean, *Daphnia magna*. *Genomics* 95, 160-165.

教授  
井口 泰泉



助教  
荻野 由紀子

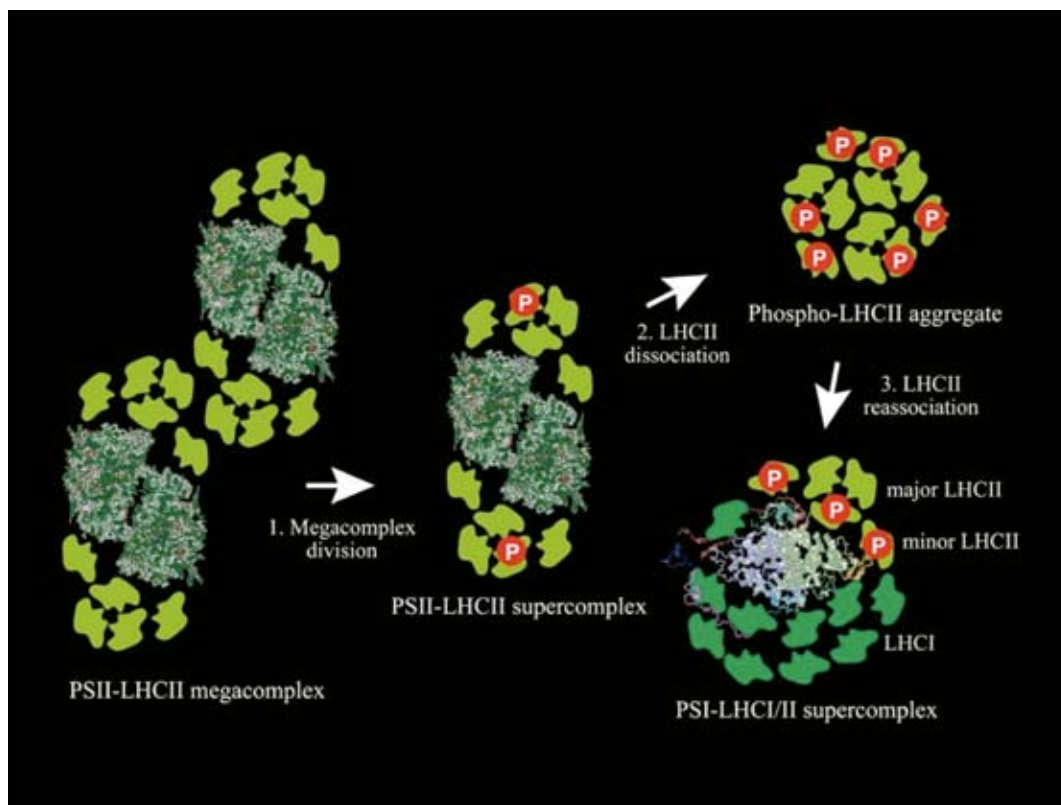


助教  
宮川 信一



# ゆれ動く光に応じて瞬時に最適化される光合成装置

植物は、環境の変化に自らを順化適応させることで生き残りをはかる。太陽光を集め、利用可能なエネルギーへの変換を行う光合成においても、さまざまなレベルの光環境適応が行われている。本部門では、単細胞緑藻を中心としたモデル微細藻類を用い、分子遺伝学、生化学、分光学的手法、ライブイメージングなどを駆使することで、特に光を集めるアンテナ装置がいかに効率よく光を集めているのか、その分子基盤を研究している。また、得られた基礎的知見をもとに、南極の緑藻やサンゴと共生する褐虫藻、北太平洋の珪藻など、環境において重要な光合成生物の生理生態の理解も目指している。



## Members

教授  
皆川 純

NIBB リサーチフェロー  
滝澤 謙二

博士研究員  
大西 紀和  
得津 隆太郎

技術支援員  
星 理絵

事務支援員  
小島 洋子

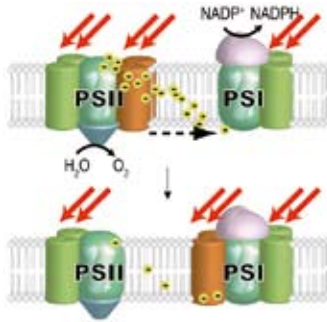
## ステート遷移時に見られる光化学系のリモデリング

全ての植物は光化学系 1 / 光化学系 2 (PSI/PSII) と呼ばれる 2 つの光化学系を用いて、光エネルギーを電気化学エネルギーへ変換する。似て非なるこれら 2 つの光化学系は、光のアンテナタンパク室 (LHCII) を互いに”貸し借り” (dissociation/reassociation) することで光エネルギーの配分を瞬時に調節している。



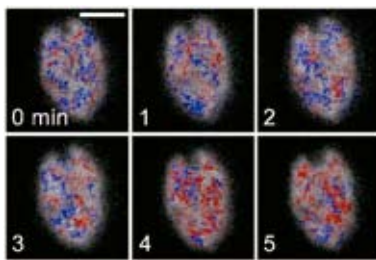
## 光合成装置の環境適応

植物はどのような環境に置かれても、その環境下で最も有利な光合成ができるように光合成装置を最適化する。光合成のために光を集める機能に特化した“光のアンテナ”であるLHCも、ダイナミックに調節されることが良く知られている。本研究部門では、自然環境の下で刻一刻と変化し続ける光に対して適応する術として多くの光合成生物が備えるステート遷移現象(2つの光化学系のバランス機構; 図1)に注目し、その分子レベルでの理解を目指している。単細胞緑藻



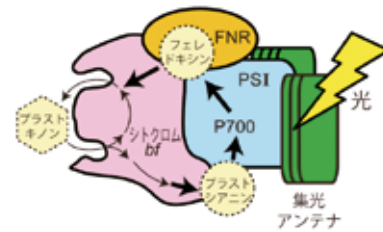
**図1. ステート遷移のモデル**  
2つの光化学系(PSII ⇄ PSI)の光の分配バランスをとる仕組みがステート遷移である。光のアンテナを移動させることで、集めた光エネルギーの再配分を実現している。図中オレンジ色で示す移動するアンテナタンパク質の同定や、PSI/PSII 超複合体におこる変化などについて研究を行っている。

であるクラミドモナス (*Chlamydomonas reinhardtii*) をモデルとして取り上げ、無傷の巨大タンパク質複合体 (>1MDa) の精製、網羅的質量分析、環境光照射下にて行う分光測定、RNAi 等の分子遺伝学技術、蛍光寿命共焦点顕微鏡による可視化技術などを駆使し、2つの光化学系間をシャトル移動するアンテナタンパク質の解析(文献1,3)、PSI/PSII 両超複合体のリモデリングの解析(文献1,2)などを進めている。また、これらの研究は、周辺現象へと裾野を広げている。ステート遷移の可視化に初めて成功した際には、ステート遷移と並び、近年課題となっている植物のもう一つの光環境適応機構、“過剰エネルギー消去”(NPQ)の新しい仕組みを突き止めた(図2; 文献4)。さらに、ステート遷移時の葉緑体チラコイド膜から、PSI 超複合体 / シトクロム bf 複合体 / フェレドキシン-NADPH 酸化還元酵素 (FNR) などで構成され



**図2. ステート遷移の可視化**  
赤外光下においたクラミドモナスに青色光を与え、クロロフィル蛍光の寿命変化を共焦点レーザー顕微鏡を用いて観察した。当初、ほとんどのクロロフィルの寿命は170 ps(青色)であったが5分後には250 ps(赤色)に変化した。これは光のアンテナがPSIIから切り離されたために起きる。

た、超・超複合体 (CEF supercomplex) が単離されている。この超・超複合体上には、葉緑体エネルギー代謝において重要なサイクリック電子伝達の経路があることが、最近明らかとなった(図3; 文献5)。今後、ステート遷移の完全解明とともに、こうした周辺光環境適応機構との相互作用、共働現象、シグナル伝達などについても研究を進める。



**図3. サイクリック電子伝達を担う超・超複合体**  
PSII から移動してきた集光アンテナを結合した PSI は、シトクロム bf 複合体、フェレドキシン-NADPH 酸化還元酵素 (FNR) と共に超・超複合体を形成する。この超・超複合体上で、矢印で示すような“サイクリック電子伝達”が行われる。

## 植物プランクトンの光合成

モデル生物クラミドモナスの光合成研究で蓄積された知見や技術を未解明の植物プランクトンの生理生態の解明に応用し、環境において重要なこれらの光合成生物が、それぞれのニッチにいかに対応しているのか研究を行っている。南極氷結湖の緑藻、太平洋親潮域の主要種である珪藻、すべての緑色植物の祖先であり、また亜熱帯海域の主要種であるブラシノ藻などについて、光合成機能の生理解析、光合成装置の生化学解析を進めている。珪藻が陸上植物以上の強力な強光耐性機構を持つこと、ブラシノ藻の PSI はすべての種類の LHC を結合していること(緑色植物の祖先としての証拠が保持されている)などが明らかとなっている。

### 参考文献

1. Takahashi, H., Iwai, M., Takahashi, Y., and Minagawa, J. (2006). Identification of the mobile light-harvesting complex II polypeptides for state transitions in *Chlamydomonas reinhardtii*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 103, 477-482.
2. Iwai, M., Takahashi, Y., and Minagawa, J. (2008). Molecular remodeling of photosystem II during state transitions in *Chlamydomonas reinhardtii*. Plant Cell 20, 2177-2189.
3. Tokutsu, R., Iwai, M., and Minagawa, J. (2009). CP29, a monomeric light-harvesting complex II, is essential for state transitions in *Chlamydomonas reinhardtii*. J. Biol. Chem. 284, 7777-7782.
4. Iwai, M., Yokono, M., Inada, N., and Minagawa, J. (2010). Live cell imaging of photosystem II antenna dissociation during state transitions. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 107, 2337-2342.
5. Iwai, M., Takizawa, K., Tokutsu, R., Okamuro, A., Takahashi, Y., and Minagawa, J. (2010). Isolation of the elusive supercomplex driving cyclic electron transfer in photosynthesis. Nature 464, 1210-1213.

教授  
皆川 純



多様な生物種についてのゲノム解読が進み、それらの比較解析から生物の多様性とそれを生み出す進化プロセスを理解することが可能になりつつある。当研究室では、特に多様なゲノムが蓄積している微生物のゲノムに着目して、比較ゲノム情報学の立場から、なるべく普遍的な視点でこの問題に取り組もうとしている。すなわち、多数のゲノムを比較して、その間にみられるパターンの共通性と多様性を解析することによって、遺伝子の集合体としてのゲノムの成り立ちを理解し、それによってゲノムの進化過程を推定したり、機能未知遺伝子の機能を推定したりすることを目指す。この目的のため、独自の微生物比較ゲノムデータベースを構築し、これに基づいて比較ゲノム解析の新しいアプローチの開拓を目指した研究を行っている。

### 微生物ゲノム比較解析システム

直接目に見えない微生物を研究する上で、ゲノム情報はことさらに大きな価値を持つため、すでに多様な微生物のゲノム配列が決定され、その数はなお急速な拡大を続けている。こうした大量のデータに基づく比較ゲノム研究を推進するため、微生物ゲノム比較解析システム MBGD の構築を行っている。特に、比較解析を行う際に必要となるゲノム間の遺伝子対応付け(オーソログ分類)について、効率的なアルゴリズムの開発を行っている。また、オーソログ分類の結果として得られる系統パターン(ある遺伝子が各ゲノム中に存在するかしないかというパターン)や融合タンパク質の存在などから遺伝子の機能推定を行える可能性が指摘されており、大量のデータを活用することにより、その可能性を高めることも目指している。このような解析を効率よく行うため、オーソログ解析に基づいて比較ゲノム解析を行う汎用ワークベンチ RECOG の開発を行っている。

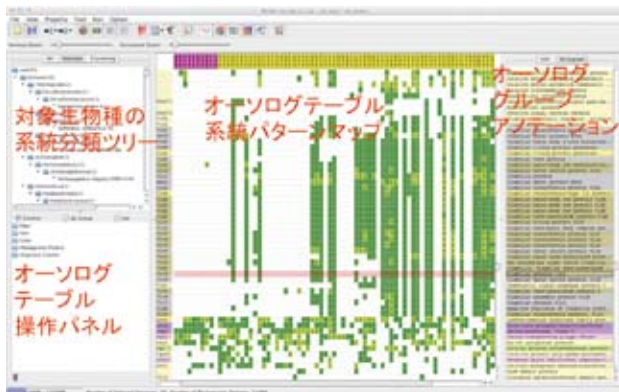


図 1. 比較ゲノム解析システム RECOG で表示したオーソログ対応テーブル

### 近縁ゲノムの比較解析

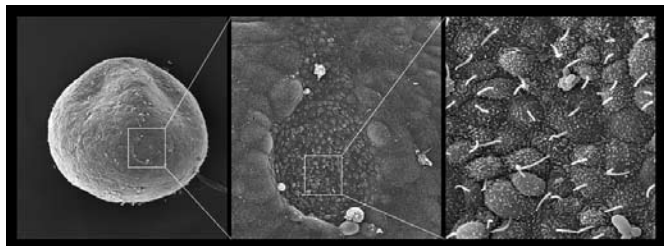
原核生物の進化においては、祖先から子孫へという垂直的な遺伝情報の流れに加えて、種を超えた水平的な遺伝情報の移動が本質的に重要な役割を果たしていることが知られており、病原性の理解などの応用面からも注目されている。しかし、こうした複雑な微生物のゲノム進化過程を包括して理解するための戦略はまだ確立していない。ゲノム進化過程の詳細な解析は、類縁度の高いゲノムを比較することによって可能になるので、MBGD のデータを活用しつつ、近縁ゲノム比較解析の戦略確立に向けた研究を行っている。特に、ゲノムの垂直的な進化プロセスをまず明確にすることを目指して、近縁ゲノム間で遺伝子の並び順が保存された「コア構造」に着目した研究を進めている。

#### 参考文献

1. Uchiyama, I. (2003). MBGD: Microbial genome database for comparative analysis. *Nucleic Acids Res.* 31, 58-62.
2. Uchiyama, I. (2006). Hierarchical clustering algorithm for comprehensive orthologous-domain classification in multiple genomes. *Nucleic Acids Res.* 34, 647-658.
3. Uchiyama, I., Higuchi, T., and Kobayashi, I. (2006). CGAT: a comparative genome analysis tool for visualizing alignments in the analysis of complex evolutionary changes between closely related genomes. *BMC Bioinformatics* 7, 472.
4. Uchiyama, I. (2008). Multiple genome alignment for identifying the core structure among moderately related microbial genomes. *BMC Genomics* 9, 515
5. Uchiyama, I., Higuchi, T., Kawai, M. (2010). MBGD update 2010: toward a comprehensive resource for exploring microbial genome diversity. *Nucleic Acids Res.* 38, D361-D365.

助教  
内山 郁夫





7.5日マウス胚を腹側から見た走査顕微鏡写真。  
中央にあるくぼみがノードで、その中の各細胞はそれぞれ1本の繊毛を有する。

## 発生における左右初期決定

我々の体は、心臓が左、肝臓が右というように、高度に左右非対称な体のつくりをしている。発生において左右が最初に決まるのは、マウスでは受精後7.5日に一時的に現れる、ノードと呼ばれる部位の繊毛の動きである。ノード繊毛は、回転運動によって周囲に左向き水流（ノード流）を作る。これまでの解析で、左右はあらかじめ決まっているのではなく他の2軸（前後、背腹）および繊毛回転のキラリティによって生み出されるものであること、そして水流の向きが後の「左」を決定することを示してきた。一方で、水流によって運ばれる情報の正体が何かという問題は、いまだ決着を見ていない。これは発生学における基本的な問題であるばかりでなく、細胞外的水流が組織の極性を決定するという、風変わりながら近年いくつか発見され注目を集めているシステムの解明に私達は取り組んでいる。

## 発生を見るための顕微鏡システム

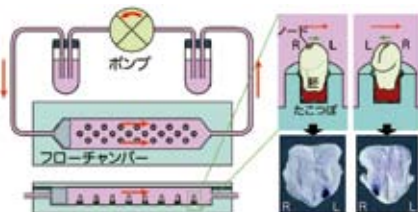


図1. 人工的に胚の左右を逆転させる実験  
チャンバー内の「たこつぼ」に胚を固定し、一定方向の水流に曝す。ノード内の水流が右向きになるような条件下では、左側特異的な遺伝子 nodal が右側に発現し、心臓などの形態も左右逆転する。

私達は欧州分子生物学研究所 (EMBL) で開発された光シート型顕微鏡 DSLM を基生研に導入、運用している。光シート型顕微鏡とは、通常の蛍光顕微鏡と違い、試料の横から励起光を照射する顕微鏡の方法論である。この方式には、深部到達性・高速・低褪色・低光毒性といった特徴がある。いずれも組織や胚を丸ごと生きたまま見るためには大きな利点で

我々の体のどちらが右でどちらが左か決めるのは、発生の一時期、胚表面に生える繊毛が作り出す水流である。によって決まる。時空間制御研究室では主にマウス胚を使いこのユニークな現象を調べている。また顕微鏡技術開発を通して、発生学上のより幅広い問題にも取り組んでいきたいと考えている。

ある。私達はこの顕微鏡を DSLM 共同利用実験として所内外の研究者の研究に供するとともに、他には無い DSLM の特徴を活かし、原腸陥入期のマウス胚の深部・長時間ライブイメージング系を実現している。ひとつの胚の連続観察からは、たくさんの胚のスナップショットを見ただけでは決して分からない情報が得られる。私達はこの系を活用して組織構築のしくみに迫っていきたくと考えている。同時に私達は、現在は困難な大きな試料を扱える新しいバージョンの DSLM を開発するなど、顕微鏡そのものを改良していく試みも行っている。

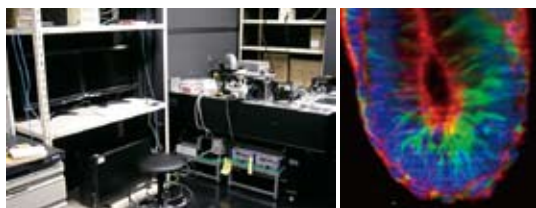


図2. DSLM 装置と撮影例 (6.5日マウス胚光学断面像)  
EMBL の Ernst Stelzer 博士らによって開発された DSLM は、胚のような大きな立体を丸ごとイメージングするのに適した特徴を持つ。

## 参考文献

1. Nonaka, S., Tanaka, Y., Okada, Y., Takeda, S., Harada, A., Kanai, Y., Kido, M., and Hirokawa, N. (1998). Randomization of left-right asymmetry due to loss of nodal cilia generating leftward flow of extraembryonic fluid in mice lacking KIF3B motor protein. *Cell* 95, 829-837.
2. Nonaka, S., Shiratori, H., Saijoh, Y., and Hamada, H. (2002). Determination of left-right patterning of the mouse embryo by artificial nodal flow. *Nature* 418, 96-99.
3. Nonaka, S., Yoshida, S., Watanabe, D., Ikeuchi, S., Goto, T., Marshall, W. F., and Hamada, H. (2005). De novo formation of left-right asymmetry by posterior tilt of nodal cilia. *PLoS Biol.* 3, e268.
4. Nonaka, S. (2009) Modification of Mouse Nodal Flow by Applying Artificial Flow. *Methods Cell Biol.* 91, 287-297
5. 野中茂紀 (2009). 胚まるごとのイメージングを可能にする顕微鏡 DSLM. *メディカルバイオ* 6, 7-8.
6. 野中茂紀 (2009). 繊毛と脊椎動物の左右性. *細胞工学* 28, 1011-1015

准教授  
野中 茂紀



技術課技術職員  
小林 弘子

NIBB リサーチフェロー  
大嶋 佑介

博士研究員  
市川 壮彦  
高尾 大輔

技術支援員  
新谷 敦子  
石橋 知子



# 生物機能解析センター

生物機能解析センターは、生物機能を支える遺伝子やタンパク質の網羅的解析、光を用いた生物機能の解析、遺伝子やタンパク質の配列情報の保存や利用に関するサポートを行う施設として2010年度に設置された組織である。「生物機能情報分析室」「光学解析室」「情報管理解析室」の3つの室からなり、共同利用研究を強力にサポートする体制を整えている。また、このような機器を利用した研究とともに、それぞれの室に所属する教員は独自の研究を展開している。

## 生物機能情報分析室

<http://www.nibb.ac.jp/~analyis/>

生物機能情報分析室は、遺伝子・タンパク質解析の共同研究拠点として、基礎生物学研究所および生理学研究所の分析機器の管理・運用を行っている。超遠心機のような汎用機器から次世代DNAシーケンサーのような先端機器に至るまで、40種類70台にのぼる機器を備え、その多くは所外の研究者にも開放している。特に、機能ゲノミクスに力を入れており、次世代DNAシーケンサーと質量分析装置を利用した共同利用研究を行っている。

### 1. ゲノミクス

超高速並列DNAシーケンサーによる次世代DNAシーケンシング技術の登場は、現代の生物学に革命的な変化をもたらしつつある。生物機能情報分析室では、2週間以内で1兆塩基以上のシーケンス（ヒトゲノム数十人分に相当）をすることができるSOLiD500xlシステムとHiSeq2000システムを保有している。基礎生物学研究所共同利用研究の一環として「次世代DNAシーケンサー共同利用実験」を毎年公募し、これらを用いた次世代ゲノム研究を所内外の研究者とともに推進している。また、ゲノムインフォマティクス・トレーニングコースを年2回開催し、実験生物学者のバイオインフォマティクスのリテラシー向上にも貢献している。

### 2. プロテオミクス

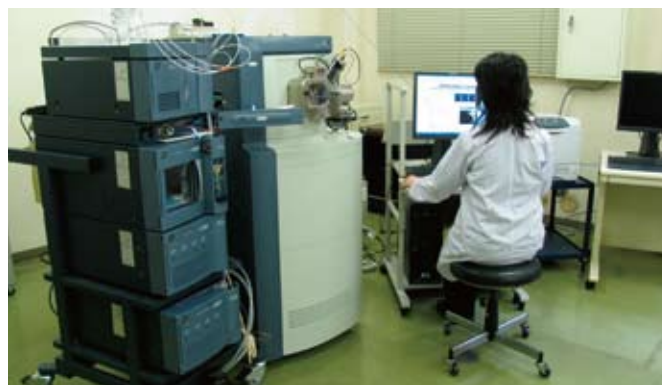
生物機能情報分析室では3つの異なるタイプの質量分析装置と2つのプロテインシーケンサーを保有している（下記参照）。特にLC-Q-TOF MS、MALDI-TOF MSはプロテオーム解析に活用されている。

- GC-Mass Spectrometer (JEOL DX-300)
- MALDI-TOF MS (Bruker Daltonics REFLEX III)
- LC-Q-TOF MS (Waters Q-TOF Premier)
- Protein sequencer (ABI Procise 494 HT; ABI Procise 492 cLC)

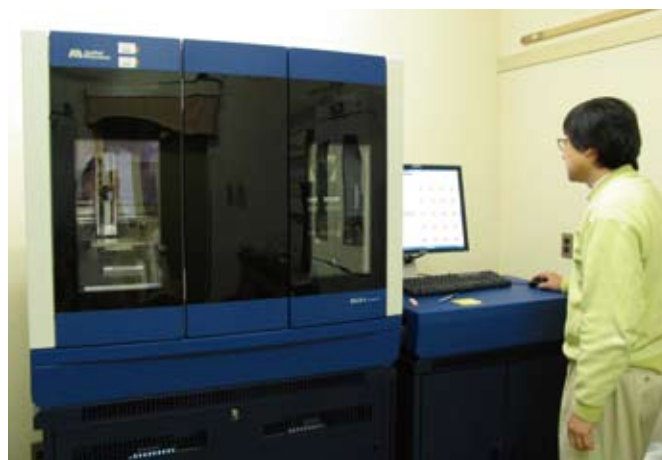
### 3. その他

様々な分光光度計、化学発光・蛍光画像解析装置、フローサイトメーター、リアルタイムPCR、高速液体クロマトグラフ、ガスクロマトグラフ、超高速遠心機など、充実した分析機器を備えている。主な機器は以下の通り、

- Flow Cytometer (Coulter EPICS XL)
- Bio Imaging Analyzer (Fujifilm LAS 3000 mini; GE FLA9000)
- Laser Capture Microdissection System (Arcturus XT)
- DNA Sequencer (ABI PRISM 310; ABI 3130xl)
- Real Time PCR (ABI 7500)
- Ultra Centrifuge (Beckman XL-80XP etc.)



Q-TOF 質量分析装置



次世代DNAシーケンサー

特任准教授  
重信 秀治



技術課技術職員  
森 友子  
牧野 由美子  
山口 勝司

博士研究員  
北爪 達也

技術支援員  
浅尾 久世  
藤田 みや子

事務支援員  
市川 真理子

## 光学解析室

<http://www.nibb.ac.jp/lspectro/>

光学解析室は共同利用研究のために、「光」をツールとする研究機器の管理・運営と、共同利用研究促進のために技術職員による操作等の技術的側面からのサポートならびに、研究者による学術的な側面からのサポートを行っている。

設置機器は、大型スペクトログラフ、共焦点顕微鏡、および、特殊な顕微鏡類がある。

## 1. 大型スペクトログラフ

大型スペクトログラフは世界最大の超大型分光照射設備で、波長 250 ~ 1000 ナノメートルの紫外・可視・赤外光を全長約 10 メートルの馬蹄型の焦点曲面に分散させ、強い単色光を照射することが可能である。地球上でありうる光環境を再現できる強力な光源を使用しており、生命体が受ける刺激光を個体レベルで照射することができる。強力な単色光を多波長同時に照射することが可能であるため、アクションスペクトル解析の強力なツールとして植物個体の光応答の解析などに使用されている(図 1)。

共同利用研究の「大型スペクトログラフ利用共同利用実験」として広く利用者を公募しており、多くの大学や研究機関の研究者と共同研究を実施している。

## 2. バイオイメージング機器

光学解析室はバイオイメージングに必要な顕微鏡および画像解析用ワークステーションも取り揃えている。一般に市販されている共焦点レーザー顕微鏡はもちろん、二光子顕微鏡、さらには、高速で 3 次元画像取得が可能な DSLM (Digital Scan Light-sheet Microscope: 図 2)、生体内単一細胞レベルで遺伝子発現誘導を行える IR-LEGO (Infrared Laser Evoked Gene Operator: 図 3) 顕微鏡など、特殊な顕微鏡も設置しており、観察だけでなく顕微鏡を使って生体を操作するようなイメージング技術(次世代顕微鏡)で共同研究を強力に推進している。

共同利用研究の「DSLM 共同利用実験」や「個別共同利用研究」により、所内外の研究者との共同研究を実施している。

特任准教授  
亀井 保博



技術課技術職員  
東 正一  
斎田 美佐子

技術支援員  
市川 千秋  
石川 あずさ

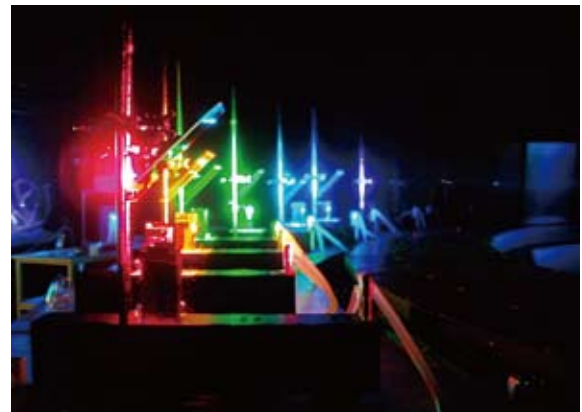


図 1. 大型スペクトログラフ実験風景

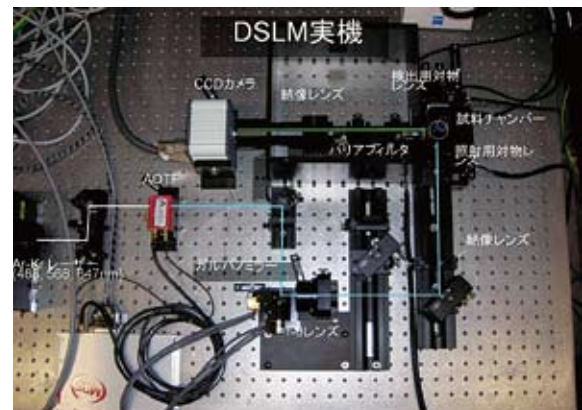


図 2. DSLM 実機光路図



図 3. IR-LEGO を使った実験風景

# 生物機能解析センター

情報管理解析室

<http://www.nibb.ac.jp/cproom/>

情報管理解析室は、高速・大容量の計算機を利用した大規模なデータ解析を含む生物学研究の支援を行っている。ゲノムや遺伝子、タンパク質などのデータベースに基づいて、配列解析、発現データ解析、画像処理解析などの解析プログラムの作成、実行や、独自のデータベースの構築などを行い、Web を介してその成果を全世界に向けて配信するまでの一連の処理のサポートを行っている。合わせて、所内の超高速ネットワークシステムの維持管理を行うと共に、計算機・ネットワークの利用に関する相談への対応や、新しいサービスの導入なども行い、所内外の情報交換の基盤を支えている。

## 生物情報解析システム

256GB のメインメモリを搭載する共有メモリ型計算サーバと、256core を搭載する大規模分散処理用計算クラスター、総容量 200TB のストレージを搭載したファイルサーバを保有し、Infiniband により各システム間を高スループットで接続している。また、BLAST/FASTA 等の分子生物学関連アプリケーションに加えて、遺伝子発現解析ソフトウェア GeneSpring や数値解析ソフトウェア MATLAB などのアプリケーションも利用できる。特に MATLAB については、大規模分散処理用計算クラスターと連携して並列処理が可能となっている。

## ネットワークシステム

岡崎 3 機関で構成する ORION2009 ネットワークシステムの保守、運用に携わっている。ORION2009 ネットワークシステムでは、利用者端末まで 1Gbps の通信速度で接続し、高スループット化する分析機器などのデータ交換に貢献している。また、無線アクセスポイントの整備、スパムフィルタ、ファイル便、ゲストアカウントシステムなどのネットワークアプリケーションの提供も行っている。加えて、2011 年度に支線スイッチまでの回線容量の増加や 10Gbps スwitch の導入などの増強を予定しており、より高スループット化を図る準備を進めている。

## データベース

様々なモデル生物における遺伝子・タンパク質の配列や、画像・動画等を載せたデータベースを、所内の研究者と共同で構築している。データベースは Web で公開され、毎月数千～数万件のアクセスがあり、国内外の研究者に幅広く利用されている。

- ・ MBGD 微生物ゲノム比較解析データベース  
<http://mbgd.nibb.ac.jp/>
- ・ XDB アフリカツメガエル cDNA データベース  
<http://xenopus.nibb.ac.jp/>
- ・ PhyscoBASE ヒメツリガネゴケ統合データベース  
<http://moss.nibb.ac.jp/>
- ・ DaphniaBase オオミジンコ cDNA データベース  
<http://daphnia.nibb.ac.jp/>
- ・ The Plant Organelles Database 2 植物オルガネラデータベース  
<http://podb.nibb.ac.jp/Organelleme/>

助教  
内山 郁夫



技術課技術職員

三輪 朋樹

西出 浩世

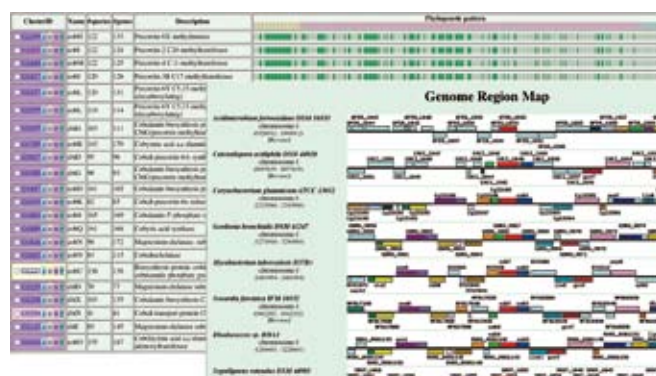
中村 貴宣

技術支援員

山本 久美



生物情報解析システム



微生物比較ゲノムデータベース MBGD



生命にとって「共生」はイノベーション（新規性創出）の大きな源である。共生によって宿主単独では生存が困難な環境に適応可能になる。アミノ酸合成、酸素呼吸、窒素固定、発光—これらの生化学的能力を共生によって獲得した生物種は枚挙に暇がない。私たちは、昆虫アブラムシとその共生細菌ブフネラの共生系をモデルに、共生を支える分子・遺伝子基盤とその進化を研究している。最先端のゲノム科学を駆使したアプローチが特徴である。

図 昆虫アブラムシはブフネラと呼ばれる共生微生物を持っておりお互い相手無しでは生存不可能である。(左) エンドウヒゲナガアブラムシ。(右) アブラムシ卵巣内で発生中の卵にブフネラ(内部の小さい顆粒)が垂直感染の様子。スケールバーは 20 μm。

## 宿主昆虫と共生細菌のゲノム解読

近年、「共生」の重要性に強い関心が持たれている。地球上には様々な形の共生が観察されるが、われわれがこれまで考えていた以上に、共生が生命進化や生態系において重要な役割を果たしていることが明らかになってきたからである。身近な例では、ヒトの体内および体表には、ヒト細胞の 10 倍もの数の微生物が存在し、われわれはその多くと共生関係にある。また、細胞内小器官ミトコンドリアがかつては独立した細菌であった、と考える「細胞内共生説」は今や広く受け入れられている。私たちは、最先端のゲノム科学で共生を理解する「共生ゲノム学」を開拓してきた。

モデルとして、アブラムシと共生細菌「ブフネラ」の細胞内共生系を研究している。半翅目昆虫アブラムシは腹部体腔内に共生器官を持ち、その細胞内に共生細菌ブフネラを恒常的に維持している。両者の間には絶対的な相互依存関係が築かれ、お互い相手無しでは生存できない。アブラムシは餌である植物の師管液に不足している栄養分（必須アミノ酸など）をブフネラに完全に依存しているからである。私たちは、宿主昆虫と共生細菌両方のゲノムを解読することに成功した（文献 1,4）。その結果、栄養分のアブラムシ/ブフネラ間のギブアンドテイクの関係が遺伝子レパートリーの相補性という形で見事に表れていることが明らかになった。また、多細胞生物としては例外的に細菌に対する免疫系の遺伝子の多くが失われていた。

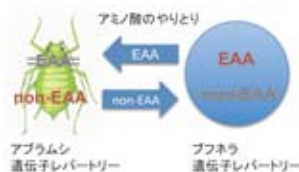


図 1. アミノ酸のアブラムシ/ブフネラ間のギブアンドテイクの関係が遺伝子レパートリーの相補性という形で表れている。EAA: 必須アミノ酸、non-EAA: 可欠アミノ酸

## 次世代シーケンサーによる非モデル生物のトランスクリプトーム解析

私たちは、次世代シーケンサーを用いた網羅的遺伝子発現解析をアブラムシ共生系に適用した（投稿中）。共生器官には予想通りアミノ酸代謝に関わる遺伝子が高発現

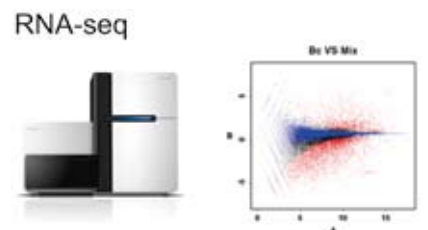


図 2. 次世代シーケンサーを用いた網羅的遺伝子発現解析 RNA-seq は強力なポストゲノムツールである。

していることが確認できただけでなく、ホメオボックス転写因子や、新規分泌タンパク質も同定した。

この過程で開発したライブラリ調製法からインフォーマティクスに至る一連の技術を、アブラムシだけでなく他の新興モデル生物や非モデル生物のトランスクリプトーム解析に応用できるように汎用化し、共同利用研究に生かしている。

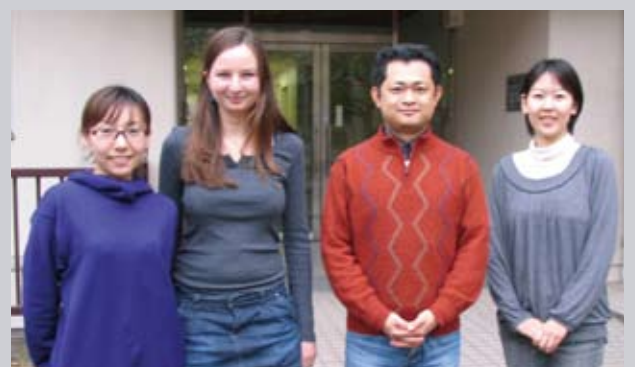
### 参考文献

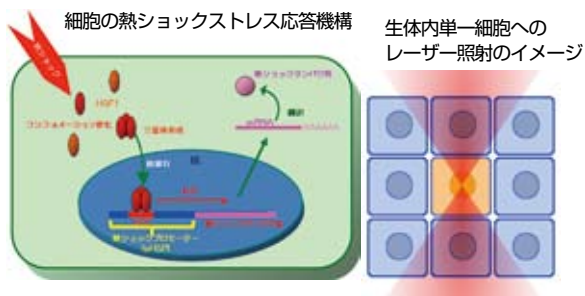
- Shigenobu, S., Watanabe, H., Hattori, M., Sakaki, Y., and Ishikawa, H. (2000). Genome sequence of the endocellular bacterial symbiont of aphids Buchnera sp APS. *Nature* 407, 81-86.
- Nakabachi, A., Shigenobu, S., et al. (2005). Transcriptome analysis of the aphid bacteriocyte, the symbiotic host cell that harbors an endocellular mutualistic bacterium, Buchnera. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 102, 5477-5482.
- Shigenobu, S., et al. (2010). Comprehensive survey of developmental genes in the pea aphid, *Acyrtosiphon pisum*: frequent lineage-specific duplications and losses of developmental genes. *Insect Mol Biol.* 19, 47- 62.
- International Aphid Genomics Consortium. (2010). Genome sequence of the pea aphid *Acyrtosiphon pisum*. *PLoS Biol.* 8, e1000313.

特任准教授  
重信 秀治



技術支援員  
橋山 友美  
鈴木 みゆず





生物は「いつ」「どこ」で各遺伝子を ON/OFF にするかにより、組織や器官の形を作り、また様々な生理を制御し個体を維持している。調べたい遺伝子を自由に ON/OFF できれば、しかも、狙った細胞でその発現を制御できれば、遺伝子機能解析の強力なツールとなる。光による遺伝子発現顕微鏡技術を開発し、これらの問題に取り組んでいる。熱ショック応答を利用するこの技術は様々な動物や、生物に応用できるが、主にメダカを使って様々な遺伝子の機能解析を行っている。

## 生体内単一細胞遺伝子発現顕微鏡

大腸菌から動物や植物に至るほとんどすべての生物は熱によるストレスから細胞を守るストレス応答機構である熱ショック応答機構（上図）を持つ。この応答機構を利用し、熱ショックタンパク質遺伝子の上流に位置する熱ショックプロモーター（上図黄色部分）の下流に目的遺伝子を入れ替れば、熱ショックで目的の遺伝子発現が可能になる。一般には遺伝子組み換え個体全体を温浴させることで全身性に目的遺伝子を発現させる。

一般に遺伝子の発現は時期、あるいは組織や細胞によっても異なるので、遺伝子機能を解析するには全身性の発現ではなく、細胞レベルで発現を制御する必要が生じる。そこで、赤外線が生体内の単一細胞を温める（上図右）ことで目的遺伝子を発現させる顕微鏡（IR-LEGO）を開発した（文献 3）。

IR-LEGO の原理は、ほとんど全ての生物に共通した熱ショック応答で、遺伝子組み換えが可能ならば生物であれば応用することができる。モデル動物である線虫、メダカ、ゼブラフィッシュや、モデル植物であるシロイヌナズナにおいても応用可能なことが分かっている（図 2、文献 2）。

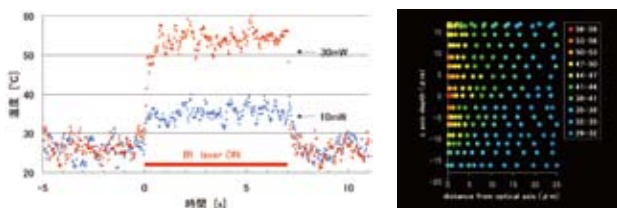


図 1. 赤外線照射に伴う局所温度変化（経時変化と三次元温度分布）  
赤外線レーザー照射に伴い焦点付近は急激に温度がジャンプし、照射中は一定に保たれる（左）。三次元的には十数ミクロンの範囲が加熱される（右）。

## メダカをモデルにした遺伝子機能解析

遺伝子機能の解析は、本来生体内で行うことが理想である。胚発生から成体まで、そして疾患や行動と遺伝子との関わり

合いを調べられるモデルとしてメダカは様々な利点を持つ。遺伝子機能解析には変異体が有用であるが、メダカでは逆遺伝学的変異体作製ができなかった。メダカ変異体をライブラリー化することで、逆遺伝学的に変異体を作製できる方法（TILLING 法と呼ばれる）をメダカに応用して、目的遺伝子の変異体をスクリーニングできるようにした（文献 1）。さらに組織レベルで遺伝子機能を調べるために、現在は、組換え酵素を利用したシステムを TILLING 法と組み合わせることで条件的遺伝子破壊を行える系の確立を目指している。組換え酵素を熱ショックで誘導すれば IR-LEGO との組み合わせで細胞レベルでの時期・細胞特異的な遺伝子破壊を行えるようになる。



図 2. IR-LEGO 顕微鏡システム  
生体内の単一細胞や局所領域で遺伝子発現誘導を行うための顕微鏡 IR-LEGO 実機（左）。メダカにおける GFP の局所発現誘導の例（右）

### 参考文献

1. Ishikawa, T., Kamei, Y., Otozai, S., Kim, J., Sato, A., Kuwahara, Y., Tanaka, M., Deguchi, T., Inohara, H., Tsujimura, T., and Todo, T. (2010). High-resolution melting curve analysis for rapid detection of mutations in a Medaka TILLING library. *BMC Mol. Biol.* 11, 70.
2. Deguchi, T., Itoh, M., Urawa, H., Matsumoto, T., Nakayama, S., Kawasaki, T., Kitano, T., Oda, S., Mitani, H., Takahashi, T., Todo, T., Sato, J., Okada, K., Hatta, K., Yuba, S., and Kamei, Y. (2009). Infrared laser-mediated local gene induction in medaka, zebrafish and *Arabidopsis thaliana*. *Dev. Growth Differ.* 51, 769-775.
3. Kamei, Y., Suzuki, M., Watanabe, K., Fujimori, K., Kawasaki, T., Deguchi, T., Yoneda, Y., Todo, T., Takagi, S., Funatsu, T., and Yuba, S. (2009). Infrared laser-mediated gene induction in targeted single cells in vivo. *Nat. Methods* 6, 79-81.

特任准教授  
亀井 保博

技術支援員  
蟹江 裕太

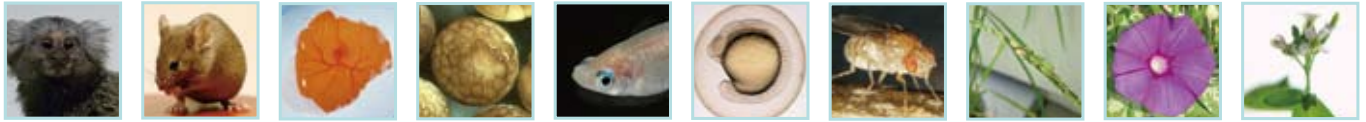






# モデル生物研究センター

近年の生物学は、生命現象の解析に適した生物をモデル生物として選定し、それを集中的に研究することによって、飛躍的な発展を遂げてきた。モデル生物研究センターは2010年の改組により誕生した組織であり、生物学研究の基盤となるそのようなモデル動植物等について、飼育栽培のための設備を提供するとともに、形質転換体や突然変異体の開発や保存、さらには解析研究の支援を行っている。また、「モデル生物・技術開発共同利用研究」や「個別共同利用研究」等により、基礎生物学研究所の共同利用研究の活動をサポートしている。



## モデル動物研究支援室

モデル生物研究センター モデル動物研究支援室は、基礎生物学研究に必要なモデル動物の飼育を行うと共に、形質転換体の開発・解析・系統維持を行なうための施設である。

施設は研究者・施設スタッフ・動物・飼育器材・機器類の動線を明確にし、動物や作業者の健康保持と汚染防止に努め、高い精度の動物実験を行なうという概念のもとに作られている。山手地区施設は、クリーンエリアとセミクリーンエリアを厳密に区分してSPFマウスの管理が行われている。バリア区域内に、SPFマウス飼育室、胚操作実験室、行動解析実験室を備える。遺伝子ノックアウトマウス・トランスジェニックマウスなどの遺伝子操作マウスの開発・飼育維持・解析を行ない、開発したマウス系統を受精卵凍結法により系統保存を行っている。明大寺地区施設には、SPFマウス飼育室、行動解析のための小型動物総合解析室、ウイルス実験のためのP3実験室を備え、遺伝子操作マウスの飼育・解析が行われている。

また、小型魚類・鳥類を用いた実験と飼育も行われている。効率的な飼育が可能のように、照明と温度が制御できる小型魚類のための自動循環水槽や大量のニワトリ卵を孵卵できる恒温室などが装備されている。

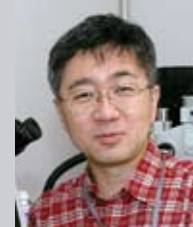
このような飼育施設を積極的に活用し、前身である形質転換研究施設時代を含めて、2002-2008年度まで基礎生物学研究所はナショナルバイオリソース・マウスの実施機関に指定され、形質転換マウスの開発を担当した。また、2007年度からはナショナルバイオリソース・メダカの中核機関に指定されている。

准教授  
渡辺 英治



技術課技術職員  
林 晃司  
野口 裕司

准教授  
田中 実



技術支援員  
市川 洋子  
高木 由香利  
杉永 友美

准教授  
成瀬 清



稲田 洋介  
稲田 順一  
松村 匡浩

モデル生物研究センター モデル動物研究支援室 (山手地区)



## モデル植物研究支援室

多様な植物の栽培と、他の施設では困難な動物の飼育を支援している。研究棟内にはインキュベーターや恒温室を備えており、特殊条件下での育成や、P1PとP1Aレベルの遺伝子組換え実験に対応している。また、植物科学最先端研究拠点ネットワークで整備されたWeb経由で植物を観察できる植物環境制御システムと、限界環境下で生育させた微細藻類を対象にした光合成機能解析装置が、広く国内の研究者に開放されている。さらに屋外には、温室、圃場、圃場管理棟が設置されており、うち温室1棟ではP1Pレベルの遺伝子組換え実験が可能である。これらの施設では、シロイヌナズナ、ミヤコグサ、ヒメツリガネゴケ、アサガオ、イネ、イグサ、オジギソウ、食虫植物などの植物や、メダカ、クルマシソガ、ランカマキリなどの動物が育成されている。

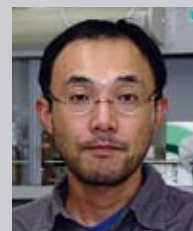
一方、基礎生物学研究所はナショナルバイオリソースプロ

ジェクト・アサガオの分担機関に指定されている。支援室の施設で栽培された突然変異系統と形質転換系統や、各種DNAクローンが国内外の研究者に提供されている。

助教  
星野 敦



助教  
梅根 一夫



技術課技術職員  
諸岡 直樹

技術支援員  
鈴木 恵子

恒温室



植物環境制御システム



## 器官培養研究支援室

単細胞生物から多細胞生物までの細胞・組織・器官等を種々の物理的（光・温度）、化学的（ガスの組成）環境条件のもとで培養する。さらに、遺伝子解析システムを用いての遺伝子のクローニングや構造解析、また遺伝子組換え実験室（P1～P2）では大腸菌を宿主とする組換え実験をはじめ、ウィルスの分離及び動物細胞への外来遺伝子導入などの実験が行われている。

助教  
濱田 義雄



技術支援員  
杉永 友美

培養室（明大寺地区）



# ナショナルバイオリソースプロジェクト

ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) は、ライフサイエンス研究の基礎・基盤となるバイオリソース (動物、植物等) について収集・保存・提供を行うとともに、バイオリソースの質の向上を目指し、保存技術等の開発、ゲノム等解析によるバイオリソースの付加価値向上により時代の要請に応えたバイオリソースの整備を行うプロジェクトである。基礎生物学研究所では、メダカの中核機関、およびアサガオの分担機関として、プロジェクトの一端を担っている。

## NBRP メダカ

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

2007年度より基礎生物学研究所はメダカバイオリソースプロジェクト (NBRP Medaka) の中核機関に選定され、分担機関の新潟大学と連携しバイオリソース事業を推進している。

NBRP Medaka ではメダカライブラリソース (680種類に及び汎用系統、突然変異系統、遺伝子導入系統、近交系、野生系統、近縁種)、ゲノムリソース (33種類のcDNAライブラリーに由来する約40万のcDNAクローン (約23,000種類の異なった配列を含む) 及びメダカゲノム全体をカバーするBAC/Fosmidクローン)、胚操作及びライプメイジングに不可欠な孵化酵素の3リソースを全世界に向け提供している。これらのバイオリソースはウェブサイト上のデータベースによりキーワード、配列相同性、発現プロファイルなど様々な方法で検索することができる。2010年度からはTILLING法によって作られた変異体ライブラリーから、High resolution melting法により変異遺伝子をスクリーニングし、特定遺伝子の変異体を同定するシステムの提供も開始した。これにより逆遺伝学的手法による研究の推進体制を構築することができた。

2007-2009年度にはゲノム情報等整備プログラム「メダカ完全長cDNAリソースの整備」(研究代表者:成瀬清)が採択され、11種類の完全長cDNAライブラリーに由来

する260,000クローンの両端配列及び17,000種類の異なったクローンの全長配列を決定した。また基盤技術整備プログラム「メダカ遺伝子機能解析汎用系統の開発」(研究代表者:田中実)も採択され、熱ショックプロモーターを用いてCRE-recombinaseを任意の細胞系列で発現させることができる系統も開発された。現在は開発系統の提供準備を進めている。2010年度には近交系5種(Hd-rIII1, HNI-II, Kaga, HSOK, Nilan)のゲノム塩基配列をゲノム100X相当のカバー率でリシーケンスすることができた(「近交系リシーケンスによるゲノム多型情報の整備」(研究代表者:成瀬清)。このデータによりリファレンスゲノムの質的向上をはかるとともに、新たな近交系ゲノム塩基配列を提供できる体制を構築している。



## NBRP アサガオ

基礎生物学研究所は、ナショナルバイオリソースプロジェクト・アサガオの分担機関として、中核機関の九州大学と連携して活動している。アサガオは日本独自のバイオリソースで、江戸時代の園芸ブームに起源を持つ多様な突然変異体が存在する。実験植物として優れた性質と、花色、つる性、鋭敏な日長感受性など、研究対象として興味深い性質も持っている。基礎生物学研究所では、おもに突然変異系統と各種DNAクローンを収集して保存し、国内外の研究者に提供している。また、複数の突然変異を併せ持つ系統が多いため、表現型の情報だけでなく、遺伝子レベルで鑑別した突然変異の情報も提供している。各種DNAクローンのうちESTクローンは花や実生に由来する62,000クローンを保有し、その配列情報をデータベース化している。BACクローンは56,000クローンを保存しており、必要なクローンを

選抜できるシステムも提供している。現在、アサガオの全ゲノム配列が別プロジェクトで解読されつつあり、変異系統やDNAクローンの情報を統合することで、リソースの付加価値の向上と、利用者の増加が見込まれている。(担当:星野 敦)



# 植物科学最先端研究拠点ネットワーク

二酸化炭素濃度の上昇に伴う地球温暖化、人口増加による食料不足、化石資源の減少に伴うバイオマスの需要拡大など、私たちの地球は様々な問題に直面しています。これらの問題解決において植物科学が担うべき役割は大きく、例えば植物に特徴的な機能である光合成機能を向上させることにより「二酸化炭素の大幅な削減（低炭素社会実現）」への貢献が期待されます。

「低炭素社会実現に向けた植物研究のための基盤整備」は、このような状況において文部科学省最先端研究基盤事業の補助対象事業として2010年度採択されました。同時に、世界レベルの技術基盤を有している大学・研究所の基盤を集中整備、更に拠点間の連携強化を推進する「植物科学最先端研究拠点ネットワーク」を立ち上げ、国内外の研究者がアクセスしやすい研究環境を提供し、幅広い研究の多様なアプローチを組織的に支援する体制を構築しました。研究ネットワークの強化と研究支援により、持続的食糧生産や有用なバイオマス増産および二酸化炭素の固定化・資源化など、循環型社会に貢献しグリーン・イノベーションに資する植物科学研究を推進します。

基礎生物学研究所は、分担機関の一つとして2010年度に次世代DNAシークエンサーシステム、光合成機能解析装置（藻類）、植物環境制御システム（画像配信型）を導入しました。

## 「次世代シークエンサーシステム」

次世代シークエンサー（HiSeq2000）を用いた変異体の Resequencing, RNA-seq, ChIP-seq 法により、迅速な原因遺伝子の同定や網羅的遺伝子発現プロファイル、クロマチン修飾解析等を行うための共同利用研究を支援します。

**次世代DNAシークエンサーシステム**



変異体の Resequencing → 迅速な変異同定  
RNA-seq 法 → 網羅的遺伝子発現解析  
ChIP-seq 法 → 植物のクロマチン修飾  
転写因子直接ターゲット解析

Illumina HiSeq 2000

## 「光合成機能解析」

藻類の多様な環境条件における光合成機能解析により、光合成機能増大のための遺伝子同定や、バイオエネルギー生産へつながる植物代謝制御システムを明らかにするための研究を支援します。

**光合成機能解析（藻類）**



強光条件、嫌気条件などの限界環境下で生育させた微細藻類の光合成機能解析が可能

CelliGen 310 大型冷却遠心機

## 「植物環境制御システム」

画像データ配信システムにより、遠隔地からの長期環境応答モニタリングが可能になります。利用可能施設は、ネットワークカメラ付き植物育成チャンバー3室で、夜間は赤外線補助ランプによる観察も可能です。3室のうち1室は、CO<sub>2</sub>濃度を大気中濃度～2,000 ppmの範囲で制御できます。

**植物環境制御システム（画像データ配信型）**



A大学 B大学  
共同利用研究者への画像データ配信  
サーバーモニタリング  
植物の環境応答や変異体の表現型を長期モニタリングができる人工気象器  
画像データはインターネットを介して外部からアクセスすることが可能

# 情報・戦略室

情報・戦略室は、基礎生物学研究所における研究教育活動全般にわたる実績等を一括して取りまとめ、点検評価活動や対外的なプレゼンテーション、将来計画の策定等において必要となる資料等を作成・整備することにより、所長による研究所運営をサポートすることを主な任務としている。

基礎生物学研究所は、各研究室における基盤研究に加えて、共同利用、国際連携、新研究領域開拓、若手研究者育成等の多岐にわたる活動を行っている。このような諸活動に関する実績資料を一括して整備することは、点検評価活動において必須であるばかりでなく、研究所の活動を外部に対して有効にアピールするためにも、また長期的な研究所運営のための基礎資料として重要である。情報・戦略室はこのような資料整備を集中して行っている。

## 現在行っている主な活動

1. 自己点検評価並びに外部点検評価のための資料収集と取りまとめ
2. 外部点検評価会議開催に関する庶務
3. 研究所の年間研究業績資料としての「Annual Report」編集・出版（広報室と連携）
4. 中期目標・中期計画並びに年度計画作成及び年度実績取りまとめの補佐
5. 研究所の研究業績データベースの整備・維持・統括（受付事務室と連携）
6. 研究所の歴史的資料（アーカイブズ）蓄積のための体制整備

室長  
西村 幹夫



准教授  
児玉 隆治



外部点検評価会議



基礎生物学研究所の最新の研究成果や活動を、広く社会に向けて発信することを任務としている。また、研究所のアウトリーチ活動のコーディネートを担当している。

広報室では、基礎生物学研究所の研究成果や活動を、様々な形で、広く発信する活動を行っている。

・報道機関に向けては、プレスリリースの発行を通じて、研究成果や活動を、迅速かつ正確に情報発信することを目指している。

・基礎生物学研究所ホームページは、大学共同利用機関として、研究所を利用する研究者や学生を対象に、生物学研究に関する情報が取り出しやすい様に工夫している。また、国際研究拠点として、海外の研究者や学生に向けて、英語による情報発信にも力を入れている。

・広く一般に向けた情報発信として、基礎生物学研究所WEBマガジン（ホームページ）の運営や、「研究に情熱を注ぐ人たち」などのリーフレット作成を行っている。

・映像を活用し、研究者自身の言葉で研究成果を伝える活動をサポートしている。また、「モデル生物の世界」シリーズなど、生物学研究を紹介する映像の企画を行っている。

・顕微鏡観察など体験型の展示の企画を行っている。

・次世代の研究者育成の視点から、「出前授業」などの学校教育への協力活動を行っている。

## 現在行っている主な活動

1. プレスリリースの発行
2. 研究所ホームページのコンテンツ制作
3. 要覧・パンフレットの編集
4. 基礎生物学研究所 WEB マガジンの企画・運営
5. 研究者インタビューシリーズの企画・運営
6. 映像制作
7. 基礎生物学分野の展示の企画・運営
8. 出前授業等のアウトリーチ活動のコーディネート
9. 所内ニュースレター「基生研ニュース」の編集

広報委員長  
藤森 俊彦



特任助教  
倉田 智子



リサーチアシスタント  
Kawaguchi, Colin

事務補佐員  
太田 京子



広報室制作のパンフレット類

岡崎市図書館交流プラザ「りぶら」で開催したイベントの様子



# 国際連携室

国際連携室は、基礎生物学研究所が行う国際的な学術交流事業を運営するための組織である。その主たる業務は、基礎生物学研究所が主催する各種国際会議や国際実習コースの企画・運営、そして海外（特に提携中の大学 / 研究所）への研究者派遣のサポートである。

基礎生物学研究所は 2005 年より欧州分子生物学研究所 (European Molecular Biology Laboratory)、2009 年よりマックス・プランク植物育種学研究所、2010 年よりテマセク生命科学研究所、プリンストン大学と学術交流協定に基づいた様々な連携活動を行っている。国際連携室はそれらの大学 / 研究所との共同研究のサポートや共同開催する国際会議の運営を担っている。

また、当研究所が主催する生物学国際高等コンファレンスや基礎生物学研究所コンファレンス、および基礎生物学研究所国際実習コースの企画・運営を行っている。

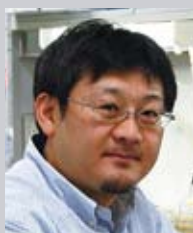
## 現在行っている主な活動

1. 欧州分子生物学研究所との共同研究の推進と合同国際会議の開催
2. マックス・プランク植物育種学研究所（ドイツ）との共同研究の推進と合同国際会議の開催
3. テマセク研究所（シンガポール）との共同研究の推進と合同国際会議の開催
4. プリンストン大学（アメリカ）との共同研究の推進と合同国際会議の開催
5. 生物学国際高等コンファレンス (Okazaki Biology Conferences (OBC)) の企画・運営
6. 基礎生物学研究所コンファレンス (NIBB Conference) の企画・運営
7. 基礎生物学研究所国際実習コース (International Practical Course) の企画・運営

国際連携委員長  
吉田 松生



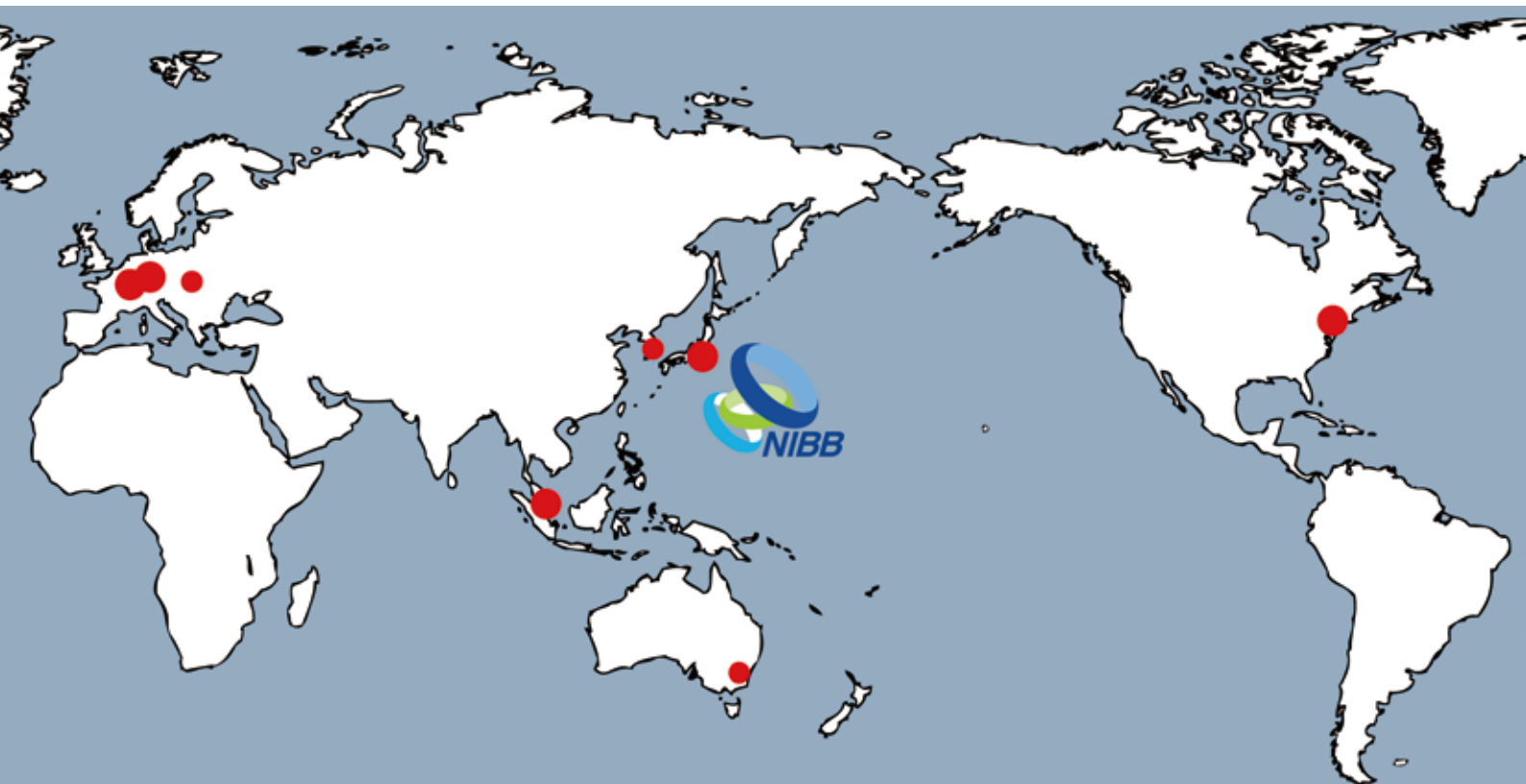
助教  
鎌田 芳彰



事務支援員  
太田 美咲  
高橋 律江

中根 香織

国際連携活動





# 受付・事務室

受付・事務室は、所外および所内からの問い合わせに対応し、受付窓口として来客応対、郵便物・宅配便の受取・発送を主な業務としている。さらに、人事情報管理の一環として、基生研アーカイブス作成のための資料収集とともに、電話番号簿の作成、備品管理等を行っている。受付・事務室の業務は野田昌晴主幹が統括している。

## 受付の主な業務

### 1. 受付業務

来客応対、宅配便・郵便物の受取・発送、事務センターとの連絡便の授受

### 2. 人事管理

電話番号簿・ネームプレート（機構採用以外）の作成、休暇簿の保管、各種メーリングリスト管理

### 3. 備品管理

物品使用簿（現「個別資産台帳」）・備品リストの保管

### 4. 情報収集

基生研アーカイブス作成のための資料収集、諸活動に関する機構外への情報提供他

### 5. 経理

共通経費・技術課経費事務

### 6. その他

各種事務手続きの書類・印刷物の管理、掲示物の管理、所内で行われる各種セミナーの対応、基生研平面図の作成、鍵の管理、会議室等共通室の管理、ドアの看板作成

事務支援員  
都築 志保子  
片岡 ゆかり  
宇野 智子  
宮田 治子

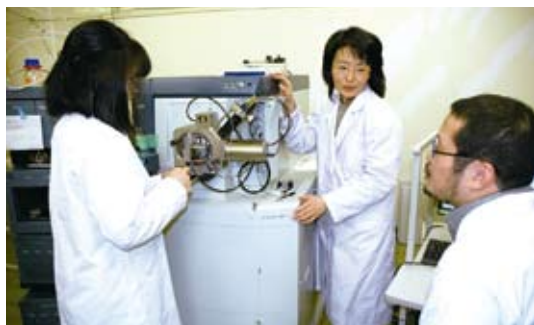
受付・事務室（明大寺地区）



# 技術課

技術課は所長に直属した技術者の組織で、専門性の高い技術を通してさまざまな分野で研究所の研究活動を支援している。すべての技術職員は技術課に所属しているが、日常は研究施設や研究部門へ配属されて研究支援業務を行っている。また、セミナーや研修等の技術課の活動を通して、最新の情報や技術の習得、向上に努めている。

技術職員は、研究施設においては、各種分析機器の保守管理及び測定、大型スペクトログラフ及び各種顕微鏡の保守管理、コンピュータネットワーク及び生物データベースの構築や維持管理、実験動植物の飼育・栽培や施設の管理、アイソトープ実験施設の管理等を行っている。研究部門においては、研究者のもとで、実験材料の調製、遺伝子やタンパク質等の解析、形態観察、細胞及び組織の培養、形質転換生物の作成等を行い、幅広い高度な技術で研究を支援している。技術課では、研究支援業務を円滑に行い、技術の向上や幅広い知識を得るために、課内外においてさまざまな活動や研修を行っている。



課内研修



課内セミナー

## 1. ミーティング：

毎月曜日に技術課長から教授会議、委員会等の報告を受け、課の運営を議論し、日常業務の連絡や技術的な情報交換を行っている。

## 2. 課内セミナー：

ミーティング終了後に、配属先で携わっている日常業務に関する技術について、情報交換を行っている。

## 3. 技術報告会：

研究支援における幅広い高度な専門技術の習得を目的に、一年間の日常業務に関する技術の成果をまとめて発表し、討論することにより、情報交換及び技術・知識の向上に努めている。

## 4. 課内研修：

新しい技術を習得し専門技術の幅を広げるため、技術情報の交換、実験機器の操作や実験方法の実習及び外部講師等による技術研修を行っている。また、実験を行う上での安全教育等も行っている。

## 5. 生物学技術研究会：

全国の大学や研究機関の生物学の研究分野に携わる技術職員との技術交流や情報交換を目的に毎年開催している。日常関わっている幅広い分野での研究支援の成果や問題点を発表し、討論することにより資質の向上を目指している。



生物学技術研究会





技術課長 古川 和彦

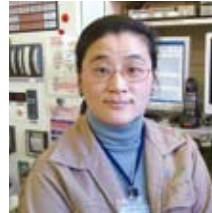
研究施設技術班



技術班長 三輪 朋樹



技術係長 東 正一



技術係長 松田 淑美



技術係長 森 友子



技術主任 澤田 薫



技術主任 林 晃司



技術主任 牧野 由美子



技術主任 山口 勝司



技術職員 飯沼 秀子



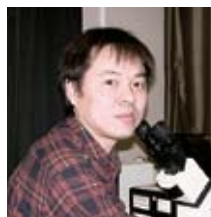
技術職員 西出 浩世



技術職員 中村 貴宣



技術職員 野口 裕司

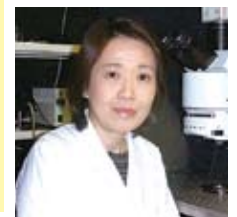


技術職員 諸岡 直樹



技術職員 齋田 美佐子

研究系技術班



技術班長 小林 弘子



技術係長 大澤 園子



技術係長 近藤 真紀



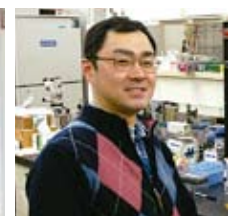
技術係長 田中 幸子



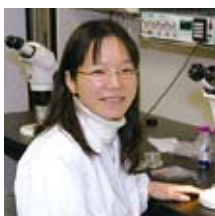
技術係長 水谷 健



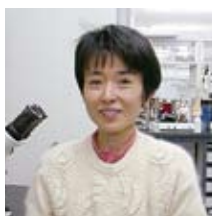
技術主任 壁谷 幸子



技術主任 竹内 靖



技術職員 高木 知世



技術職員 内海 秀子



技術職員 岡 早苗



技術職員 野田 千代



技術職員 高瀬 (水口) 洋子

技術支援員

- 伊藤 崇代
- 鈴木 恵子
- 市川 千秋
- 市川 洋子
- 高木 由香利
- 山本 久美
- 西村 紀子

事務支援員

- 市川 真理子
- 石川 あずさ
- 片岡 ゆかり
- 都築 志保子
- 宇野 智子
- 宮田 治子

# 岡崎共通研究施設（基礎生物学研究所関連）

## 岡崎統合バイオサイエンスセンター

<http://www.oib.orion.ac.jp/>

センター長：高田 慎治 教授（併）

本センターは、2000年4月に岡崎3研究所の共通研究施設として設立された。設立の目的は、分子科学、基礎生物科学、生理学などの学際領域にまたがる諸問題に対して、総合的な観点と方法論を適用し、新たな生物学の分野を切り拓くことにある。現在、本センターでは、電子顕微鏡を駆使した新たな方法論の開発、さまざまなセンサータンパク質の機能解析、動植物の発生のメカニズムの解析、さらには生体を取り巻く化学物質の生物に及ぼす影響など、生物学のさまざまな分野にわたる問題を総合的に捉え、研究を展開している。現在、本センターには、次に示す3つの研究領域が設置されている。

### 時系列生命現象研究領域

発生遺伝研究部門

分子発生研究部門

神経分化研究部門

### 戦略的方法論研究領域

ナノ形態生理研究部門

生物無機研究部門

生体物理研究部門

生体分子物性研究部門

### 生命環境研究領域

細胞生理研究部門

生命環境研究部門

生命分子研究部門

神経細胞生物学研究部門



岡崎統合バイオサイエンスセンター  
所属の研究部門が集まる山手地区

## 計算科学研究センター

<https://ccportal.ims.ac.jp/>

センター長：齊藤 真司 教授（併）

計算科学研究センターは、我が国唯一の分子科学計算のための共同利用基盤センターとしての経験を活かし、分子科学計算に加えて分子科学—生物の境界領域に展開を図る岡崎共通研究施設である。機構内の岡崎3研究所はもちろん、国内外の分子科学研究者、バイオサイエンス研究者に対して大学等では処理が困難な大規模な計算処理環境を提供する共同利用施設としての基盤強化を目指している。

## 動物実験センター

センター長：箕越 靖彦 教授（併）

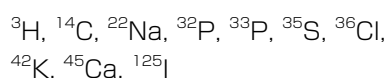
実験動物の飼育と供給、系統の保存と併せて動物実験の指導、条件整備等といった研究環境の一層の充実を図ることを目指している。

当センターは、主に分子科学、基礎生物学及び生理学研究のために放射性同位元素(ラジオアイソトープ)で標識された非密封の化合物を使用するための施設である。

センター運営は、センター長(併任)、准教授1名、技術職員3名、技術支援員2名で行われている。

使用承認核種は次のようになっている。

明大寺地区実験施設



山手地区実験施設



准教授  
小川 和男  
(放射線取扱主任者)



技術課技術職員  
松田 淑美  
(放射線取扱主任者)  
澤田 薫  
(放射線管理責任者)  
飯沼 秀子  
(放射線管理責任者)

技術支援員  
伊藤 崇予  
神谷 清美

施設利用者のための教育訓練 (R1 取扱使用者講習会)



アイソトープ実験センター



# 基礎生物学研究所・生理学研究所 共通施設

## 基礎生物学研究所が担当する施設

### 廃棄物処理室

基礎生物学研究所及び生理学研究所の研究に伴って発生する廃液や感染性廃棄物などを適正に分類・回収し、廃棄物処理業者に委託処理することで、研究所内外の環境保全を行う。

## 生理学研究所が担当する施設

### 電子顕微鏡室

透過型、走査型電子顕微鏡や共焦点レーザー走査顕微鏡を用いて生物細胞、組織または、生体分子の微細構造の観察を行う。さらに、コンピュータによる、画像処理、画像計測、画像出力（フィルムレコーダー、フルカラープリンター）も行う。

### 機器研究試作室

NC 放電加工機、精密旋盤などの精密工作機械類を設備し、大型実験装置から小型精密機器に至るまで、各種の研究実験用機器や電子機器の製作、開発や改良、補修などを行う。

共通施設棟 I

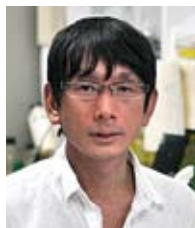


# NIBB リサーチフェロー

NIBB リサーチフェローは、若手研究者の育成を目的として2009年度よりスタートした制度で、基礎生物学研究所の運営費によって雇用される博士研究員に与えられる称号である。特に優れた若手研究者を選考して採用し、期間終了後は、研究者として自立していくことが期待されている。

## 2011年度 NIBB リサーチフェロー

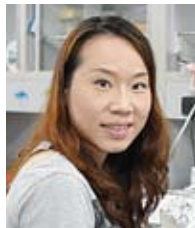
及川 和聡  
(高次細胞機構)



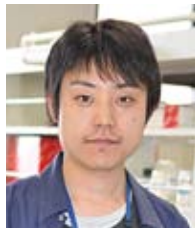
橋山 一哉  
(発生遺伝学)



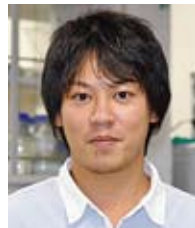
陳 秋紅  
(分子発生学)



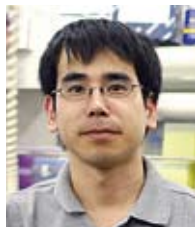
山本 耕裕  
(生殖遺伝学)



久保山 和哉  
(統合神経生物学)



大塚 正成  
(脳生物学)



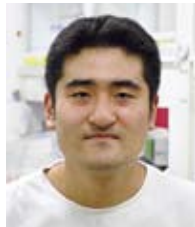
眞野 弘明  
(生物進化)



Chakraborty, Tapas  
(分子環境生物学)



大嶋 佑介  
(時空間制御)



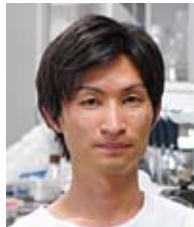
木村 哲晃  
(バイオリソース)



中村 隼明  
(生殖細胞)



岡本 暁  
(共生システム)



滝澤 謙二  
(環境光生物学)



佐藤 泰史  
(初期発生)



中易 知大  
(神経生理学)



## 2010年度 NIBB リサーチフェロー

- 及川 和聡 (高次細胞機構)
- 橋本 昌和 (形態形成)
- 橋山 一哉 (発生遺伝学)
- 陳 秋紅 (分子発生学)
- 中村 修平 (生殖遺伝学)
- 吉田 匡秀 (統合神経生物学)
- 大塚 正成 (脳生物学)
- 松永 渉 (神経生理学)
- 眞野 弘明 (生物進化)
- Chakraborty, Tapas (分子環境生物学)
- 高尾 大輔 (時空間制御)
- 小松 紘司 (初期発生)
- 岡本 暁 (共生システム)
- 滝澤 謙二 (環境光生物学)
- 木村 哲晃 (バイオリソース)
- 廣川 純也 (脳生物学)
- 佐藤 朝子 (神経生化学)
- 原 健士朗 (生殖生物)
- 玉田 洋介 (生物進化)

## 2009年度 NIBB リサーチフェロー

- 及川 和聡 (高次細胞機構)
- 橋山 一哉 (発生遺伝学)
- 中山 啓 (分子発生学)
- 中村 修平 (生殖遺伝学)
- 吉田 匡秀 (統合神経生物学)
- 松永 渉 (神経生理学)
- 佐藤 朝子 (神経生化学)
- 玉田 洋介 (生物進化)
- 小出 静代 (分子環境生物学)
- 高尾 大輔 (時空間制御)
- 原 健士朗 (生殖生物)
- 小松 紘司 (初期発生)
- 木村 哲晃 (バイオリソース)
- 田尾 嘉誉 (形態形成)
- 岡野 陽介 (生物進化)
- 赤沼 啓志 (分子発生学)
- 宮崎 さおり (生物進化)

# 岡崎共通施設

## 岡崎情報図書館

<http://www.lib.orion.ac.jp>

岡崎情報図書館は、岡崎 3 研究所の図書、雑誌等を収集・整理・保存し、機構の職員、共同利用研究者等の利用に供している。

主な機能

- ・ ライブラリーカードによる 24 時間利用
- ・ 情報検索サービス  
(Web of Science, SCOPUS, SciFinder 等)



情報図書館 外観



情報図書館 内部

## 岡崎コンファレンスセンター

<http://www.orion.ac.jp/occ>

学術の国際的及び国内的交流を図り、機構の研究、教育の進展に資するとともに、社会との連携、交流に寄与することを目的とした施設。

大会議室 200 名、中会議室 120 名、小会議室 (2 室) 各 50 名の利用ができる。



岡崎コンファレンスセンター 外観



大会議室

## 岡崎共同利用研究者宿泊施設

<http://www.occ.orion.ac.jp/lodge>

共同利用研究者等の宿泊に供するため、岡崎 3 機関の共通施設として宿泊施設「三島ロッジ」〔個室 51、特別個室 (1 人用) 9、特別個室 (2 人用) 4、夫婦室 10、家族室 20〕および「明大寺ロッジ」〔個室 14、家族室 3〕があり、共同利用研究者をはじめ外国人研究員等に利用されている。



三島ロッジ



## さくら保育園

さくら保育園は、研究と子育ての両立を支援するために設立された機構内託児施設である。生後 57 日目からの受け入れが可能で、研究者のスムーズな研究現場への復帰を支援している。

対象年齢：生後 57 日～小学校就学前まで  
(ただし、2011 年度は満 3 歳に達する年度末までに限定)

定員：13 名

利用対象者：岡崎 3 機関に常時研究等に従事する職員、来訪研究員、大学院生

開園日：月曜日～金曜日

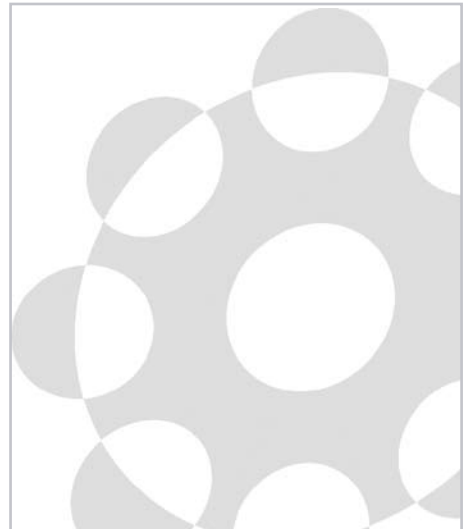
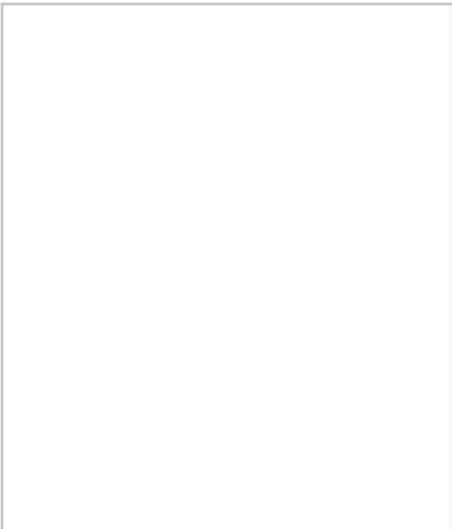
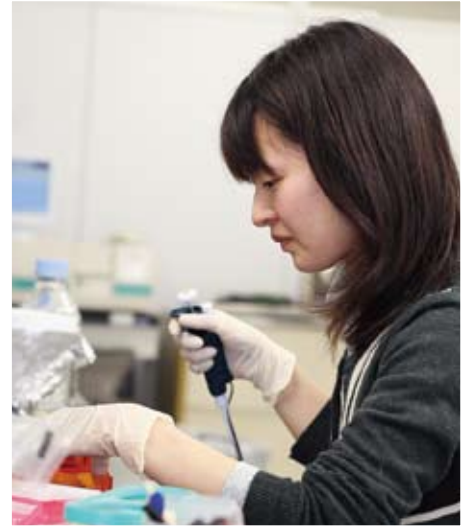
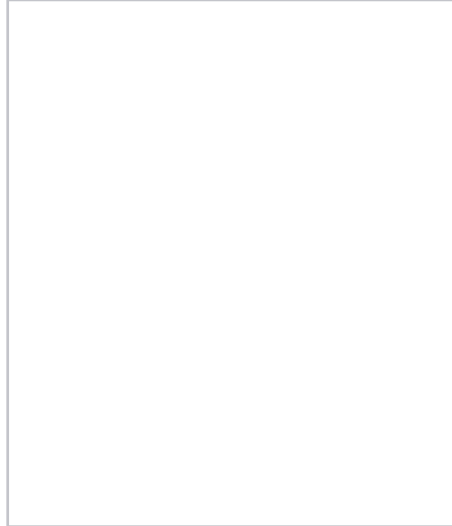
開園時間：8:00～19:00 (最大延長 20:00)

保育形態：常時保育、一時保育



さくら保育園 保育室





基礎生物学研究所で学ぶ大学院

## 総合研究大学院大学 生命科学研究科 基礎生物学専攻

基礎生物学研究所は、我が国の生物学研究の中核の一つとして最先端の施設や設備が整備されているばかりでなく、優れた創造的研究を発信し続けている教授陣を擁し、発表論文の被引用回数は我が国だけでなく世界でもトップクラスに位置しています。この優れた研究環境で将来の生物学におけるリーダーを養成することを目指して、高度な大学院教育を行っています。

自然科学の研究者になるためには自分を鍛え育てなくてはなりません、何が大事なポイントになると思いますか。テーマとする研究の背景や歴史を調べる、基本的な実験や研究手法の原理を理解して技術を身につけること、学術雑誌や学会に関連した研究の進捗状況を調べる、等々やらなければならないことがあります。最近は教科書や実験手法の解説書もたくさん刊行されているので、自分に合ったものを選んで勉強することができます。しかし、もっと大事なポイントがあります。それは、研究を進めていく上での「センス」、または「勘」なのです。今のテーマをどのように展開すればよいか、どこで収束させるとよいか、予期せぬ結果が得られた場合にどこまで追求するべきか、興味ある別の研究テーマが頭に浮かんだ時に、今踏み込むべきか、待つべきか、などの研究上の分岐点に立ち至った時に適切に行動するためには、研究に対する優れたセンスや勘が必要です。優れた研究者は皆このようなセンスや勘を持っています。それは、教科書を読んでも身に付きません。優れた研究者の身近にいて折に触れて学ぶことが必要です。ノーベル賞受賞者の弟子から受賞者が輩出することが多いのは、このような理由があると思います。研究費の多寡や研究機器の充実は大きな問題ではありません。基礎生物学研究所には、優れた研究者が溢れています。教員の数に比べて学生数が少ないので、優れたセンスや勘を学ぶ機会も多いことでしょう。

また、研究の志を同じくする友人や仲間との歓談も極めて重要です。自分の研究を理解してもらうように話すことは、考えを整理することになります。また、友人の質問から新たなヒントが得られ、研究が新しい展開を見ることもあります。総合研究大学院大学ではこのような生涯の友人を得る機会が得られることでしょう。

本年度も基礎生物学研究所では数回の大学院説明会を準備しています。数日間岡崎市に来て研究所で先端研究を経験する体験入学も行います。君の将来の夢に向かって、この機会を利用して下さい。



## 総合研究大学院大学とは

国立大学法人総合研究大学院大学は、基礎学術分野の総合的発展を目指した大学院教育を行うために、学部を持たない大学として1988年に設置されました。神奈川県葉山に本部をもち、18の学術研究機関に学生を分散配置し大学院教育を行っています。基礎生物学研究所には、生命科学研究所基礎生物学専攻があり、大学院生を募集しています。

生命科学研究所は基礎生物学専攻の他、同じ岡崎にある生理学研究所の生理科学専攻、静岡県三島市の国立遺伝学研究所の遺伝学専攻の3専攻により構成されています。基礎生物学専攻は、分子生物学を基盤として動植物にかかわる基本的、かつ、高次な生物現象を分子レベルまで掘り下げて解析する高度な研究者の養成課程です。修士課程修了者を対象とする博士後期課程と、学部卒業生を対象とする5年一貫制のコースがあり、いずれも入学時期は4月と10月の2回です。

## 基礎生物学専攻の教育基本方針

基礎生物学専攻では、生物の特徴である共通性と多様性について、普遍的な仕組みとそれを維持する機構、および多様性を生み出す変化の仕組みについて調べています。より基本的で重要な問題を発掘することに興味を持ち、それを実行できる研究者の養成を行います。

## 基礎生物学専攻の特色

### 少数精鋭の大学院教育

総研大は他大学に比べて、大学院生に対する教員数が非常に多く、それぞれの学生にあった十分な個別指導が行える体制です。現在基礎生物学専攻では、総研大生42名に対して教員数が57名で、まさに「マンツーマン」の教育を行っています。また、一人の学生を複数の教員が指導をする複数教員指導体制をとっており、所属研究室の枠を超えて指導を受けることができます。また研究所には教員以外にも多くの研究員が在籍しており、共同研究や交流を行うことができます。

### 国内外の研究者との交流の機会

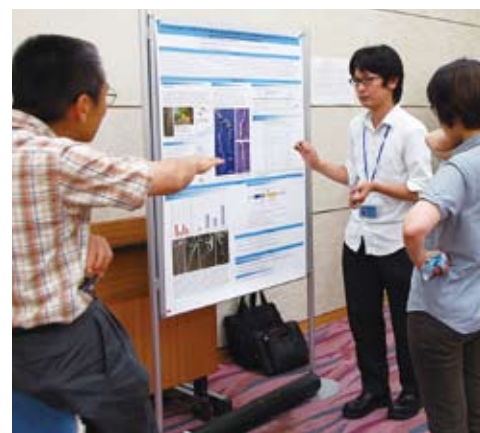
広い視野を持ち、国際性豊かな研究者を育てるために、基礎生物学研究所で開かれる国内外からの著名な講師によるセミナー、国際会議への参加を単位認定しています。

### 充実した英語教育

研究遂行に必要な英語力を身につけるための英語教育プログラムを実施しています。外国人講師による、2つのコース（英会話と科学プレゼンテーション）が開講されています。実力に合わせた細やかなレベル設定の授業は学生に大変好評です。

### 経済的サポート

大学院生は、リサーチアシスタントとして研究所の研究活動に参加することにより、年間約70万円の給与を得ることができます。また、入試の成績優秀者の初年度の授業料を減免する制度があります。



## 高い研究者養成率

基礎生物学専攻では、高度な研究者養成を目標として教育活動を行っています。過去5年間の学位取得者の9割が、助教や博士研究員などの研究者として活躍しています。

## 幅広い分野にわたる学習の機会

総合研究大学院大学では、高い専門性ととも幅広い分野の教養を持った人材の育成を目指しています。総研大レクチャーや海外研修など、ユニークな勉強の機会があります。また、専攻間の交流の機会も多く用意されています。

# 基礎生物学専攻の入試について

## 基礎生物学専攻が求める学生像

生物が示す現象に興味を持ち、現象を生み出す仕組みや要因を探ることに意欲を持つ人。

## 入学者選抜の基本的な考え方

生物が示す現象に興味を持ち、現象を生み出す仕組みや要因を探ることに意欲を持つ人。

提出書類および基礎生物学専攻の教員全員による面接によって、研究に対する意欲と能力を確認します。

5年一貫制の入学者については、加えて、小論文と英語の筆記試験によって、論理的な思考をする能力と英語の基本的な読み書きの能力を確認します。

入試日程や、出願に関する詳細は、基礎生物学研究所ホームページおよび総研大の募集要項をご覧ください。

# 大学院説明会

岡崎や東京において、大学院説明会を行っています。研究内容の紹介のほか、カリキュラムや入試に関する説明、総研大生の生活の紹介などを行います。また、岡崎で開催される説明会では、実際に研究室を見学することができます。日程などの詳しい情報は、基礎生物学研究所ホームページをご覧ください。

# 体験入学 "研究三昧"

意欲ある研究者志望の学生に基礎生物学研究所での最先端研究と大学院生活を知ってもらうため、学部学生(3年次以上)・大学院生を対象とした体験入学を実施しています。数日間に渡って研究所に滞在し、実験やセミナーへの参加などを通じて、基礎生物学研究所における研究生生活がどのようなものであるかを体験することができます。交通費・滞在費の補助制度があります。2010年度は全国の大学・大学院から53名の参加がありました。

応募方法などの詳しい情報は基礎生物学研究所ホームページをご覧ください。



## 在校生の声

養老 瑛美子 所属：共生システム研究部門



「院生として研究機関に所属している強み」……

研究所というのは、年に数回の大きなシンポジウムに加えて、普段から国内外からの学生や教員の出入りも激しく、その度ごとに頻りにセミナーが開催されるため、多様な分野の最新の貴重なお話を聞ける機会がとても多いです。他にも、私は有志の学生や教員が主催している定期的なセミナーにいくつか参加しており、新しい知識を得るだけでなく、研究者同士や研究者を目指す学生同士のネットワーク形成に繋がっています。

また、研究室間の敷居が低いとも感じています。共用機器や設備、及びそのサポート体制のみならず、学生一人につき複数の担当教員制度が敷かれています。所属研究室以外の先生と自分の研究の話をしてみると、普段の研究室内のセミナーでは指摘されなかったような違った視点からの疑問が新たに生まれたり、貴重なアドバイスを頂いたりすることができました。

「総研大生としての強み」……

総研大は、専門分野は理系文系をも超えた全国各地の基盤機関で学び、「研究者」を目指す学生で構成されています。私は、そんな多様な総研大生同士で、「研究者にとって重要なこと」を伝えるセミナーを企画する活動に参加しました。はじめはコミュニケーションをとるのにも一苦労で、お互いを尊重しつつも意見し合い、一つのものを作り上げるのは大変でした。しかし、普段はロケットを作っていたり、睡眠の研究をしていたり、動物と人間との関係を文化人類学の視点から研究していたり、と総研大ならではの様々な広い人間関係が築けたことで、私の世界は何層にも広がりました。また、自分の研究の魅力は？専門分野外の人にどのようにアピールすればいいのか？を考える良いきっかけにもなりました。

一人でできることには限界があり、「研究者」には、特に広いネットワークが大切であると強く感じています。私は、上にあげた基礎生物学研究所と総研大に所属している強みを存分に活かし、今後も良い刺激を受けながら研究に専念していきたいと思っています。



## 修了生の声

森田 仁 所属：形態形成研究部門 2010年度 修了



私は基礎生物学研究所に5年一貫制の大学院生として在籍し、上野直人教授のもとでアフリカツメガエルの胚を用いた初期発生の研究をしてきました。入学した当初は5年間という期間がとても長く感じられましたが、よくあるように、修了してみるとあっという間だったと感じています。それだけ研究に専念できていた証拠なのかもしれません。基礎生物学研究所での研究は、自分が所属する研究室の中だけにとどまらず、他の研究室の先生やスタッフ、学生との交流・議論を通して研究を深めていけるところに特長があります。特に私にとって印象的だったのは5年間のうち2年目と4年目に行われた研究所内でのポスター発表です。これは授業の一環として行われるもので、そこでは基礎生物学研究所のほとんど全ての先生方を前にして発表をすることになっています。そのため専門分野が異なる方々の意見を多く聞くことができる機会です。私はそこで幾つもの鋭く厳しい意見をいただくことができ、自分の研究を異なった角度から見直す良い機会になりました。そしてそれが、研究を前進させる重要な成果を得ることにつながったのも事実です。

そのほかに、基礎生物学研究所に在籍したことによって私が経験した大きなこととして、英語に接する機会が多かったことが挙げられます。研究を進める中で英語の論文を読むことは当然ですが、基礎生物学研究所では英語で会話をする機会が多かったです。まず、私のいた研究室ではセミナーの時に英語で発表することになっていたのが毎週のように英語を聞く、話すことをしていました。さらに研究所内で行われる公開セミナーで、外国から招かれた先生の講演を聞く機会も一度や二度ではありませんでしたし、機構の施設で国際ミーティングが行われた時などは外国から参加してきた学生たちと交流を深める機会をもち、日本にいながら数日間英語漬けになることもありました。印象に残っているのは、私がまだ基生研に来て2ヶ月くらいしか経っていない頃に、研究所を訪問されていたEMBL（欧州分子生物学研究所）の所長であるIain Mattajに対して自分の研究を紹介するように（急に）命じられた時に、全くと言っていいほど何も話せなかったという経験をしたことです。これがきっかけで英語をちゃんと話せるようになりたいと思うようになったことも、英語に向かう私の原動力になりました。このように日常的に英語が使われる環境に身を置くことができたので、始めのうちはほとんど英語を聞き取れず、もちろん大して話すこともできなかった私が、5年間で鍛えられて英会話に対してそれなりの自信を持つことができるようになったと感じています。このことは研究においてだけでなく、私の人生においても大きな収穫になったと言えます。

私にとって基礎生物学研究所で過ごした5年間は、早かったと言っても決して平坦なものではありませんでした。でも、いろいろな場面で形態形成研究部門のメンバーの皆さん、基生研の先生、学生、スタッフの皆さんの存在に支えられてやっていくことができたと感じています。



## 総合研究大学院大学 海外学生派遣事業 アメリカ滞在記

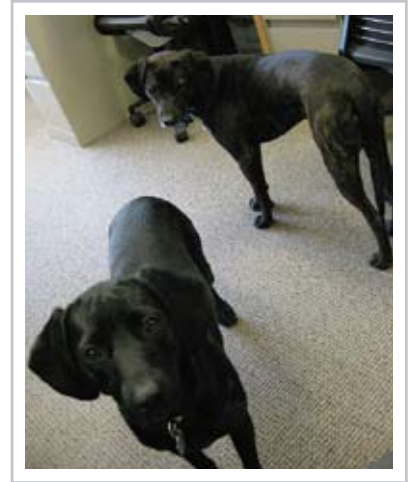
福島 健児 所属：生物進化研究部門

基礎生物学研究所は、様々な生物を研究材料にしている点が特徴です。極端な例では、食虫植物を対象にした研究も進行しています。その極端な例というのがかくいう私の研究です。食虫植物のような非モデル生物を材料にする場合、多くの実験技術を独自に開発する必要があります。なかでも、遺伝子の機能を抑えたり、逆に過剰に働かせたりする技術の確立は、研究遂行のために必須でありながらチャレンジングな課題でした。そこで私が目をつけたのは、植物に感染するウイルスを用いる方法でしたが、さて困りました。国内にはあまり浸透していない技術だったので、国内の研究機関で習うということが難しかったです。そんな折に、指導教員の長谷部光泰教授に勧められたのが総研大の海外学生派遣事業です。この制度を利用すれば、海外の研究室に単身で滞在するにあたって、必要な経費の補助を受けることができます。5年一貫制博士課程1年の冬、私は海外学生派遣事業に応募し、ハーバード大学 Elena Kramer 教授のもとで食虫植物に対するウイルス誘導性遺伝子抑制法の開発を行うことにしました。



ハーバード大学の広大なキャンパスの中、やっとの思いで Kramer 研究室を探し当て、ドアをノックしたときに真っ先に歓迎してくれたのは、教授でもラボメンバーでもなく、二匹のラブラドル犬でした。教授室の一角に陣取り、授業にもついていく Kramer 教授の愛犬、Oscar と Gracie です。人懐っこい Oscar にすり寄られ、神経質な Gracie に吠えだてられながら、自由の国アメリカを感じました。国が違えば研究室も違うというのは当たり前かもしれませんが、なにしろ違いが大きいのでその戸惑いもひとしおです。到着してさっそく実験を始めようと思い、一般的な滅菌器の

場所を尋ねたら、研究室の大学院生が身の丈よりも大きな物々しい雰囲気の機械の前で、その使い方を説明し始めたのには驚きました。日本で一般的な滅菌器はせいぜい腰の高さくらいだからです。その日から三週間、デスクルームではたまに Oscar と遊びながら (Gracie は相手をしてくれませんでした)、実験室では Kramer 教授に直接指導していただきながら楽しく過ごしました。研究室外での生活も充実していたと思います。ハーバード大学では、現地の大学院生から寝室を一部屋借りて滞在していました。スーパーマーケットの調味料売場は異国どころか異世界の様相でしたが、ルームメイトがたまに手料理を分けてくれたおかげもあって、極寒のボストンにあっても体調を崩すことなく過ごせました。



デスクルームを巡回警備する Oscar(手前) と Gracie(奥):Kramer 研究室の安全は彼らの努力によって守られています。

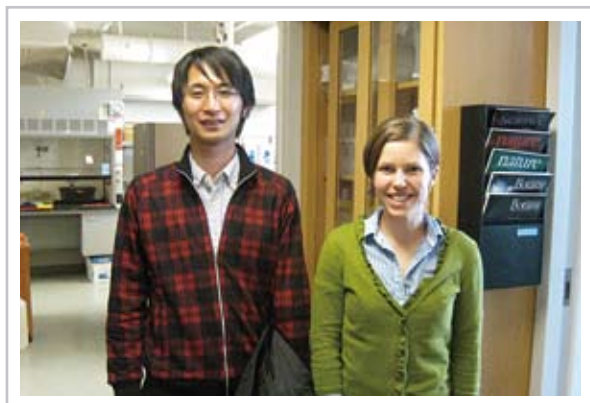
滞在期間中の実験で遺伝子抑制法の開発に見込みを見つけ、ハーバード大学を離れたあとはカリフォルニア州タホ市で開催された発生進化学の学会に参加してポスター発表を行いました。総研大の海外学生派遣事業では、学会参加や複数の研究機関への訪問が認められています。高い自由度で派遣日程を計画できるのがこの制度のいいところです。学会では、各発表もさることながら、交わされた討論が素晴らしかったのを覚えています。これまでの発生進化学分野では、形態の進化にどのような遺伝子ネットワークが関与しているかが興味の対象でした。これからは、形態進化に関わる変異がどのように生み出されるのかという問題に対して、野外集団に目を向けながらアプローチするべきだとする意見が印象的でした。発生進化学と集団遺伝学が融合され、新たな学問分野が生み出されつつあるのを肌で感じました。



ハーバード大学 BioLabs: 生物系の研究室が集まっています。門番のインドサイは史上最大の個体と同じ大きさのことです。

学会参加後は、カリフォルニア大学バークレー校の Chelsea Specht 教授の研究室に立ち寄ってセミナー発表を行いました。博士取得までの私の研究方針に対してアドバイスをもらうためです。学会などでの英語口頭発表の経験はありませんでしたが、長谷部研究室では全員が英語で発表するプログレスセミナーを毎月開催しているので、その経験が助けになりました。セミナーで Specht 研究室のメンバーから様々なアドバイスをもらった後は、数少ない食虫植物研究仲間である Tanya Renner とお互いの研究内容についてディスカッションしました。その後、カリフォルニア大学デービス校を訪問して、Neelima Sinha 教授の研究室でも同じようにセミナーで発表させていただきました。

学生海外派遣事業を利用した訪米は、非常に価値ある経験となりました。英語能力が向上したことや自身の研究に新たなアプローチを付加できたことだけではなく、海外の研究者とのコミュニティ形成も、得られた成果の一つではないかと思っています。今回のアメリカ滞在で多くの方から受けた御恩は、今後の研究進展に代えてお返ししたいと考えています。



カリフォルニア大学バークレー校 Chelsea Specht 研究室にて筆者(左)と Tanya Renner(右):Tanya は数少ない食虫植物研究仲間です。食虫植物の分泌組織と消化酵素の進化を研究しています。



カリフォルニア大学植物園:バークレー校のすぐ近くにある広大な植物園です。数時間見学しましたが、時間さえあれば数日かけてじっくりと見たいほどの膨大なコレクションでした。



## 大学院生が第一著者の発表論文例 (2010 - )

Okamoto, H., Watanabe, T.A., and Horiuchi, T. (2011). Double rolling circle replication (DRCR) is recombinogenic. *Genes Cells* 16, 503-513.

Goto, S., Mano, S., Nakamori, C., and Nishimura, M. (2011). *Arabidopsis* ABERRANT PEROXISOME MORPHOLOGY9 is a Peroxin that recruits the PEX1-PEX6 complex to peroxisomes. *Plant Cell* 23, 1573-1587.

Takahashi, J., Ohbayashi, A., Oginuma, M., Saito, D., Mochizuki, A., Saga, Y., and Takada, S. (2010). Analysis of Ripply1/2-deficient mouse embryos reveals a mechanism underlying the rostro-caudal patterning within a somite. *Dev. Biol.* 342, 134-145.

Shindo, A., Hara, Y., Yamamoto, T.S., Ohkura, M., Nakai, J., and Ueno, N. (2010). Tissue-tissue interaction-triggered calcium elevation is required for cell polarization during *Xenopus* gastrulation. *PLoS ONE* 5, e8897.

Sasaki, T., Komatsu, Y., Watakabe, A., Sawada, K., and Yamamori, T. (2010). Prefrontal-enriched SLIT1 expression in Old World monkey cortex established during the postnatal development. *Cereb. Cortex* 20, 2496-2510.

Nagakura, A., Hiyama, T.Y., and Noda, M. (2010).  $Na_x$ -deficient mice show normal vasopressin response to dehydration. *Neurosci. Lett.* 472, 161-165.

Morita, H., Nandadasa, S., Yamamoto, T.S., Terasaka-lioka, C., Wylie, C., and Ueno, N. (2010). Nectin-2 and N-cadherin interact through extracellular domains and induce apical accumulation of F-actin in apical constriction of *Xenopus* neural tube morphogenesis. *Development* 137, 1315-1325.

Kanai, M., Nishimura, M., and Hayashi, M. (2010). A peroxisomal ABC transporter promotes seed germination by inducing pectin degradation under the control of ABI5. *Plant J.* 62, 936-947.



## 基礎生物学専攻入学者の出身大学

5年一貫制博士課程：

東京大学 北海道大学 名古屋大学 九州大学 広島大学 信州大学 神戸大学 横浜国立大学 静岡大学 三重大学 弘前大学 名古屋市立大学 京都府立医科大学 早稲田大学 東海大学 立教大学 奥羽大学 新居浜工業高等専門学校 Haerbin Inst. of Technology, Univ. of Victoria, Univ. of Texas at Austin, China Agricultural Univ. (2006年度 - 2011年度 入学者)

博士後期課程：

東京大学大学院 東北大学大学院 北海道大学大学院 名古屋大学大学院 奈良先端科学技術大学院大学 徳島大学大学院 横浜国立大学大学院 信州大学大学院 鳥取大学大学院 三重大学大学院 東京理科大学大学院 上智大学大学院 北里大学大学院 東京農業大学大学院 (2006年度 - 2011年度 入学者)



## 基礎生物学専攻修了者の進路

博士研究員や助教など (基礎生物学研究所、東京大学、北海道大学、九州大学、東京工業大学、東京海洋大学、奈良先端大学、慶応大学、西南大学 (中国)、The Hong Kong University of Science and Technology、University of Texas)、高校教員 (2006年度 - 2010年度 修了者)



# 大学院教育協力

基礎生物学研究所では、全国の大学の要請に応じて、それらの大学に所属する大学院生を「特別共同利用研究員」として受け入れ、併せて研究指導を行い、大学院教育の協力を行っています。

## 受け入れ対象

大学院に在学中の者（基礎生物学及び関連分野の専攻者）とします。所属大学院は、国立大学法人、公立大、私立大を問いません。ただし、修士課程（博士課程（前期））の学生については、当該大学院における授業・単位取得等に支障のない者に限ります。応募にあたっては所属する大学院の指導教官の推薦書、研究科長からの委託書が必要です。

## 費用

基礎生物学研究所に対し費用を納付する必要はありません。（授業料などは所属大学院に収めることになります。）

## RA 制度による大学院生の支援

基生研では、所内で研究活動を行う大学院生を RA（リサーチアシスタント）制度によって経済的に支援しています。特別共同利用研究員に対してもこの制度を適用し、年齢・国籍を問わずに援助しています。

## 2010 年度 特別共同利用研究員

名前	所属	研究題目
石 東博	京都大学大学院 生命科学研究所 統合生命科学専攻	哺乳類の卵管上皮細胞における平面内細胞極性について
為重 才覚	京都大学大学院 理学研究科 生物科学専攻	植物の側生器官における向背軸形成機構の解析
岩崎 晃	京都大学大学院 理学研究科 生物科学専攻	花卉の成熟に異常が見られるシロイヌナズナ <i>folded petals2</i> 突然変異体の分子遺伝学的解析
豊倉 浩一	京都大学大学院 理学研究科 生物科学専攻	シロイヌナズナを用いた葉の向背軸形成機構の解析
中田 未友希	京都大学大学院 理学研究科 生物科学専攻	植物における葉の中央周縁軸に沿った極性形成機構の分子遺伝学的解析
吉田 千枝	東京大学大学院 理学系研究科 生物科学専攻	根制御の根粒過剰表現型を示すミヤコグサの新奇共生変異体の原因遺伝子の同定と機能解析
宮澤 日子太	東京大学大学院 理学系研究科 生物科学専攻	ミヤコグサにおける根粒形成の全身制御に関わる <i>KLAVIER</i> 遺伝子の機能解析
池内 桃子	東京大学大学院 理学系研究科 生物科学専攻	葉における側方原基形成の方向性決定機構の解析
大原 裕也	静岡県立大学大学院 生活健康科学研究科 食品栄養科学専攻	ショウジョウバエの変態期における $\beta$ 3-オクトパミン受容体の機能解析
大久保 文貴	東京大学大学院 医学系研究科 医科学専攻	2 光子イメージングと光刺激法を用いた覚醒動物における運動表象の研究
平 理一郎	東京大学大学院 医学系研究科 機能生物学専攻	2 光子イメージングと光刺激法による覚醒動物前頭葉の神経集団活動解析
吉井 智昭	名古屋大学大学院 生命農学研究科 応用分子生命科学専攻	シロイヌナズナにおける新規ペプチドホルモン候補の機能解析
森 彩華	名古屋大学大学院 生命農学研究科 応用分子生命科学専攻	根端メリステム形成に関与するペプチドホルモン RGF の情報伝達系解析

## 特別共同利用研究員

石 東博

（初期発生研究部門）

ショウジョウバエを研究していた教授がふと、マウスもちょっと調べてみたいなど。それが私が基生研にやってくるきっかけでした。恥ずかしながら、まだ当時は愛知と言えば名古屋ぐらいしか知らず、「キセイケン？ ドコソコ？」状態でしたが、それが今となってはこの研究所にいることを誇りに思い、こうして筆を執ることになりました。

他の大学院に所属したまま基生研で研究する大学院生は、特別共同利用研究員として受け入れられます。少し仰々しい名称ですが、実際の生活は普通の総研大の大学院生とほぼ同じです。リサーチアシスタントとして採用され経済的な援助を受けることもでき、基生研の懐の深さがうかがえます。一般の大学院と比べると、学生が占める割合は少なく、いろんな方に名前を覚えてもらえ、サポートしていただきながら研究

## 2009 年度 特別共同利用研究員

名前	所属	研究題目
池内 桃子	東京大学大学院 理学系研究科	葉における側方原基形成の方向性決定機構の解析
為重 才覚	京都大学大学院 理学研究科 生物科学専攻	植物の側生器官における向背軸形成機構の解析
岩崎 晃	京都大学大学院 理学研究科 生物科学専攻	花卉の成熟に異常が見られるシロイヌナズナ <i>folded petals2</i> 突然変異体の分子遺伝学的解析
杉本 亮	京都大学大学院 生命科学研究所 高次生命科学専攻	哺乳類精子形成幹細胞の分化を制御するメカニズムについての分子生物学的解析
豊倉 浩一	京都大学大学院 理学研究科 生物科学専攻	シロイヌナズナを用いた葉の向背軸形成機構の解析
中田 未友希	京都大学大学院 理学研究科 生物科学専攻	植物における葉の中央周縁軸に沿った極性形成機構の分子遺伝学的解析
吉田 千枝	東京大学大学院 理学系研究科 生物科学専攻	植物微生物共生系における宿主側因子の新規探索・固定とその解析
宮澤 日子太	東京大学大学院 理学系研究科 生物科学専攻	ミヤコグサにおける根粒形成の全身制御に関わる <i>KLAVER</i> 遺伝子の機能解析
市橋 泰範	東京大学大学院 理学系研究科 生物科学専攻	葉の先端基部軸上に形成される葉身と葉柄の器官形成メカニズムの解明
高瀬 将映	東京大学大学院 理学系研究科 生物科学専攻	概日リズムと葉の形態形成のリンク機構の解明
神田 理恵子	名古屋大学大学院 医学系研究科 機能構築医学専攻	マウス発生における左右決定機構の解析

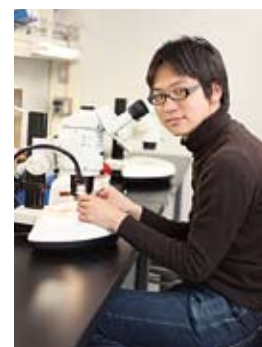
## 2008 年度 特別共同利用研究員

名前	所属	研究題目
山内 卓樹	千葉大学大学院 自然科学研究科 多様性科学専攻	イネ DNA メチル化関連遺伝子ノックイン変異体の機能解析
高瀬 将映	東京大学大学院 理学系研究科 生物科学専攻	概日時計による葉の形態制御機構の解明
中山 北斗	東京大学大学院 理学系研究科 生物科学専攻	竹筴が <sup>ノ</sup> 属植物における擬葉の葉状進化の解明
市橋 泰範	東京大学大学院 理学系研究科 生物科学専攻	葉の基幹先端部軸上の葉身と歯柄の環境領域決定機構の解明 食虫植物モウセンゴケ属植物の腺毛起源の解明
谷口 絵菜	島根大学大学院 生物資源科学研究科 生物科学専攻	アカハライモリ エストロゲン受容体 (ER) の DNA 配列解析
神田 理恵子	名古屋大学大学院 医学系研究科 細胞生物学分野	マウス発生の左右決定に関わるカルシウムシグナルの解析
青木 裕美子	北海道大学大学院 理学院 生物科学専攻	メダカ生殖細胞分化形成機構解析
岩崎 晃	京都大学大学院 理学研究科 生物科学専攻	シロイヌナズナ突然変異体を用いた花器官形成の解析
為重 才覚	京都大学大学院 理学研究科 生物科学専攻	植物の側生器官における向背軸形成機構の解析
豊倉 浩一	京都大学大学院 理学研究科 生物科学専攻	シロイヌナズナを用いた向背軸形成機構の解析
杉本 亮	京都大学大学院 生命科学研究所 高次生命科学専攻	哺乳類精子形成幹細胞の分化を制御するメカニズムについての分子生物学的解析

を進めることができます。今となっては7割以上の教員が私の名前を覚えているはず！基生研には、研究所全体で学生を大切に育てようという気風が感じられます。

各研究室に学生は2-3人しかいないのですが、ラボの枠を超えた学生同士の交流が盛んです。今年誕生したソフトボール部など、生理研・分子研の人とも知り合えるサークル活動も充実しています。

人との出会いは人生の糧といいますが、そういう意味で、特別共同利用研究員として過ごした日々は実に豊作でありました。また、所属の大学院と基生研と両方の環境を体験することで、様々なことに気づき、学ぶことができました。この制度を多くの人に知ってもらい、基生研で素敵な研究生活と青春の日々を過ごしていただきたいと思えます。



# 共同利用研究

基礎生物学研究所は大学共同利用機関として、大学・研究機関などに所属する所外の研究者に対し、所内の研究部門・研究室との共同研究、および所内の施設を利用して行われる研究課題を公募しています。

## 重点共同利用研究

生物学の基盤研究をさらに強化発展させ、独創的で世界を先導する研究を創成し、発展させるため、他の研究機関の研究者と所内の教授、准教授又は助教が共同して行う複数のグループからなる研究。1年以上、3年を超えない期間で実施されます。

## モデル生物・技術開発共同利用研究

生物学研究に有用な新しいモデル生物の確立および解析技術開発に向けて、他研究機関の研究者あるいは所内の研究者が、基礎生物学研究所の施設（生物機能解析センター（生物機能情報分析室、光学解析室、情報管理解析室）、モデル生物研究センター）および岡崎共通研究施設アイソトープ実験センターと共同して行う研究。1年以上5年を超えない期間で実施されます。

## 個別共同利用研究

他の研究機関の研究者が、所内の教授、准教授又は助教と協力して行う個別プロジェクト研究。1年以内で実施されます。

## 研究会

基礎生物学分野において重要な課題を対象とした比較的少人数の研究討論集会。

## 大型スペクトログラフ共同利用実験

大型スペクトログラフを使用して、本研究所が設定した実験課題について行われる実験・研究。生物の多様な機能を制御す

る各種の光受容系の機構の解明を行うため、共同利用実験の課題として「光情報による細胞機能の制御」「光エネルギー変換」「生物における空間認識・明暗認識」「紫外線による生体機能損傷と光回復」の4つの研究テーマが設定されています。

## DSLML 共同利用実験

Digital Scanned Light-sheet Microscope(DSLM) を使用して行われる実験・研究 DSLM は欧州分子生物学研究所(EMBL)が開発した試料の側方からシート状の光を照射する蛍光顕微鏡です。この顕微鏡の特徴は、1) 深部観察が可能、2) 立体像を高速で取得可能、3) 褪色・光毒性が少ない、というものであり、最大数 mm 程度の生物個体や組織のライブイメージングに適しています。(2010年度より実施)

## 次世代 DNA シーケンサー共同利用実験

基礎生物学研究所の次世代 DNA シーケンサーを使用して、他研究機関の研究者あるいは所内の研究者が、生物機能解析センター・生物機能情報分析室と共同して行う研究。次世代 DNA シーケンサーは、高速並列シーケンスにより塩基配列情報をハイスループットに解読することができる装置です。ゲノム解読はもちろん、遺伝子や染色体の変異検出から発現解析まで応用範囲の広い解析機器です。実験計画からデータ解析まで緊密な連携の上で共同研究を行います。(2010年度より実施)

## 施設利用 ( トレーニングコース実習室 )

基礎生物学に関連する研究技術の普及を目的としたトレーニングコース開催のための実習室の利用。(2010年度より実施)

2009年度 重点共同利用研究	研究代表者名・所属
ニューロンのネットワーク構築における細胞極性の生物学的意義	上野 直人 自然科学研究機構基礎生物学研究所
2010年度 重点共同利用研究	研究代表者名・所属
シロイヌナズナの根端分裂組織維持機構に関わる遺伝子群の探索をモデル系とした、シロイヌナズナの情報伝達因子の網羅的単離法の確立	澤 進一郎 東京大学大学院理学系研究科
ニューロンのネットワーク構築における細胞極性の生物学的意義	上野 直人 自然科学研究機構基礎生物学研究所
脊椎動物の社会性を生み出す脳機能とシステムの解明を目指した新規研究モデルの開発	竹内 秀明 東京大学大学院理学系研究科
生きた細胞における蛋白質機能の光操作とイメージング解析	野田 昌晴 自然科学研究機構基礎生物学研究所
2008年度 モデル生物・技術開発共同利用研究	研究代表者名・所属
ABI SOLiD を用いたハイスループットなメダカ変異体同定法の開発	谷口 善仁 京都大学大学院医学研究科
メダカコンジェニック系統の高速作成システムの構築	新屋 みのり 情報・システム研究機構国立遺伝学研究所
多数近縁ゲノム比較によるゲノム進化過程再構築の方法の開発	小林 一三 東京大学大学院新領域創成科学研究科
2009年度 モデル生物・技術開発共同利用研究	研究代表者名・所属
海産紅藻スナビノリを用いた環境ストレス依存的に変動する細胞内成分のカタログ化	三上 浩司 北海道大学大学院水産科学研究院
メダカコンジェニック系統の高速作成システムの構築	新屋 みのり 情報システム研究機構国立遺伝学研究所
多数近縁ゲノム比較によるゲノム進化過程再構築の方法の開発	小林 一三 東京大学新領域創成科学研究科



2010年度 モデル生物・技術開発共同利用研究	研究代表者名・所属	
メダカコンジェニック系統の高速作成システムの構築	新屋 みのり	情報・システム研究機構国立遺伝学研究所
トランスポゾンを使ったノックアウトメダカライブラリー作製とスクリーニング系の構築	亀井 保博	自然科学研究機構基礎生物学研究所

2008年度 個別共同利用研究	研究代表者名・所属	
蛍光タンパク質を用いた植物のプログラム細胞死制御タンパク質の局在制御メカニズムの解明	上中 弘典	鳥取大学農学部
青色花色の発現に関与する液胞膜上および液胞内のタンパク質の機能に関する研究	吉田 久美	名古屋大学大学院情報科学研究科
マルチカラー BiFC による植物小胞形成因子複合体の解析	中川 強	島根大学総合科学研究支援センター
分裂酵母のアンモニウムトランスポーターの解析	光澤 浩	日本大学生物資源科学部
液胞アミノ酸トランスポーターの多様性と飢餓応答における生理機能解析	柿沼 喜己	愛媛大学農学部
ショウジョウバエ母性因子 MAMO による減数分裂制御機構の解析	向 正則	甲南大学理工学部
ミトコンドリア機能の多様性と病態	白田 信光	藤田保健衛生大学医学部
分子動力学シミュレーション (MD) 法によるタンパク質チロシンリン酸化の機能予測	藤川 茂紀	理化学研究所次世代ナノパターニング研究チーム
ダリアの花色発現の不安定性に関わるトランスポゾンの同定	細川 宗孝	京都大学大学院農学研究科長
マウスステップパターン学習における線条体の多角的解析	木津川 尚史	大阪大学大学院生命機能研究科
霊長類および齧歯類の周嗅皮質と TE 野において共通に異なる発現をする遺伝子の検索	一戸 紀孝	理化学研究所脳科学総合研究センター
遺伝子ターゲットングによって作出されたイネ adh1/adh2 二重変異体の形質評価	中園 幹生	東京大学大学院農学生命科学研究科
イネの機能ゲノム学的解析による新規遺伝子の単離と機能解析	前川 雅彦	岡山大学資源生物科学研究所
植物におけるホスファチジルイノシトール 2 リン酸を介した細胞極性形成機構の研究	三上 浩司	北海道大学大学院水産科学研究院
ヒメツリガネゴケ不等分裂関連タンパク質群の動態解析および機能解析	藤田 知道	北海道大学大学院理学研究院
マウス雌性生殖腺の遺伝子発現に対する周期性ホルモン投与の影響	佐藤 友美	横浜市立大学国際総合科学研究科
メダカ精巣卵形成過程における生殖腺体細胞の性	小林 亨	愛媛大学南予水産研究センター
マイクロアレイ法を用いた EE2 暴露のニシツメガエル生殖腺における遺伝子発現の解析	高瀬 稔	広島大学大学院理学研究科
ラット子宮間膜腺形成機構の解明	太田 康彦	鳥取大学農学部
RNA 干渉法によるミジンコ形態形成遺伝子群の機能解析	志賀 靖弘	東京薬科大学生命科学部
DLSM および二光子顕微鏡を用いたゼブラフィッシュ脳内新生ニューロンの観察	澤本 和延	名古屋市立大学大学院医学研究科
脊椎動物の指の個性の決定機構における unidirectional sensitivity の解明	鈴木 孝幸	東北大学加齢医学研究所
マウス胚ノードの細胞移動と中心体位置の経時観察	濱田 博司	大阪大学大学院生命機能研究科
魚類における中枢神経軸索再生分子の同定とその機能解析	杉谷 加代	金沢大学大学院医学系研究科
葉緑体光定位運動の機構解析	和田 正三	九州大学大学院理学研究院
コケ植物の発生分化におけるポリアミンの機能の解明	高橋 卓	岡山大学大学院自然科学研究科
寄生植物ネナシカズラ属 (Cuscuta) における遺伝子導入系の開発のための細胞培養系の確立	山田 恭司	富山大学大学院理工学部
ヒメツリガネゴケ ent-kaurene 生合成欠損株の表現型解析	林 謙一郎	岡山理科大学理学部
ヒメツリガネゴケにおける細胞分裂期スピンドル形成機構の研究	五島 剛太	名古屋大学高等研究院
ヒト生殖腺刺激ホルモン (genitalin) の産生機構の解析	三田 雅敏	東京学芸大学教育学部
メダカの生殖腺性分化に関する研究	松田 勝	宇都宮大学バイオサイエンス教育研究センター
イネのシュート構築に関わる small RNA 経路の解析	佐藤 豊	名古屋大学大学院生命農学研究科
棘皮動物の神経性生理活性物質の研究	吉国 通庸	九州大学大学院農学研究科
アフリカツメガエル Rohon-Beard 細胞における Six 遺伝子過剰発現の影響	川上 潔	自治医科大学医学部
メダカミュータント ,Oot. の原因遺伝子の同定	石川 裕二	放射線医学総合研究所放射線防護研究センター
ストレス環境で機能するオートファジーの分子機構とその生理学的意義の研究	阪井 康能	京都大学大学院農学研究科
高分子量前駆体型ペルオキシソームの成熟化と機能分化	加藤 朗	新潟大学教育研究院自然科学系
花卉特異的発現プロモーターの解析とそれを利用したアクアポリンおよびプロトンポンプ形質転換アサガオの作出	白武 勝裕	名古屋大学大学院生命農学研究科
ショウジョウバエを用いた生活習慣病関連遺伝子の機能解析	萱嶋 泰成	静岡県立大学食品栄養科学部
高等植物におけるオートファジーの生理的役割の解明	白須 賢	理化学研究所横浜研究所植物科学研究センター

ショウジョウバエの生殖巣および fat body 形成に関する遺伝子の単離	佐野 浩子	お茶の水女子大学お茶大アカデミック・プロダクション
神経伝達物質ドーパミンによる動物個体の運動制御機構の解明研究	金田 典雄	名城大学薬学部
植物ユビキチンカスケード・プロテアソーム機能の解明	山口 淳二	北海道大学大学院先端生命科学研究科
アフリカツメガエル胚における cGMP シグナル伝達系の発光イメージング解析	小澤 岳昌	東京大学大学院理学系研究科
マウス卵管における器官の非対称性と細胞極性をつなぐ機構の解析	上村 匡	京都大学大学院生命科学研究所
メダカの脳の性を規定する分子メカニズムの解明	大久保 範聡	東京大学大学院農学生命科学研究科
メダカの社会性行動及び情動に関わる遺伝子及び遺伝子座の検索	竹内 秀明	東京大学大学院理学系研究科
魚類生殖腺の性的可塑性の形態学的研究	中村 将	琉球大学熱帯生物圏研究センター
Xenopus2 種における比較染色体地図の作製とゲノム・染色体構造進化に関する研究	松田 洋一	北海道大学大学院理学研究院

2009 年度 個別共同利用研究	研究代表者名・所属	
マルチカラー BiFC を用いた植物小胞形成因子複合体形成能の解析	中川 強	島根大学総合科学研究支援センター
リテンションタンパク質 LSD1 による植物のプログラム細胞死の誘導メカニズムの解明	上中 弘典	鳥取大学農学部
植物の環境応答に伴うカタラーゼのペルオキシゾームへの輸送調節機構の解明	江坂 宗春	広島大学大学院生物圏科学研究科
植物ユビキチンカスケード・プロテアソーム機能の解明	山口 淳二	北海道大学大学院先端生命科学院
トランスジェニックカエルを用いたアポトーシス・シグナル伝達系の解析	酒巻 和弘	京都大学大学院生命科学研究所
ショウジョウバエ母性因子 MAMO と相互作用する因子の解析	向 正則	甲南大学理工学部
ショウジョウバエ酸化ストレス応答の解析系を用いた生活習慣病感受性遺伝子の機能解析	萱嶋 泰成	静岡県立大学静岡県立大学
カワカイメン幹細胞分化過程における細胞分裂様式の解明	船山 典子	京都大学大学院理学研究科
マウス卵管における器官の非対称性と細胞極性をつなぐ機構の解析	上村 匡	京都大学大学院生命科学研究所
新規に同定したヒト生殖巣刺激ホルモン (GSS) による卵成熟誘起機構の研究	三田 雅敏	東京学芸大学東京学芸大学
メダカの脳の性を規定する分子メカニズムの解明	大久保 範聡	東京大学大学院農学生命科学研究科
受容体型チロシンホスファターゼの高次脳機能における役割	福永 浩司	東北大学大学院薬学研究科
魚類中枢神経再生分子の活性化機構と哺乳動物への応用	杉谷 加代	金沢大学医薬保健研究域
マウスステップパターン学習において活動する脳内部位の固定と機能解析	木津川 尚史	大阪大学大学院生命機能研究科
大脳皮質ミニカラム構造形成の分子的基盤の研究	一戸 紀孝	弘前大学大学院医学研究科
ウイルスベクター・遺伝子改変動物による神経回路網の解析	金子 武嗣	京都大学大学院医学研究科
ヒメツリガネゴケ不等分裂関連タンパク質群の動態解析および機能解析	藤田 知道	北海道大学大学院理学研究院
ヒメツリガネゴケにおける細胞分裂期スピンドル形成機構の研究	五島 剛太	名古屋大学高等研究院
コケ植物の発生分化におけるポリアミンの機能の解明	高橋 卓	岡山大学大学院自然科学研究科
メダカ性転換卵巣分化過程における体細胞の動態	小林 亨	静岡県立大学環境科学研究所
マウス雌性生殖腺の遺伝子発現に対する周期性ホルモン投与の影響	佐藤 友美	横浜市立大学大学院国際総合科学研究科
メダカの社会性行動及び情動に関わる遺伝子及び遺伝子座の検索	竹内 秀明	東京大学大学院理学系研究科
メダカを用いた体軸・器官形成機構の研究	武田 洋幸	東京大学大学院理学系研究科
マウス胚ノードの上皮化と中心位置の経時観察	濱田 博司	大阪大学大学院生命機能研究科
発生ダイナミクス解析法による体節形成機構の確立過程の解析	近藤 晶子	藤田保健衛生大学藤田保健衛生大学
多光子励起顕微鏡を用いたがん幹細胞、骨細胞と骨軟骨細胞のインビボイメージング	今村 健志	(財) 癌研究会癌研究所
網羅的解析手法を用いた無脊椎動物神経ペプチドのカタログ化	吉国 通庸	九州大学大学院農学研究院
ヒメツリガネゴケの正遺伝学的突然変異単離法の開発	高野 博嘉	熊本大学バイオエレクトロニクス研究センター
植物特異的な小胞輸送制御因子の起源と機能の解析	上田 貴志	東京大学大学院理学系研究科
DSLML および二光子顕微鏡を用いたゼブラフィッシュ脳内新生ニューロンの観察	澤本 和延	名古屋市立大学大学院医学研究科
青色花色の発現に関する液胞膜上の輸送体の機能解析に関する研究	吉田 久美	名古屋大学大学院情報科学研究科
外生殖器形成過程における遺伝子発現の解析	宮川 信一	熊本大学発生医学研究センター
網膜アクリン細胞の分子標識方法の検討	石金 浩史	専修大学文学部
無尾両生類におけるホルモン応答性アクアポリンの遺伝子領域の解析、およびトランスジェニックメダカ作製技術の習得	鈴木 雅一	静岡大学理学部
SOL i D シーケンサーを用いたシロイヌナズナヒストン脱アセチル化酵素 HDA6 に依存的なヒストン脱アセチル化領域のゲノムワイドでの解析	関 原明	理化学研究所植物科学研究センター
SLCA 法を用いたタンパク質間相互作用解析系の構築	藤川 諭吉	広島大学大学院生物圏科学研究科

メダカミュータント .Oot、の原因遺伝子の同定	石川 裕二	放射線医学総合研究所放射線防護研究センター
ショウジョウバエの生殖巣および fat body 形成に関与する遺伝子の単離	佐野 浩子	お茶の水女子大学お茶大アカデミック・プロダクション
BAC トランスジェネシスによる変異体メダカの解析	谷口 善仁	京都大学大学院医学研究科
性ステロイドホルモン受容体の分子進化の解析	勝 義直	北海道大学大学院理学研究院
ChIP-seq による植物維管束分化過程における転写制御の解析	福田 裕穂	東京大学大学院理学系研究科
カルコン合成酵素関連遺伝子の同定と機能解析	野口 博司	静岡県立大学薬学部
次世代シーケンサーを用いたシロイヌナズナ・インプリント遺伝子の網羅的検索	木下 哲	奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科
細胞性粘菌のオーガナイザー形成と細胞分化にかかわる遺伝子の同定	福澤 雅志	弘前大学農学生命科学部
植物オートファジーによる選択的オルガネラ分解機構	白須 賢	理化学研究所横浜研究所 植物科学研究センター
メダカトランスジェニック系統を用いた腎発生解析	越田 澄人	東京大学大学院理学系研究科
トゲウオ科魚類における性染色体転座と種分化	北野 潤	東北大学大学院生命科学研究所
アメーバ運動における細胞膜の動態解析	園部 誠司	兵庫県立大学大学院生命理学研究科
DSLIM を用いたラマンイメージング分光装置の開発	降旗 千恵	青山学院大学理工学部
シロイヌナズナの茎頂分裂組織維持機構に関わる遺伝子群の探索	澤 進一郎	東京大学大学院理学系研究科
光合成遺伝子発現制御機構および環境耐性機構の解析	小林 裕和	静岡県立大学大学院生活健康科学研究科
低温曝露によるメダカ胚心臓形成不全の研究	三谷 啓志	東京大学大学院新領域創成科学研究科
イネのトランスポゾンタギングによる新規遺伝子の単離と機能解析	前川 雅彦	岡山大学資源生物科学研究所
不活性クロマチンを維持できないイネ系統における新規トランスポゾン転移の探索	土生 芳樹	農業生物資源研究所植物科学研究領域

2010 年度 個別共同利用研究	研究代表者名・所属	
青色花色発現に関する液胞膜輸送の機能解明に関する研究	吉田 久美	名古屋大学大学院情報科学研究科
トランスジェニックカエルを用いたアポトーシス・シグナル伝達系の解析 I I	酒巻 和弘	京都大学大学院生命科学研究所
ショウジョウバエ母性因子 MAMO の標的 DNA 配列と標的遺伝子の解析	向 正則	甲南大学理工学部
初期胚内胚葉におけるシグナル入力の可視化	福田 公子	首都大学東京大学院理工学研究科
マウス卵管における器官の非対称性と細胞極性をつなぐ機構の解析	上村 匡	京都大学大学院生命科学研究所
カワカイメン幹細胞分化過程における細胞分裂様式の解明	船山 典子	京都大学大学院理学研究科
新規に同定したヒト生殖巣刺激ホルモン (GSS) による卵成熟誘起機構の研究	三田 雅敏	東京学芸大学教育学部
受容体型チロシンホスファターゼの高次脳機能における役割	福永 浩司	東北大学大学院薬学研究科
ゼブラフィッシュ中枢神経再生・修復分子の活性化機構と哺乳動物への応用	杉谷 加代	金沢大学医薬保健研究域
網膜アマクリン細胞の分子標識方法の検討	石金 浩史	専修大学人間科学部
マウスステップパターン学習において活動する脳内部位の同定と機能解析	木津川 尚史	大阪大学大学院生命機能研究科
マーモセット連合野の神経連絡と領野特異的遺伝子の検討による大脳皮質連合野マップの作成	一戸 紀孝	国立精神・神経医療研究センター神経研究所
ChIP-seq による植物維管束分化過程における転写制御の解析	福田 裕穂	東京大学大学院理学系研究科
ヒメツリガネゴケにおける高等植物の管状要素分化制御遺伝子ホモログの機能解析	出村 拓	奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科
ヒメツリガネゴケ不等分裂制御の分子機構解析	藤田 知道	北海道大学大学院理学研究院
根粒菌感染過程での植物細胞内膜系の動態	松岡 健	九州大学大学院農学研究院
avt-gfp トランスジェニックメダカの作出	加川 尚	近畿大学理工学部
エストロゲンによる精巣卵形成誘起過程の分子制御機構	小林 亨	静岡県立大学環境科学研究科
マウス雌性生殖腺の遺伝子発現に対する周期性ホルモン投与の影響	佐藤 友美	横浜市立大学大学院生命ナノシステム科学研究科
トノサマガエルにおける内分泌かく乱化学物質受容体遺伝子の単離とその発現解析	高瀬 稔	広島大学大学院理学研究科
ラット子宮間膜腺形成におよぼすフルタミドの影響について	太田 康彦	鳥取大学農学部
DSLIM および二光子顕微鏡を用いたゼブラフィッシュ脳内新生ニューロンおよび血管の観察	澤本 和延	名古屋市立大学大学院医学研究科
子宮内におけるマウス胚発生の経時観察	高岡 勝吉	大阪大学大学院生命機能研究科
母体細胞の胎児流入が病原体の垂直感染に及ぼす影響	高島 康弘	岐阜大学応用生物科学部
2 光子励起顕微鏡を用いたがん幹細胞と骨髄ニッチ細胞のインビボイメージング	今村 健志	財団法人癌研究会癌研究所
多光子顕微鏡法の高解像化のための生体試料の光学パラメータの研究	根本 知己	北海道大学電子科学研究所

卵巣成熟過程におけるセロトニン分泌細胞群の同定とその局在変化の解析	福元 隆浩	北海道大学遺伝子病制御研究所感染癌研究センター
細胞老化過程における Tor キナーゼの活性制御機構	松浦 彰	千葉大学大学院融合科学研究科
カルコン合成酵素関連遺伝子の同定と機能解析	野口 博司	静岡県立大学薬学部
イネの機能ゲノム学的解析による新規遺伝子の単離と機能解析	前川 雅彦	岡山大学資源生物科学研究所
光合成遺伝子発現制御機構および環境耐性機構の解析	小林 裕和	静岡県立大学大学院生活健康科学研究科
多様な細胞種でのゲノミクスを支援する研究ツールの開発	仁木 雄三	茨城大学理学部
無脊椎動物神経系の EST 解析とペプチドーム解析による新規神経ホルモンの解明	吉国 通庸	九州大学大学院農学研究院
ショウジョウバエ変態期におけるオクトパミン受容体の役割	萱嶋 泰成	静岡県立大学食品栄養科学部・大学院生活健康科学研究科
性ステロイドホルモン受容体の分子進化の解析	勝 義直	北海道大学大学院理学研究院
ドーパミン受容体ノックアウトマウスを用いた大脳基底核機能の解析	初山 俊彦	東京慈恵会医科大学医学部
トゲウオ科魚類における性染色体転座と種分化	北野 潤	東北大学大学院生命科学研究科
短日植物イネの開花統御機構	寺田 理枝	名城大学農学部
植物オートファジーによる選択的オルガネラ分解機構	白須 賢	独立行政法人理化学研究所植物科学研究センター
植物におけるアーバスキュラー菌根共生の分子機構の解明	上中 弘典	鳥取大学農学部
Fosmid Library を用いた遺伝子導入部位の解析 (魚類を材料として)	木下 政人	京都大学大学院農学研究院
周生期ビスフェノール曝露影響の解析	渡邊 肇	大阪大学大学院工学研究科
NimA-related kinase の機能分化から探る植物の細胞伸長の進化生物学的解析	本瀬 宏康	岡山大学大学院自然科学研究科
植物ユビキチンカスケードプロテアソーム機能の解明	山口 淳二	北海道大学大学院理学研究院
メダカミュータント、Oot、の原因遺伝子の同定	石川 裕二	独立行政法人放射線医学総合研究所放射線防護研究センター
無尾両生類におけるホルモン応答性アクアポリンの遺伝子領域の解析、および遺伝子改変メダカの作製	鈴木 雅一	静岡大学理学部
赤外線レーザー顕微鏡を用いたメダカにおける温度依存的性決定機構の解析	北野 健	熊本大学大学院自然科学研究科
BAC transgenic 法による脈管組織可視化メダカの作製	出口 友則	独立行政法人 産業技術総合研究所健康工学研究部門
メダカ成長ホルモン過剰発現 / ソマトラクチン通常発現トランスジェニック系統の作製	深町 昌司	日本女子大学理学部
TILLING 法による変異メダカ作製法の改善	谷口 善仁	慶應義塾大学医学部
次世代シーケンサー SOLiD システムを用いた、変異体 1 と野生株におけるストレス応答性アンチセンス RNA の生成量の比較	関 原明	独立行政法人理化学研究所植物科学研究センター
Parkin ノックアウトマウスの雄性不妊形質の原因解明	千葉 智樹	筑波大学大学院生命環境科学研究科
軟骨、性分化における生物種間での SOX9 の標的遺伝子の比較解析	浅原 弘嗣	国立成育医療研究センター研究所システム発生・再生医学研究部
魚類の性転換における生殖細胞と体細胞の起源	中村 将	琉球大学熱帯生物圏研究センター
棘皮動物ニッポンウミシダ Hox クラスターの構造解析	近藤 真理子	東京大学大学院理学系研究科 付属臨海研究所
改変型 Ptpcr ノックインマウスの作出とその機能解析	渡邊 利雄	奈良女子大学大学院人間文化研究科
脊椎動物成体における APC/C(anaphase promoting complex/cyclosome) 活性化因子 Cdh1 機能解明の試み	國仲 慎治	慶應義塾大学医学部 先端医科学研究所
アブラムシの生活史における表現型可塑性の喪失とその遺伝基盤の解析	三浦 徹	北海道大学大学院地球環境科学研究院
外部形態の背側化を制御するメダカ zic1/zic4 の発現境界維持機構の解析	塚原 達也	東京大学大学院理学系研究科
動物 GPI 蛋白質の脂質リモデリングに関わる新規遺伝子の機能解析	高 暁冬	北海道大学大学院先端生命科学研究院
遺伝子改変非ヒト霊長類作出に関する基礎研究	佐々木 えりか	財団法人実験動物中央研究所応用発生学研究部
Ribosomal protein の MALDI-TOF MASS フラグメントによる Lactobacillus 属乳酸菌の菌種同定	齋藤 忠夫	東北大学大学院農学研究院
赤外線レーザー遺伝子発現顕微鏡 (IR-LEGO) を用いた植物の光屈性の解析	長谷 あきら	京都大学大学院理学研究科
メダカ骨形成突然変異体の原因遺伝子の同定	猪早 敬二	東京工業大学大学院生命理工学研究科
マウス生殖器官形成過程における細胞のライブイメージング	山田 源	熊本大学発生医学研究所
心拍依存性、力刺激依存性 miR-21 による心臓弁形成の制御機構	小椋 利彦	東北大学加齢医学研究所

2008 年度 研究会	研究代表者名・所属	
体内環境を維持する諸機構の統合的理解をめざして	野田 昌晴	自然科学研究機構基礎生物学研究所
リン酸化シグナルの統合的理解を目指して	青木 直人	三重大学大学院生物資源学研究所





様々なゲノム情報を基にした植物進化の研究	花田 耕介	理化学研究所植物科学研究センター
ラマン分光を用いたバイオイメーキングに関する研究	上野 直人	自然科学研究機構基礎生物学研究所
力学刺激と細胞応答	上野 直人	自然科学研究機構基礎生物学研究所

2009年度 研究会	研究代表者名・所属	
大脳皮質の構成と機能発現	坂野 仁	東京大学大学院理学系研究科
マウス初期発生の基本メカニズム	佐々木 洋	独立行政法人 理化学研究所発生・再生科学総合研究センター
植物器官発生を制御する細胞間シグナル分子	岡田 清孝	自然科学研究機構基礎生物学研究所

2010年度 研究会	研究代表者名・所属	
植物エンドメンブレン研究会	深尾 陽一郎	奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科
アサガオ研究集会	吉田 久美	名古屋大学大学院情報科学研究科
繊毛の構造と機能のインターフェイス	野中 茂紀	自然科学研究機構基礎生物学研究所

2008年度 大型スペクトログラフ共同利用実験	研究代表者名・所属	
マウス皮膚における紫外線誘発突然変異の作用スペクトル解析：皮膚特異的変異誘発抑制応答の機構解明	池畑 広伸	東北大学大学院医学系研究科
高分子材料における分光照射実験	大石 不二夫	神奈川大学理学部
魚類培養細胞における光応答メカニズム	藤堂 剛	大阪大学大学院医学系研究科
修復欠損マウスにおける長波長紫外線による DNA 損傷とその修復	錦織 千佳子	神戸大学大学院医学系研究科
ペルオキシソームの運動解析	西村 幹夫	自然科学研究機構基礎生物学研究所
犬糸状虫マイクロフィラリアの光走性反応行動に関する明暗認識の波長依存性	早崎 峯夫	山口大学農学部
フォトリポピンおよびクリプトクロム光シグナル伝達経路間の相互作用	徳富 哲	大阪府立大学大学院理学系研究科
UV ストレスとメラトニン合成系	竹田 真木生	神戸大学大学院農学研究科
珪藻のフィトクローム	石川 依久子	理化学研究所脳科学総合研究センター脳科学研究推進部
紫外線単独、あるいは化学物質共存下での DNA 傷害と突然変異誘導に関する研究	根岸 友恵	岡山大学大学院医歯薬学総合研究科
高等植物の屈光反応における細胞骨格系の役割	西村 いくこ	京都大学大学院理学研究科

2009年度 大型スペクトログラフ共同利用実験	研究代表者名・所属	
マウス皮膚における紫外線誘発突然変異の作用スペクトル解析：皮膚特異的変異誘発抑制応答の機構解明	池畑 広伸	東北大学大学院医学系研究科
ペルオキシソームの運動解析	西村 幹夫	自然科学研究機構基礎生物学研究所
修復欠損マウスにおける長波紫外線による DNA 損傷とその修復	錦織 千佳子	神戸大学大学院医学研究科
高分子材料における分光照射実験およびレーザー照射実験	大石 不二夫	神奈川大学理学部
太陽光線の波長依存的生物影響における酸化傷害の役割に関する研究	根岸 友恵	岡山大学大学院医歯薬学総合研究科
魚類細胞における光応答メカニズム	藤堂 剛	大阪大学医学系研究科
Determination of the Action Spectrum for Type 4 Chromatic Acclimation in the Marine Cyanobacterium <i>Synechococcus</i> sp.RS9916	David M Kehoe	Indiana University Department of Biology
犬糸状虫マイクロフィラリアの走光性反応行動に関する明暗認識の波長依存性	渡辺 正勝	総合研究大学院大学先導科学研究科
狭域紫外線がもたらす水晶体上皮細胞への影響評価	山代 陽子	金沢医科大学総合医学研究所
<i>Amoeba proteus</i> の光走性に関する研究	園部 誠司	兵庫県立大学大学院生命理学研究科

2010年度 大型スペクトログラフ共同利用実験	研究代表者名・所属	
マウス皮膚における紫外線誘発突然変異の作用スペクトル解析：皮膚特異的変異誘発抑制応答の機構解明	池畑 広伸	東北大学大学院医学系研究科
紫外線単独、あるいは化学物質共存下での DNA 障害と突然変異誘導に関する研究	根岸 友恵	岡山大学大学院医歯薬学総合研究科
機能性材料の開発と評価法確立を目指した分光照射実験及びレーザー照射実験	西本 右子	神奈川大学理学部
鳥類の光周性を制御する脳内光受容体の作用スペクトル	吉村 崇	名古屋大学大学院生命農学研究科
イネ特異的な開花促進因子 <i>Ehd1</i> の青色光依存的な転写誘導機構の解析	伊藤 博紀	独立行政法人農業生物資源研究所
<i>Amoeba proteus</i> の光の反応	園部 誠司	兵庫県立大学大学院生命理学研究科
魚類細胞における光応答メカニズム	藤堂 剛	大阪大学大学院医学系研究科
海産植物プランクトンの光発芽と日周鉛直移動リズムの光制御の作用スペクトル	紫加田 知幸	総合研究大学院大学先導科学研究科



2010年度 DSLM 共同利用実験	研究代表者名・所属
トランスジェニックウズラ胚の血管形成過程イメージング解析	佐藤 有紀 熊本大学大学院先導機構
アメーバ運動に伴う細胞膜のダイナミクス	園部 誠司 兵庫県立大学大学院生命理学研究科
ショウジョウバエ消化管の左右非対称な三次元構造に関する研究	松野 健治 東京理科大学基礎工学部
DSLM 顕微鏡を用いた小型魚類の発生過程における Ca <sup>2+</sup> 動態の可視化	永井 健治 北海道大学電子科学研究所
哺乳類の脳形成をインビボ観察する	宮田 卓樹 名古屋大学大学院医学系研究科
メダカトランスジェニック系統を用いた腎発生の解析	越田 澄人 東京大学大学院理学系研究科
組織周囲微小環境が唾液腺、歯胚分岐形態形成に及ぼす影響の検討	松本 卓也 大阪大学大学院歯学研究科

2010年度 次世代 DNA シーケンサー共同利用実験	研究代表者名・所属
脈管障害の起点となる代謝異常症の遺伝子解析	瀬藤 光利 浜松医科大学分子イメージング先端研究センター
不活性クロマチンを維持できないイネ系統における新規トランスポゾン転移の探索	土生 芳樹 独立行政法人農業生物資源研究所植物科学研究領域
Candidatus Helicobacter heilmannii のゲノム解析	松井 英則 北里大学北里生命科学研究科
岡山県餘慶寺本尊千手観音像内部から発見された江戸時代初期籾米の DNA 解析	中西 徹 就実大学薬学部
Study of Suppressors for Arabidopsis mom1 mutation involved in gene silencing	西村 泰介 ジュネーブ大学植物学科
異種、異属バクテリア間でのゲノム交換法の開発	田端 和仁 大阪大学産業科学研究所
軟骨、性分化における生物種間での SOX9 の標的遺伝子の比較解析	浅原 弘嗣 国立成育医療研究センターシステム発生・再生医学研究部
共生細菌による体色変化にともなう宿主アブラムシの網羅的遺伝子発現解析	土田 努 理化学研究所基幹研究所
細胞性粘菌のオーガナイザー形成と細胞分化にかかわる遺伝子の同定	福澤 雅志 弘前大学農学生命科学部
分散型動原体型染色体におけるセントロメア DNA の同定	日下部 宜宏 九州大学大学院農学研究院
バキュロウイルス感染細胞におけるウイルス・宿主遺伝子発現動態の解析	伴戸 久徳 北海道大学大学院農学研究院

2010年度 施設利用 ( トレーニングコース実習室 )	研究代表者名・所属
再生生物学トレーニングコース ~ 3次元構造を構築する再生医療の普及を目指す~	阿形 清和 京都大学大学院理学研究科

## 東日本大震災被災研究者支援「緊急の共同利用研究」

2011年3月11日に発生した東日本大震災により、多くの大学や研究機関が被災し、研究活動に大きな支障が生じました。基礎生物学研究所では、被災研究者の研究教育活動の早期回復を支援するために、3月17日より「緊急の共同利用研究」を募集し、基礎生物学研究所に一定期間滞在して研究活動を行う機会を提供しています（旅費・滞在費を支給）。

緊急の共同利用研究	研究代表者名・所属
心拍依存性、力刺激依存性 miR-21 による心臓弁形成の制御機構	小椋 利彦 東北大学加齢医学研究所
Tor キナーゼを介した細胞周期制御の細胞老化過程への関与	松浦 彰 千葉大学大学院融合科学研究科
メタノール資化性酵母の Tor シグナル経路についての研究	千葉 靖典 産業技術総合研究所糖鎖医工学研究センター
イネの発生・分化を制御する分子遺伝学的研究	平野 博之 東京大学大学院理学系研究科
メダカをモデルとした魚類の変態に関する研究	横井 勇人 東北大学大学院農学研究科
マウス初期胚を用いた発生過程における細胞動態の画像解析技術の開発	小林 徹也 東京大学生産技術総合研究所

2011年8月31日現在

## 基生研セミナー

### 2007年度（後半）

小林 一也（University of Tübingen）「プラナリア三倍体種の運命は絶滅あるのみか？」

今井 弘民（元 遺伝学研究所）「最小作用説に基づく真核生物のゲノム進化とその生物学的意味」

### 2008年度

村松 秀（NHKエデュケーショナル）『テレビ屋』というお仕事 ～「伝える」から「伝わる」へ～

川人 光男（国際電気通信基礎技術研究所 (ATR) 脳情報研究所）「記憶の分子動態機構」

池谷 裕二（東京大学大学院薬学系研究科）「多ニューロン活動の可視化とシステム薬理学」

### 2009年度

桜田 一洋（ソニーコンピュータサイエンス研究所）「生命科学における原理解明から問題解決への展開」

西成 活裕（東京大学 先端科学技術研究センター）「渋滞の科学」

## 所長招聘

### 2008年度

植田 美那子	名古屋大学大学院 理学研究科	
大隅 典子	東北大学大学院 医学系研究科	
松田 洋一	北海道大学大学院 理学研究院	
毛利 秀雄	自然科学研究機構 基礎生物学研究所	
安楽 泰宏	東京大学	
柴岡 弘郎	大阪大学	
佐藤 公行	岡山大学	
今関 秀雅	名古屋大学	ほか

### 2009年度

石垣 靖人	金沢医科大学 総合医学研究所	
毛利 秀雄	自然科学研究機構 基礎生物学研究所	
JASNY Barbara R.	Advancement of Sciences Association for the Advance Science	
桜田 一洋	ソニーコンピューターサイエンス研究所 基盤研究室	
西成 活裕	東京大学 先端科学技術研究センター	ほか

### 2010年度

毛利 秀雄	自然科学研究機構 基礎生物学研究所	
SHASHIDHARAL S.	Indian Institute of Science Education and Research	
柳町 隆造	University of Hawaii	
三好 悟一	New York University School of Medicine	ほか

## 受賞・受章

### 2008年度

- ・2008年度 朝日賞  
大隅 良典（分子細胞生物学研究部門 教授）
- ・2008年度 日本植物学会 学術賞  
長谷部 光泰（生物進化研究部門 教授）
- ・第13回日本植物形態学会 奨励賞  
山口 貴大（植物発生遺伝学研究部門 助教）
- ・第16回日本生化学会 JB 論文賞  
藤川 顕寛、野田 昌晴ら（統合神経生物学研究部門）
- ・瑞宝重光章  
江口 吾朗（基礎生物学研究所 名誉教授）
- ・日本遺伝学会第80回大会 Best Paper 賞  
定塚 勝樹（ゲノム動態研究部門 助教）

### 2009年度

- ・2009年度 日本植物学会 学術賞  
岡田 清孝（基礎生物学研究所 所長）
- ・2009年度 日本植物生理学会 学会賞  
岡田 清孝（基礎生物学研究所 所長）
- ・第17回日本生化学会 JB 論文賞  
新谷 隆史、野田 昌晴（統合神経生物学研究部門）
- ・DGD AWARD Most Cited Paper Development Growth and Differentiation Editor-in-Chief Prize  
黒川 紘美、田中 実ら（生殖遺伝学研究室）
- ・2009年度 日本アンドロロジー学会学 学術奨励賞  
宮川 信一（分子環境生物学研究部門 助教）

### 2010年度

- ・2010年度 日本進化学会 研究奨励賞  
重信 秀治（生物機能情報分析室 特任准教授）
- ・日本環境毒性学会 ベストポスター賞  
豊田 賢治（分子環境生物学研究部門 大学院生）
- ・第8回キャンパスベンチャーグランプリ中部 特別賞・中部経済産業局長賞  
豊田 賢治（分子環境生物学研究部門 大学院生）
- ・第18回 PCP 論文賞  
岡本 暁、川口 正代司ら（共生システム研究部門）

# 異動の記録

## 採用

### 2008 年度

林 良樹 助教 発生遺伝学研究部門 2008 年 4 月 1 日  
倉田 智子 特任助教 広報 2008 年 4 月 1 日  
望月 敦史 教授 (兼任) 理論生物学研究部門 2008 年 7 月 1 日  
藤森 俊彦 教授 初期発生研究部門 2008 年 8 月 1 日  
吉田 松生 教授 生殖細胞研究部門 2008 年 8 月 1 日  
豊岡 やよい 助教 初期発生研究部門 2008 年 10 月 1 日  
鈴木 誠 助教 形態形成研究部門 2008 年 10 月 1 日  
椎名 伸之 准教授 神経細胞生物学研究室 2009 年 3 月 1 日

### 2009 年度

川口 正代司 教授 共生システム研究部門 2009 年 4 月 1 日  
北舘 祐 助教 生殖細胞研究部門 2009 年 4 月 1 日  
渡邊 肇 教授 (兼任) 分子環境生物学研究部門 2009 年 7 月 1 日  
宮川 信一 助教 分子環境生物学研究部門 2009 年 6 月 1 日  
佐藤 昌直 助教 発生遺伝学研究部門 2009 年 8 月 1 日  
武田 直也 助教 共生システム研究部門 2009 年 10 月 1 日  
壽崎 拓哉 助教 共生システム研究部門 2010 年 1 月 1 日

### 2010 年度

新谷 隆史 准教授 統合神経生物学研究部門 2010 年 4 月 1 日  
渡我部 昭哉 准教授 脳生物学研究部門 2010 年 4 月 1 日  
亀井 保博 特任准教授 生物機能解析センター 2010 年 4 月 1 日  
重信 秀治 特任准教授 生物機能解析センター 2010 年 4 月 1 日  
勝 義直 客員准教授 統合バイオ 2010 年 4 月 1 日  
影山 裕二 特任助教 統合バイオ 2010 年 6 月 1 日  
笹岡 俊邦 教授 (兼任) 神経生化学研究室 2010 年 7 月 1 日  
玉田 洋介 助教 生物進化研究部門 2010 年 8 月 1 日  
原 健士朗 助教 生殖細胞研究部門 2010 年 8 月 1 日  
松崎 政紀 教授 光脳回路研究部門 2010 年 9 月 1 日  
荻野 由紀子 助教 分子環境生物学研究部門 2010 年 9 月 16 日  
皆川 純 教授 環境光生物学研究部門 2010 年 10 月 1 日  
中山 啓 助教 神経細胞生物学研究室 2010 年 10 月 1 日  
矢部 泰二郎 助教 分子発生学研究部門 2010 年 10 月 1 日  
松林 嘉克 教授 細胞間シグナル研究部門 2011 年 1 月 1 日  
篠原 秀文 助教 細胞間シグナル研究部門 2011 年 3 月 1 日

### 2011 年度 < 8 月 31 日現在 >

小山 宏史 助教 初期発生研究部門 2011 年 4 月 1 日

## 転出

### 2008 年度

望月 敦史 2008 年 6 月 30 日  
異動先: 理化学研究所 主任研究員  
小川 英知 2008 年 7 月 31 日  
異動先: 情報通信研究機構 研究員  
諸橋 憲一郎 2008 年 7 月 31 日 (兼任終了)  
飯田 滋 2009 年 3 月 31 日 (定年退職)  
異動先: 静岡県立大学 客員教授 / 東京農工大学 客員教授  
大隅 良典 2009 年 3 月 31 日  
異動先: 東京工業大学 特任教授  
勝 義直 2009 年 3 月 31 日  
異動先: 北海道大学 准教授  
鈴木 邦律 2009 年 3 月 31 日  
異動先: 東京工業大学 特任助教  
中戸川 仁 2009 年 3 月 31 日  
異動先: 東京工業大学 特任助教  
酒巻 和弘 2009 年 3 月 31 日 (客員終了)

### 2009 年度

渡邊 肇 2009 年 5 月 31 日  
異動先: 大阪大学 教授  
寺田 理枝 2010 年 3 月 31 日  
異動先: 名城大学 教授  
渡辺 正勝 2010 年 3 月 31 日 (客員終了)  
渡邊 肇 2010 年 3 月 31 日 (兼任終了)

### 2010 年度

塚谷 裕一 2010 年 9 月 30 日 (客員終了)  
笹岡 俊邦 2010 年 6 月 30 日  
異動先: 北里大学 教授  
大久保 直 2011 年 3 月 31 日  
異動先: 北里大学 講師  
宮脇 敦史 2011 年 3 月 31 日 (客員終了)  
笹岡 俊邦 2011 年 3 月 31 日 (兼任終了)  
望月 敦史 2011 年 3 月 31 日 (兼任終了)  
堀内 嵩 2011 年 3 月 31 日 (定年退職)  
長濱 嘉孝 2011 年 3 月 31 日  
異動先: 愛媛大学 特命教授

# 基礎生物学研究所コンファレンス

## 第 55 回 基礎生物学研究所コンファレンス

Frontiers of Plant Science in the 21st Century  
「21 世紀の植物科学研究」

開催期間: 2008 年 9 月 13 日 ~ 15 日

会場: 岡崎コンファレンスセンター

オーガナイザー: 岡田 清孝 (基礎生物学研究所)

塚谷 裕一 (東京大学 / 基礎生物学研究所)

西村 幹夫 (基礎生物学研究所)

長谷部 光泰 (基礎生物学研究所)

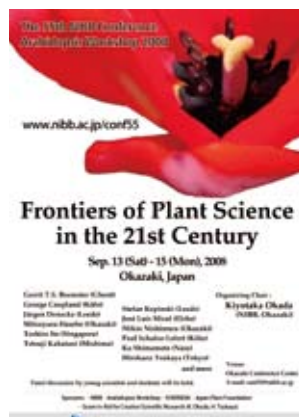
山口 貴大 (基礎生物学研究所)

### Sessions

- 1: Plant Cell
  - 2: Phytohormones
  - 3: Systems Biology and Evo-Devo
  - 4: Leaf Development
  - 5: Flower Induction Mechanism
  - 6: New Model Plants and Engineering
- Panel Discussion: Frontiers of Plant Science in the 21st Century
- 7: Meristem Organization
  - 8: Intercellular Signaling and Epigenetics
  - 9: Plant-Microbe Interaction

### 招待講演者

Beemster, Gerrit T.S. (Ghent Univ., Belgium)  
Breuer, Christian (RIKEN, Japan)  
Causier, Barry (Univ. Leeds, UK)  
Collins, Richard M. (Univ. Leeds, UK)  
Coppens, Frederik (Ghent Univ., Belgium)  
Coupland, George M. (MPIZ, Germany)  
Giakountis, Antonis (MPIZ, Germany)  
Gonehal, Venugopala Reddy (UC, Riverside, USA)  
Ito, Toshiro (Temasek Life Sciences Lab., Singapore)  
Kepinski, Stefan (Univ. Leeds, UK)  
Knox, Paul (Univ. Leeds, UK)  
Micol, Jose Luis (Univ. Miguel Hernandez, Spain)  
Perez-Perez, Jose M. (Univ. Miguel Hernandez)  
Saijo, Yusuke (MPIZ, Germany)  
Schulze-Lefert, Paul (MPIZ, Germany)  
Sun, Bo (National Univ. Singapore, Singapore)  
芦刈 基行 (名古屋大学)  
江面 浩 (筑波大学)  
角谷 徹仁 (国立遺伝学研究所)  
川口 正代司 (東京大学)  
島本 功 (奈良先端科学技術大学院大学)  
武田 征士 (奈良先端科学技術大学院大学)  
田中 良和 (サントリー株式会社)  
西村 いくこ (京都大学)  
町田 泰則 (名古屋大学)  
松林 嘉克 (名古屋大学)



### 開催報告

オーガナイザー 山口 貴大  
(植物発生遺伝学研究部門)

2008 年 9 月 13 日から 15 日にかけて第 55 回 NIBB コンファレンスおよびシロイヌナズナワークショップ 2008 共催による“Frontiers of Plant Science in the 21st Century”が開催されました。

まず、本会議の最大の特色として、国内外の若手研究者の積極的な参加を図った点が挙げられます。本会議を企画するにあたっては、海外からの招聘研究者に、学生やポストドククラスの若手研究者の帯同を依頼し、彼らによる口頭発表をお願いしました。国際学会などにおいても海外の学生やポストドクによる口頭発表を目にする機会は意外と少ないものです。今回彼らのプレゼンテーションを目にした日本の若手研究者には、自身のプレゼンテーションを国際基準で考える上で、とても良い刺激になったと思います。

また、非常にユニークな試みとして、総研大生を中心とする日本の学生と、海外からの若手研究者によるパネルディスカッションが行われました。この企画の趣旨は、今後の植物科学に関する課題を、若手研究者が提案し議論するというものです。海外の若手研究者による議題からは、自分の専門外の植物科学の課題に関しても、深い知識と主張を持っていることが感じられ、その視野の広さに非常に感心させられました。また日本の学生による議題からは、将来の植物科学の課題を大局的に考えようとする姿勢が感じられました。

また、もう一つの特色として、企業・応用研究者の参加と言う点が挙げられます。今回ご参加いただいたサントリー株式会社の田中良和博士の独自の視点、基礎研究に対するご意見は非常に新鮮であり、普段私たちが属している基礎研究のコミュニティの中にいるだけでは気がつかないご指摘を数多くいただきました。基礎研究といえども、応用へのアウトプットが常に求められる時代、今後同様の機会があれば、さらに多数の企業研究者にご参加いただき、植物科学に対する企業の視点、基礎研究に対するご意見を是非とも伺いしたいです。

最後に会議全体を通しての感想ですが、各講演者の新規性のあるエキサイティングな話題提供により、植物科学の最先端の研究展開を広く知る良い機会になりました。ご参加くださった先生方に、この場を借りてもう一度御礼申し上げます。



## 第56回 基礎生物学研究所コンファレンス

## Neocortical Organization

## 「大脳皮質」

開催期間 : 2010年3月12日~14日

会場 : 岡崎コンファレンスセンター

オーガナイザー : 山森 哲雄 (基礎生物学研究所)

## Sessions:

- 1: Formation of Cortical Neural Specificity
- 2: Functional Organization of the Cortical Networks in the Visual and Auditory Systems
- 3: Functional Organization of the Cortical Networks in Primates and Humans
- 4: Motion Control and the Anatomical and Physiological Basis
- 5: Higher Cognition and the Representation

## 招待講演者

Harris, Kenneth D. (Imperial College London, UK)

Hensch, Takao K. (Harvard Univ., USA)

Kennedy, Henry (INSERM U846, France)

Macklis, Jeffrey D. (Harvard Univ., USA)

Rubenstein, John L. R. (UCSF, USA)

Stryker, Michael P. (UCSF, USA)

Sur, Mrganka (MIT, USA)

Watanabe, Takeo (Boston Univ., USA)

伊佐 正 (生理学研究所)

大隅 典子 (東北大学)

川口 泰雄 (生理学研究所)

川人 光男 (ATR 脳情報通信総合研究所)

小松 英彦 (生理学研究所)

酒井 邦嘉 (東京大学)

坂野 仁 (東京大学)

泰羅 雅登 (日本大学)

高田 昌彦 (京都大学)

田中 啓治 (理化学研究所 BSI)

谷藤 学 (理化学研究所 BSI)

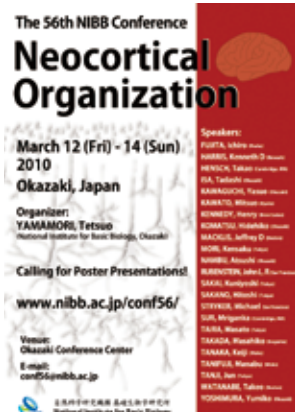
丹治 順 (玉川大学)

津本 忠治 (理化学研究所 BSI)

藤田 一郎 (大阪大学)

南部 篤 (生理学研究所)

森 憲作 (東京大学)



## 開催報告

オーガナイザー 山森 哲雄  
(脳生物学研究部門)

大脳新皮質は哺乳類にみられる固有の脳構造であり、知覚や行動をつかさどる中枢だと考えられている。そのため、100年以上にわたり神経科学における研究の主流となってきたのだが、その形成機構や、機能機構が分子レベルで分かってきたのはごく最近の事である。そこで大脳新皮質構築研究に関して、二つの側面において交流が進むよう、触媒的な会議を開く良い時期だと考えた。一つの側面は大脳新皮質構築の機能的、遺伝学的な研究間の交流であり、もう一つはこの分野で世界最先端の研究を行っている国内外からの著名な研究者達の交流の機会を提供することである。このシンポジウムは5つのセッションから構成された。

セッション1: 皮質ニューロンの特異性の形成機構

セッション2: 視覚および聴覚システムにおける皮質ネットワークの機能構築

セッション3: 霊長類およびヒトにおける皮質ネットワークの機能構築

セッション4: 運動制御およびその解剖学的、生理学的基礎

セッション5: 高次認知機能および表出

シンポジウムは無事盛況に終了した。最後のセッションでのカリフォルニア大学サンフランシスコ校 マイケル・ストライカー教授による結びの言葉を引用したいと思う。「国際会議とは極めて有益で、そして楽しくなりうるものである。今回の会議はお互いに論文を読みあうのと同じくらいの時間をかけても、得るものはずっと大きい会議である。一つには、質疑応答を通して、自分達が誤解しているかもしれない事について確認したり、論文に乗っているデータだけでは証拠が足りないと思うことについて問い合わせることができる。このような討論をすれば、さらなる実験や、違った角度からの解析につながるかもしれないし、単に不明な点が解消するだけの場合もある。それだけではない。それぞれの将来の計画について聞き、理解し、議論を行うことで、自分たち自身の今後の研究を改善することにもなる。また研究仲間たちが創りだした新しい研究ツールについて知ることでもできる。特にポスターセッションは、私達外国人がエネルギーにあふれた若く優秀な日本人学生研究者らに会う機会でもあるし、逆に彼らが我々に会う機会でもある。このような機会は、今後の科学的交流やポスドク研究のための基盤を築くものである。最後に、神経科学の発展を刺激するような会議を開いてくれた基礎生物学研究所と山森教授に感謝の意を表し、日本と欧米間の交流を祝して締め言葉としたい。Arigato。」

## 第57回 基礎生物学研究所コンファレンス

### The Dynamic Genome

#### 「ダイナミックゲノム」

開催期間: 2010年10月14日~16日

会場: 岡崎コンファレンスセンター

オーガナイザー: 堀内 嵩 (基礎生物学研究所)

#### Sessions

- 1: Bacterial Genome and Genome Rearrangement
- 2: Gene Amplification I, II
- 3: Condensin and Cohesin
- 4: mtDNA and cpDNA Dynamics
- 5: Mutation and Gene Evolution

#### 招待講演者

Bendich, Arnold (Univ. Washington, USA)

Heeger, Sebastian (LRI, UK)

Näsval, Joakim (Uppsala Univ., Sweden)

Rountree, Michael (Univ. Oregon, USA)

Tomáška, L'ubomir (Comenius Univ., Slovakia)

Yao, Meng-Chao (IMB, Taiwan)

岩崎 博史 (東京工業大学)

小林 武彦 (国立遺伝学研究所)

柴田 武彦 (理化学研究所)

清水 典明 (広島大学)

白髭 克彦 (東京大学)

定塚 勝樹 (基礎生物学研究所)

関口 睦夫 (福岡歯科大学)

日高 真純 (福岡歯科大学)

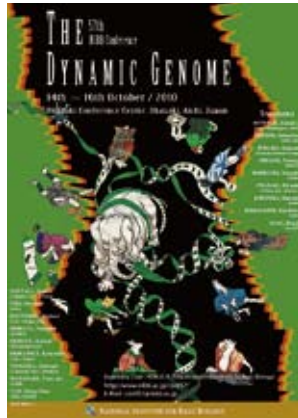
平野 達也 (理化学研究所)

堀内 嵩 (基礎生物学研究所)

仁木 宏典 (国立遺伝学研究所)

真木 寿治 (奈良先端科学技術大学院大学)

渡邊 孝明 (基礎生物学研究所)



#### 開催報告

オーガナイザー 堀内 嵩  
(ゲノム動態研究部門)

本コンファレンスのタイトルは、コールドスプリングハーバーの研究者であり、ノーベル賞受賞者でもあるマクリントック博士の業績をまとめた本のタイトルからの借り物である。

近年多くの生物ゲノムの配列が明らかにされたにも関わらず、ゲノム進化がどのように起こってきたかについての説得力のあるモデルは、残念ながら未だ提案されてはいない。生物は明らかに進化し、その前提としてゲノムも明らかに変化してきた筈である。ならば、ゲノムの変化はどのように起こってきたのか？またそれを起こすどのような能力を生物は有するのか？についての最新の知見を持ち寄り、議論することで、現段階での進化に直接関与すると思われるゲノム動態の現状を知るためこのコンファレンスを企画した。

そのため、ゲノムに変化を及ぼす、複製、組み換え、修復の各過程の最前線を知るとともに、特にゲノムの動態に深く関与するタンパク質のコヒーシとコンデンシンの構造と機能についての現状を明らかにし、恐らくゲノム進化に深く関与すると予想される遺伝子増幅の機構の現状を知り、最後にゲノム進化に重要な役割を担うと予想される変異生成についての現状を把握するため、40名以上の国内外の第一線及び若手研究者の参加を得た。本コンファレンスを通して、これまで経験したことがないような環境の激変に直面した生物が、それをどのように察知し、ゲノムをどのように変化させてきたかについて知ることが今後の興味あるテーマであることを強く感じた次第である。マクリントック博士の提唱したBFB (Break-Fusion-Bridge) サイクルも、恐らくゲノム進化の重要な一過程であると信じつつ。



基礎生物学研究所では、生物科学学会連合の推薦のもと、生物学における新しい研究課題としての問題発掘を目指し、今後生物学が取り組むべき新たな研究分野の国際的コミュニティ形成を支援するための国際研究集会 Okazaki Biology Conference (生物学国際高等コンファレンス 略称 OBC) を開催しています。国内外を問わず集められた数十人のトップレベルの研究者が、約一週間寝食を共にして議論をつくり、今後重要となる生物学の新たな課題に挑戦するための戦略を検討します。既に開催されたコンファレンスからは、国際的研究者コミュニティが形成されつつあります。

第1回 2004年1月25日～30日

"The Biology of Extinction"

「絶滅の生物学」

第2回 2004年9月26日～30日

"Terra Microbiology"

「地球圏微生物学」

第3回 2006年3月12日～17日

"The Biology of Extinction 2"

「絶滅の生物学 2」

第4回 2006年9月10日～15日

"Terra Microbiology 2"

「地球圏微生物学 2」

第5回 2007年3月11日～16日

"Speciation and Adaptation - Ecological Genomics of Model Organisms and Beyond -"

「種分化と適応」

モデル生物の生態ゲノミクスとその発展」

第6回 2007年12月2日～8日

"Marine Biology"

「海洋生物学」

第7回 2010年1月11日～14日

"The Evolution of Symbiotic Systems"

「共生システムの進化」

第8回 2011年3月25日～29日

"Speciation and Adaptation II - Environment and Epigenetics -"

「種分化と適応 II」

環境とエピジェネティクス」

\* 東日本大震災の影響により延期

[OBC ホームページ](http://obc.nibb.ac.jp)

<http://obc.nibb.ac.jp>

## 第7回 生物学国際高等コンファレンス (OBC)

The Evolution of Symbiotic Systems

「共生システムの進化」

開催期間：2010年01月11日～14日

会場：ヤマハリゾートつま恋

オーガナイザー：川口 正代司 (基礎生物学研究所)

Lake, James (UCLA, USA)

Sessions

- 1: Evolution of Plastids
- 2: Interdependent Genomes
- 3: Marine Symbiosis
- 4: Plant-Insect Interactions
- 5: Diversity of Endosymbionts and Partner Shift
- 6: Insect-Microbe Symbiosis
- 7: New Developments by Young Scientists
- 8: Artificial Symbiotic Systems
- 9: Symbiotic Systems of Microbes
- 10: Symbiotic Signaling

### 招待講演者

Arnold, Michael L. (Univ. Georgia, USA)

Baldwin, Ian T. (MPIZ, Germany)

Bordenstein, Seth (Vanderbilt Univ., USA)

Delwiche, Charles (Univ. Maryland, USA)

Engel, Annette Summers (Louisiana State Univ., USA)

Jenke-Kodama, Holger (沖縄科学技術研究基盤整備機構)

Lake, James (UCLA, USA)

Norris, Dale M. (Univ. Wisconsin, USA)

Reddick, L.Evan (Univ. Tennessee, USA)

Rumpho, Mary (Univ. Maine, USA)

Sato, Shigeharu (MRC National Institute for Medical Research, UK)

Shou, Wenying (Fred Hutchinson Cancer Res. Ctr., USA)

Weis, Virginia (Oregon State Univ., USA)

岡崎 伸 (奈良女子大学)

九町 健一 (鹿児島大学)

佐伯 和彦 (奈良女子大学)

重信 秀治 (基礎生物学研究所)

新里 宙也 (沖縄科学技術研究基盤整備機構)

菅沼 教生 (愛知教育大学)

高林 純示 (京都大学)

武田 直也 (基礎生物学研究所)

田中 寛 (千葉大学)

中島 敏幸 (愛媛大学)

林 誠 (農業生物資源研究所)

深津 武馬 (産業技術総合研究所)

細田 一史 (大阪大学)

本郷 裕一 (東京工業大学)





## 開催報告

オーガナイザー 川口 正代司（共生システム研究部門）

2009年1月、掛川市つま恋にて生物学国際高等コンファレンス（OBC）を開催した。OBCは、生物学における新しい研究課題の発掘と研究分野の新しい国際的コミュニティを形成することを目的とした合宿形式の研究集会で、今回は生物間の相互作用である「共生」をテーマに取り上げた。まずOBCに先立ち、独創的な研究を進めている日本の共生研究者を集めて準備会議を開催し、それぞれの研究の状況を把握するとともに、世界で行われている共生研究についての情報交換を行った。そこで出された意見をもとに、海外の研究者に参加を呼びかけ、さらに雑誌等で公募を募った。オーガナイザーは、私とUCLAのJames Lake教授が担当することになった。

会議の内容は極めて多岐にわたった。共生により2重膜を持つ原核生物が誕生したという仮説の提唱、藻類と陸上植物における色素体の進化、マラリア原虫が持つ色素体様小器官アピコプラスト、珊瑚礁共生系、深海に棲息する貝類の共生、藻類を取り込むことにより植物化する原生動物ハテナ、光合成するウミウシ、植物とポリネーターの相互作用、昆虫と細胞内共生微生物、シロアリの多層構造よりなる共生系、植物と根粒菌や菌根菌との共生、3種の生物で安定化する相互作用ネット

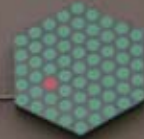
ワーク、人工共生系などである。ゲノム解読が進む生物においては遺伝子レベルでの興味深い知見が報告され、例えば、アブラムシとブフネラの細胞内共生や、ミヤコグサと根粒菌による共生窒素固定系では、相互依存的なゲノムの動態が紹介された。一方、自然界の共生現象は複雑であり、本質的な問い（例えば、共生を成立・維持させているものは何か？共生の起源は何か？など）に答えることは難しい。Weningや細田らは、シンプルな人工共生系を構築し、共生関係を支える決定因子や相互作用によって生み出される空間構造を明らかにしようとした。多様な共生の姿を知ると、個々の生物ではなしえないことが相互作用することによって達成されることが分かる。生物間の相互作用が生み出す大きな力の解明は、人間間の相互作用を含め今後解明されるべきテーマと感じた。カンファレンスの内容の一部については、Cellular Molecular Life Sciences誌とPlant Cell Physiology誌に共生特集号として報告した。

OBC7を通じてのメッセージ：

Working together, symbiotic organisms can sometimes accomplish biological feats that neither can achieve alone.

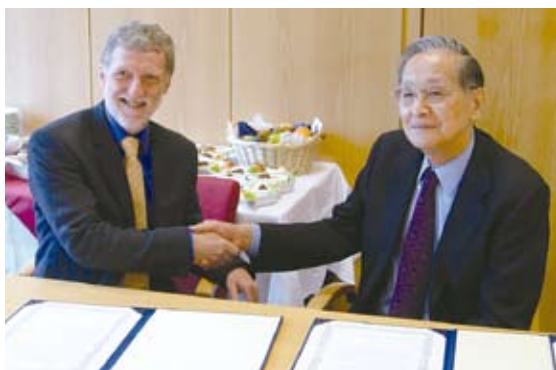
丸山 正（海洋研究開発機構）  
南澤 究（東北大学）  
山口 晴代（筑波大学）  
横山 潤（山形大学）





## EMBL との連携活動

欧州分子生物学研究所 (EMBL) は欧州 18 ヶ国の出資により運営されている研究所で、世界の分子生物学をリードする高いレベルの基礎研究を総合的に行っています。基礎生物学研究所は、2005 年に締結された自然科学研究機構と EMBL との共同研究協定に基づき、シンポジウムの開催や研究者・大学院生の相互訪問および実験機器の技術導入などを通じて、人的交流と技術交流を行っています。



研究協定調印式での Iain Mattaj EMBL 所長と志村令郎前機構長

### NIBB-EMBL 合同会議

- 第1回 2005年7月1日～2日  
Mini-symposium on Developmental Biology  
(Heidelberg, Germany)
  - 第2回 2006年3月22日～23日  
Frontiers in Bioimaging (岡崎)
  - 第3回 2006年4月19日～20日  
Monterotondo Mouse Biology Meeting  
(Monterotondo, Italy)
  - 第4回 2006年12月3日～5日  
Biology of Protein Conjugation: Structure and Function  
(岡崎)
  - 第5回 2007年5月24日～26日  
Cell and Developmental Biology (岡崎)
  - 第6回 2008年3月17日～19日  
Evolution of Epigenetic Regulation  
(Heidelberg, Germany)
  - 第7回 2008年4月18日～19日  
Systems Biology and Functional Genomics Workshop  
(Barcelona, Spain)
  - 第8回 2008年11月21日～23日  
Evolution: Genomes, Cell Types and Shapes (岡崎)
  - 第9回 2009年4月20日～22日  
Functional Imaging from Atoms to Organisms (岡崎)
  - 第10回 2011年3月16日～19日  
Quantitative Bioimaging (岡崎) \*
- \*東日本大震災の影響により中止

### NIBB-EMBL PhD 学生交流プログラム

- 2009年10月28日～31日  
The 1st NIBB-EMBL PhD Mini-Symposium and 11th  
International EMBL PhD Student Symposium  
(Heidelberg, Germany)

### 共同研究

SPIM 顕微鏡を用いたメダカ胚における特定細胞系列観察  
田中実・斉藤大助 (生殖遺伝学研究室)

ライトシート型顕微鏡 DSLM の基礎生物学研究所への導入  
野中茂紀・市川壮彦 (時空間制御研究室)

### EMBL ゲストセミナー

- 2005年10月26日  
"A Database for Cross-species Gene Expression  
Pattern Comparisons"  
Thorsten Henrich 博士
- 2005年11月8日  
"Control of Proliferation and Differentiation in the  
Developing Retina"  
Jochen Wittbrodt 博士
- 2006年4月12日  
"Assembly of an RNP Complex for Intracellular mRNA  
Transport and Translational Control"  
Anne Ephrussi 博士
- 2006年6月24日  
NIBB Special Lecture (for young scientists)  
"A late developer; My career in science"  
Iain Mattaj 博士 (EMBL 所長)
- 2006年11月29日  
"A post translationally modified protein as biomarker  
for the caucasian form of moyamoya disease"  
Thomas Andreas Franz 博士
- 2006年12月27日  
"Understanding of biological systems as dynamics"  
Kota Miura 博士
- 2008年4月17日  
"Light sheet based Fluorescence Microscopes (LSFM,  
SPIM, DSLM) - Tools for a modern biology"  
Ernst Stelzer 博士
- 2008年7月29日  
"In toto reconstruction of Danio rerio embryonic  
development"  
Philipp Keller 大学院生

### 基生研訪問

- 2006年9月19日  
Rudolf Walczak 大学院生  
Julie Cahu 大学院生
- 2008年1月10日  
Thorsten Henrich 博士



## 第7回 NIBB-EMBL 合同会議

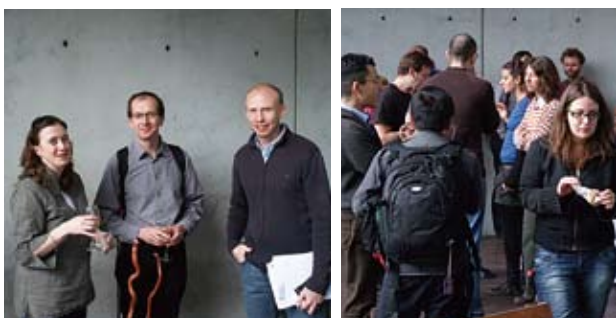
### Systems Biology and Functional Genomics Workshop

開催期間：2008年4月18日～19日  
会場：CRG, Barcelona (スペイン)

オーガナイザー：Luis Serrano Pubull (CRG)  
Eileen Furlong (EMBL Heidelberg)  
上野 直人 (基礎生物学研究所)  
望月 敦史 (基礎生物学研究所)

#### 参加者

Furlong, Eileen (EMBL Heidelberg, Germany)  
Hufnagel, Lars (EMBL Heidelberg, Germany)  
Isalan, Mark (CRG)  
Lehner, Ben (CRG)  
Lemaire, Patrick (IBDM)  
Nedelec, Francois (EMBL Heidelberg, Germany)  
Oliveri, Paola (UCL)  
Paponov, Ivan (Univ. of Freiburg)  
Russell, Rob (EMBL Heidelberg, Germany)  
Sharpe, James (CRG)  
Steinmetz, Lars (EMBL Heidelberg, Germany)  
Wittbrodt, Jochen (EMBL Heidelberg, Germany)  
石原 秀至 (東京大学)  
伊藤 隆司 (東京大学)  
上田 泰己 (理化学研究所 CDB)  
上野 直人 (基礎生物学研究所)  
黒田 真也 (東京大学)  
佐藤 ゆたか (京都大学)  
重信 秀治 (基礎生物学研究所)  
高田 慎治 (基礎生物学研究所)  
堀川 一樹 (北海道大学)  
三浦 岳 (京都大学)  
望月 敦史 (基礎生物学研究所)



#### 開催報告

オーガナイザー 上野 直人  
(形態形成研究部門)

Center for Genomic Regulation (CRG) は南欧最大の研究拠点のひとつであるスペイン、バルセロナリサーチパーク (Barcelona Biomedical Research Park) 内にあり、バイオインフォマティクス、システム生物学から幹細胞生物学、再生医療研究まで幅広い生命科学の最先端研究を展開する研究所である。今回の基礎生物学研究所と EMBL との合同会議は EMBL の本拠地であるハイデルベルグで研究室をもち、2007年に CRG のシステム生物学ユニットのディレクターとなった Luis Serrano と EMBL (ハイデルベルグ) でショウジョウバエの筋分化をモデルとしてクロマチン免疫沈降と高速シークエンス (ChIP 法) による転写因子の網羅的標的遺伝子スクリーニングにいち早く着手して成果を上げている Eileen Furlong 博士、そして望月敦史博士 (基礎生物学研究所) をオーガナイザーに迎え、「システム生物学と機能ゲノム学」と題した合同会議を行った。バクテリア、酵母など単細胞における遺伝子配列レベルでのインフォマティクスやメタボロミクスから肢芽形成における細胞ダイナミクスの観察に基づくシミュレーションや細胞増殖因子シグナル、初期発生や概日リズムの遺伝子制御ネットワークなど高次機能を司る複雑なシステムにどのようにアプローチできるのかについて議論した。この会議によって、生命現象を定量的に解析する技術 (マイクロアレイ、ChIP 法、3次元顕微鏡など) は日々進化しつつあるが、それらのデータからシミュレーション、数理モデルの構築、あるいは複雑な現象に潜在する生物学的な意味の抽出などに結びつけるには、各実験間での再現性、精度が高い測定・観察技術にまでデータの質を高めることも重要であることを改めて印象づける会議であった。会議の空き時間には Serrano 博士の厚意で CRG の施設見学を企画くださり、細胞培養施設、3次元顕微鏡 (OPT および SPIM 顕微鏡) など最先端設備を見学することもでき、スペインにおける生命科学の粋を集めた研究所でバルセロナでの研究生活にも触れることができた会議であった。

本会議がきっかけとなり、後に Furlong 博士、望月博士との共同研究を中心とした Human Frontier Science Program (HFSP) グラントが採択されたことも本会議の成果のひとつである。

## 第8回 NIBB-EMBL 合同会議

### Evolution: Genomes, Cell Types and Shapes

開催期間：2008年11月21日～23日

会場：岡崎コンファレンスセンター

オーガナイザー：Detlev Arendt (EMBL Heidelberg)

倉谷 滋 (理化学研究所 CDB)

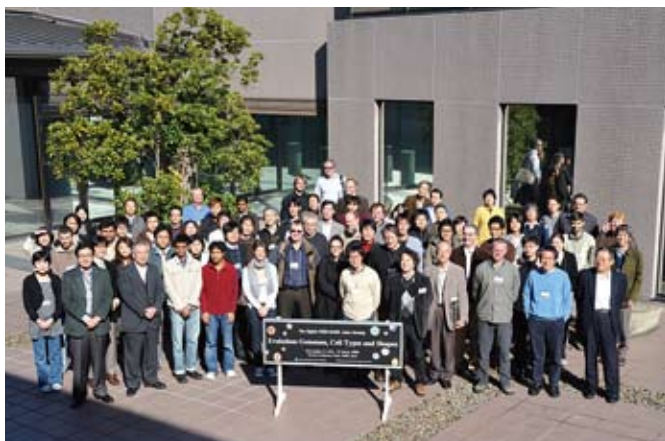
長谷部 光泰 (基礎生物学研究所)

上野 直人 (基礎生物学研究所)

- 1: Evolution of Animal Body Plan
- 2: Evolution of Genomes
- 3: Evolution of Gene Regulatory Networks
- 4: Evolution of Plants
- 5: Evolution of Phylum-specific Traits
- 6: Evolution of Vision & Brain
- 7: Evolution of Regeneration

#### 招待講演者

Akam, Michael (Univ. Cambridge, UK)  
Arendt, Detlev (EMBL Heidelberg, Germany)  
Bork, Peer (EMBL Heidelberg, Germany)  
Bowman, John L. (Monash Univ., Australia)  
Chourrout, Daniel M. (Univ. Bergen, Norway)  
Desplan, Claude (New York Univ., USA)  
Friedman, William E. (Univ. Colorado, USA)  
Furlong, Eileen (EMBL Heidelberg, Germany)  
Haseloff, Jim (Univ. Cambridge, UK)  
Knop, Michael (EMBL Heidelberg, Germany)  
Lowe, Christopher J. (Univ. Chicago, USA)  
Spitz, Francois (EMBL Heidelberg, Germany)  
Steinmetz, Lars (EMBL Heidelberg, Germany)  
Technau, Ulrich (Univ. Vienna, Austria)  
阿形 清和 (京都大学)  
石野 史敏 (東京医科歯科大学)  
岡田 典弘 (東京工業大学)  
岡部 正隆 (東京慈恵会医科大学)  
倉谷 滋 (理化学研究所 CDB)  
佐藤 矩行 (京都大学)  
田中 幹子 (東京工業大学)  
田村 宏治 (東北大学)  
塚谷 裕一 (東京大学)  
野地 澄晴 (徳島大学)  
長谷部 光泰 (基礎生物学研究所)  
山森 哲雄 (基礎生物学研究所)

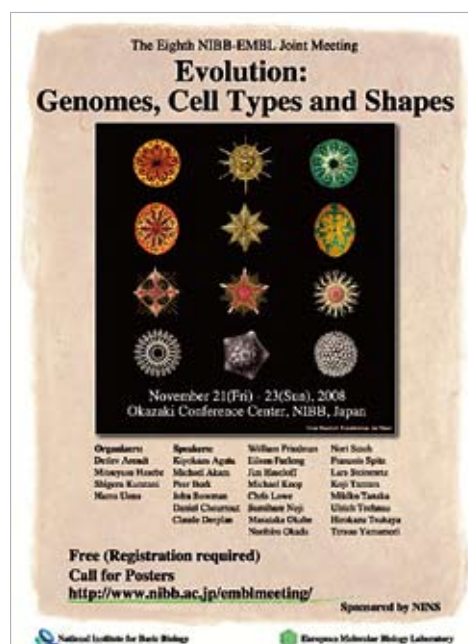


#### 開催報告

オーガナイザー 上野 直人  
(形態形成研究部門)

生物進化は遺伝子変異を基盤としたボディプランの改変によって起こるが、遺伝子変異というマイクロな現象と、形態進化というマクロな現象をつなぐ現象のメソスコピックな視点での研究は立ち後れている。例えば、初期発生、器官形成、再生過程をそのような視点で理解するためには、細胞分化、細胞形態、細胞運動など個々の細胞における変化や細胞集団としての振る舞いを観察し、それらが大きな形態変化へのプロセスにどのように内挿されているのかを明らかにする必要がある。この合同会議では、酵母、高等植物から哺乳動物まで、単細胞生物、多細胞生物を問わず、生物個体の形態および機能進化の基盤をなす遺伝子変異が、実際どのような中間的なプロセスを経て大きな進化に結びついたのかを考察し、その階層を超えた論理を探ることになった。

本会議ではこの目的に沿って、この分野をリードするEMBLを中心とした欧米の研究者、基礎生物学研究所を含めた国内研究者が一堂に会し、植物、陸生および水生動物など多様な生物種を対象にした進化的研究を、ゲノムの進化、遺伝子制御ネットワークの進化、エピジェネティック制御の進化、細胞間相互作用の進化、ボディプランの進化、脳機能など高次機能の進化、幹細胞や再生現象の進化という多段階での進化イベントについて講演を行い、その後それらをつなぐ階層間の連続性について考察した。進化という実験生物学ではアプローチしにくい現象について、階層を超えた議論を行ったことは進化の原動力を探る上で大変有意義であった。



## 第9回 NIBB-EMBL 合同会議

### Functional Imaging from Atoms to Organisms

開催期間：2009年4月20日～22日  
会場：岡崎コンファレンスセンター

オーガナイザー：Jan Ellenberg (EMBL Heidelberg)  
永山 國昭 (岡崎統合バイオサイエンスセンター)  
上野 直人 (基礎生物学研究所)

- 1: Structural Biology and Functional Imaging
- 2: Electron Microscopy and Functional Imaging
- 3: Functional Imaging in Live Cells (I), (II)
- 4: Functional Imaging in Whole Animals
- 5: High-Throughput Imaging
- 6: Quantitative Image Processing
- 7: New Techniques in Advanced Microscopy

#### 招待講演者

Blattmann, Peter (EMBL Heidelberg, Germany)  
Cobos Correa, Amanda (EMBL Heidelberg, Germany)  
Cusack, Stephen (EMBL Grenoble, France)  
Ellenberg, Jan (EMBL Heidelberg, Germany)  
Frangakis, Achilleas (Univ. Frankfurt, Germany)  
Heiligenstein, Xavier (EMBL Heidelberg, Germany)  
Keller, Philipp (EMBL Heidelberg, Germany)  
Müller-Reichert, Thomas (Max Planck Inst., Germany)  
Patterson, George (NIH, USA)  
Sattler, Michael (Helmholtz Zentrum Munchen & TU Munchen, Germany)  
Schultz, Carsten (EMBL Heidelberg, Germany)  
Sedat, John (UCSF, USA)  
Stelzer, Ernst (EMBL Heidelberg, Germany)  
Weiss, Matthias (German Cancer Research Center (DKFZ), Germany)  
Wuensche, Annelie (EMBL Heidelberg, Germany)  
大浪 修一 (理化学研究所 ASI)  
吉川 雅英 (京都大学)  
五島 剛太 (名古屋大学)  
定藤 規弘 (生理学研究所)  
永井 健治 (北海道大学)  
中野 明彦 (東京大学)  
永山 國昭 (岡崎統合バイオサイエンスセンター)  
鍋倉 淳一 (生理学研究所)  
野中 茂紀 (基礎生物学研究所)  
浜口 宏夫 (東京大学)  
原口 徳子 (情報通信研究機構)  
藤森 俊彦 (基礎生物学研究所)  
前島 一博 (国立遺伝学研究所)  
宮脇 敦史 (理化学研究所 BSI)

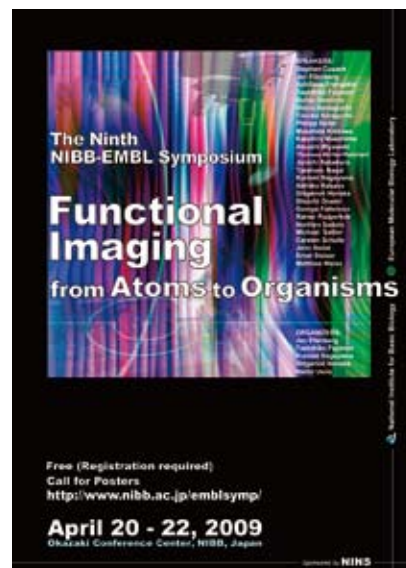


#### 開催報告

オーガナイザー 上野 直人  
(形態形成研究部門)

第9回目となる NIBB-EMBL 合同会議は「原子から生物までの機能イメージング」と題して開催された。同会議は基礎生物学研究所が推進するバイオイメージングに関わる2回目の会議となる。2006年に開催された第1回目は「バイオイメージングの最先端(Frontiers in Bioimaging)」では、急速に発展を見せるバイオイメージングのなかでも光学顕微鏡の進歩や、最先端観察技術による動植物の発生など細胞レベルでの生物学研究への応用、今後の開発課題について中心的に議論したが、本会議では光学顕微鏡ばかりでなく、電子顕微鏡による分子、ウイルスなどよりミクロな生体試料観察にも焦点をあてたより広義のバイオイメージングについて発表や議論がなされた。とくに、蛍光プローブなど生命現象を探索するための分子設計、分子や細胞動態を定量的に捉える手法、多試料を同時に観察し遺伝子の発現阻害などによる細胞の形態的、機能的な異常を画像処理によって効率よく検出するためのハイスループット化技術、定量的解析に基づく、分子や細胞動態のシミュレーションなどについて先端的で秀逸な発表により、参加者は一様に第1回目から本会議までの約3年間のテクノロジーの進歩に圧倒された。バイオイメージングはよりミクロな対象の実体を正確に捉える観察へ、また同時にダイナミックな生物現象の動態を定量的に解析し、数理シミュレーションによって本質を読み解く方向へと進んでいることが見て取れた。

また、本会議では招待講演者の発表に加え、ポスター発表からも数演題が選ばれ、EMBLとの学生交流の一環として参加した EMBL の大学院生を含め若手研究者による口頭発表が行われ、この会議を盛り立てた。





## NIBB-EMBL PhD 学生交流プログラム

The 1st NIBB-EMBL PhD Mini-Symposium and 11th International EMBL PhD Student Symposium "Puzzles in Biology-putting the pieces together"

開催期間：2009年10月28日, 29～31日  
会場：EMBL Heidelberg (ドイツ)

### 参加者

#### 大学院生

岡本 治子 (基礎生物学研究所)  
後藤 志野 (基礎生物学研究所)  
杉本 亮 (基礎生物学研究所)  
高橋 浩之 (基礎生物学研究所)  
為重 才覚 (基礎生物学研究所)  
原 祐介 (基礎生物学研究所)  
森田 仁 (基礎生物学研究所)  
谷本 昌志 (名古屋大学)  
山本 治樹 (名古屋大学)  
Md. Bazlur Rahman Mollah (名古屋大学)

#### 教員

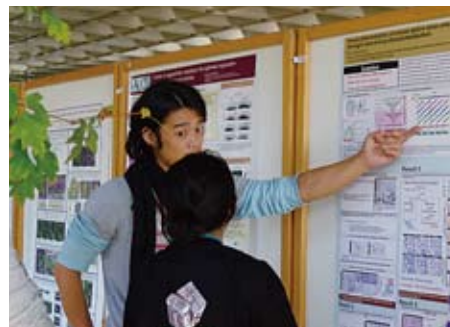
小林 悟 (基礎生物学研究所)  
林 良樹 (基礎生物学研究所)

### 参加報告

大学院生 高橋 浩之  
(分子発生学研究部門)

2009年10月、ドイツのハイデルベルグで行われたNIBB-EMBL学生交流プログラムに参加しました。このプログラムは、NIBB-EMBL合同学生ミニシンポジウムにおいてEMBLと基礎生物学研究所の大学院生間で研究交流を行うと共に、EMBLの大学院生達が企画運営したEMBL PhDシンポジウム"Puzzles in Biology"に参加するというものです。

私がこのシンポジウムへ参加した理由は、英語での口頭発表、質疑応答の機会があると聞いたからです。私自身、海外での口頭発表は初めてでしたので不安も多かったのですが、終わってみれば口頭発表は良い経験になりました。また、日本の学生一人一人にEMBLの世話役の学生がついてくれたので、当初考えていたよりも海外の学生と交流でき、EMBLでの学生生活や海外の大学院生の考え方に触れることができた事も大きな収穫となりました。



## 第10回 NIBB-EMBL 合同会議 NIBB-EMBL-DKFZ 合同会議 2011 Quantitative Bioimaging

開催日程：2011年3月16日～19日  
会場：岡崎コンファレンスセンター  
(中止)

オーガナイザー：Rainer Pepperkok (EMBL Heidelberg)  
Matthias Weiss (DKFZ/Univ. of Bayreuth)  
上野 直人 (基礎生物学研究所)  
藤森 俊彦 (基礎生物学研究所)

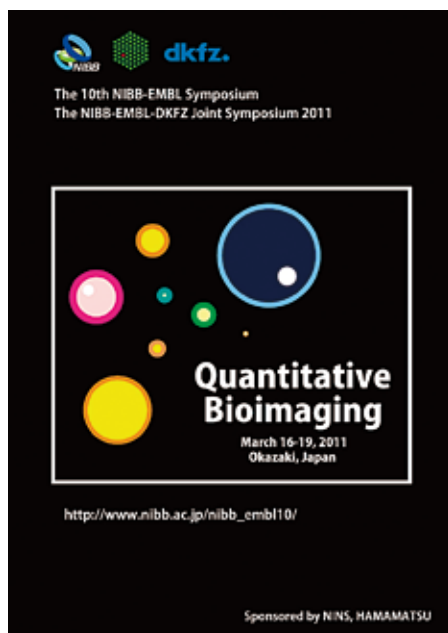
### 招待講演者

Blanchard, Guy (Univ. of Cambridge, UK)  
Danuser, Gaudenz (Harvard Medical School, USA)  
Eils, Roland (DKFZ & BioQuant, Germany)  
Gratton, Enrico (Univ. of California, USA)  
Heisenberg, Carl-Philipp (IST, Austria, Austria)  
Heisler, Marcus (EMBL Heidelberg, Germany)  
Langowski, Jorg (DKFZ, Germany)  
Martinez Arias, Alfonso (Univ. of Cambridge, UK)  
Pepperkok, Rainer (EMBL Heidelberg, Germany)  
Rippe, Karsten (DKFZ&BioQuant, Germany)  
Stelzer, Ernst (EMBL, Germany)  
Weiss, Matthias (DKFZ/Univ. of Bayreuth, Germany)  
上村 匡 (京都大学)  
宇沢 達 (名古屋大学)  
影山 龍一郎 (京都大学)  
木村 暁 (国立遺伝学研究所)  
黒田 真也 (東京大学)  
笹井 芳樹 (理化学研究所 CDB)  
澤井 哲 (東京大学)  
林 茂生 (理化学研究所 CDB)  
藤森 俊彦 (基礎生物学研究所)  
望月 敦史 (理化学研究所)  
吉田 松生 (基礎生物学研究所)

### 報告

オーガナイザー 藤森 俊彦  
(初期発生研究部門)

顕微鏡を中心とするイメージング機器の進歩と、蛍光タンパク質をはじめとする生物学における可視化技術の進歩は目覚ましく、生物学研究のあり方に大きな影響を与えている。生きたままで細胞、組織、あるいは生物個体の構造やその変化をつぶさに観察することが基礎生物学の中心課題となっている。第10回目のNIBB-EMBL合同会議は、第9回の会議内容を発展させた形で進めることを企画した。EMBLのあるHeidelbergにあり、EMBLとも密接な関係にあるDKFZ(ドイツ癌研究所)のWeiss博士と具体的な会議の方針や、招待講演者についても議論を進め、バイオイメージングにおける定量化を中心課題に据えた。生物学者だけでなく、生物物理学者や数理生物学者、数学者などの幅広い関連分野の研究者が岡崎に集い、深い議論を進める会議を行うことを目標とした。蛍光プローブ、新規顕微鏡、3次元画像取得、超解像観察、数理生物学理論構築などの現状について理解を共有し、今後の定量生物学の挑戦すべき課題と、予想される難題を共に考える機会とすることを期待した。このNIBB-EMBL-DKFZ合同会議は2011年3月16日から19日に予定され、順調に開催準備が進められていた。しかし、折しも3月11日に東日本大震災に見舞われ、この状況において海外からの講演者が来日するのは困難であり、会を開催した場合にも議論に集中することが難しいだろうと判断し、断腸の思いでシンポジウムの延期を決断せざるを得なかった。この研究領域は非常に活発に変化しており、まさにタイムリーな開催ができなかった事は大変残念であり、今後形式を変えて再度シンポジウムを開催することを目標に計画を再建中である。



# マックス・プランク植物育種学研究所との連携活動

2009年4月、基礎生物学研究所は、植物科学分野での研究推進を目的として、ドイツのマックス・プランク植物育種学研究所 (Max Planck Institute for Plant Breeding Research, MPIPZ) と学術交流協定を締結しました。合同シンポジウムの開催や、共同研究推進のための研究者派遣活動を行っています。



Maarten Koornneef MPIPZ 所長と岡田清孝 基礎生物学研究所長

## 第1回 NIBB-MPIPZ 合同会議

### Japanese-German Symposium on Evolution and Development

開催期間：2009年8月25日～26日  
会場：MPIPZ, Cologne (ドイツ)

#### 招待講演者

Bucher, Marcel (Univ.of Cologne, Germany)  
Davis, Seth (MPIPZ, Germany)  
Gebhardt, Christiane (MPIPZ, Germany)  
Hulskamp, Martin (MPIPZ, Germany)  
Koornneef, Maarten (MPIPZ, Germany)  
Reymond, Matthieu (MPIPZ, Germany)  
Robatzek, Silke (MPIPZ, Germany)  
Saijo, Yusuke (MPIPZ, Germany)  
Somssich, Imre (MPIPZ, Germany)  
Theres, Klaus (MPIPZ, Germany)  
Turck, Franziska (MPIPZ, Germany)  
Van der Hoorn, Renier (MPIPZ, Germany)  
Von Korff, Maria (MPIPZ, Germany)  
Werr, Wolfgang (MPIPZ, Germany)  
岡田 清孝 (基礎生物学研究所)  
打田 直行 (奈良先端科学技術大学院大学)  
川口 正代司 (基礎生物学研究所)  
高橋 靖幸 (奈良先端科学技術大学院大学)  
立松 圭 (基礎生物学研究所)  
寺田 理枝 (基礎生物学研究所)  
長谷部 光泰 (基礎生物学研究所)  
丸山 伸之 (京都大学)  
山口 信次郎 (理化学研究所)  
山口 貴大 (基礎生物学研究所)  
山田 健志 (基礎生物学研究所)  
大和 勝幸 (京都大学)

## NIBB-MPIPZ 合同会議

第1回 2009年8月25日～26日  
Japanese-German Symposium on Evolution and Development (Cologne, Germany)

第2回 2010年11月16日～18日  
Plant Science Communications 2010 (岡崎)

## NIBB-MPIPZ 若手研究者交流事業(研究者派遣)

2010年2月25日～2月28日  
丸山 伸之 准教授 (京都大学大学院農学研究科)  
Cerrone Cabano 大学院生 (京都大学大学院農学研究科)  
2010年2月26日～3月3日  
木下 俊則 准教授 (名古屋大学大学院理学研究科)  
2010年2月15日～3月6日  
山田 健志 助教 (基礎生物学研究所)

## MPIPZ ゲストセミナー

2010年6月11日  
SEED DORMANCY IN ARABIDOPSIS REQUIRES BINDING OF MULTIPLE ISOFORMS OF THE DOG1 PROTEINS  
Dr. Kazumi Nakabayashi (MPIPZ)







参加報告  
立松 圭  
(植物器官形成学研究室)

2009年5月に基礎生物学研究所とドイツ Max Planck Institute for Plant Breeding Research (MPIPZ) との間で5年間の国際連携協定が締結されたのを受け、2009年8月25日・26日にMPIPZで開催された「Japanese-German Symposium on Evolution and Development 進化と発生日独シンポジウム」に参加する機会をいただいた。日本からは公募で選ばれた、京都大学、奈良先端大学院大学、理化学研究所植物科学研究センターの若手研究者も参加した。

2日間のシンポジウムは研究分野ごとにドイツと日本の演者が交互に話をする形式で、モデル植物であるシロイヌナズナ・イネ・ヒメツリガネゴケ・ミヤコグサのみならず、他の植物種を用いた研究発表も行われ、非常に内容が濃く、私自身は大変勉強になった。特筆すべきは休憩時間として1時間半が確保されており、各セッションでの講演の質疑応答や休憩時間中の議論の時間を十分に確保できた。このスタイルは今後のシンポジウム運営の参考にもなった。

シンポジウム翌日の27日もMPIPZに滞在した。午前は日本人研究者が個別に興味のあるMPIPZの研究室を訪問する機会を得た。このように1対1で話することでより深い議論を行うことができ、新しい共同研究や研究分野が芽生えることを期待できると思った。また、私個人はMPIPZの中林一美研究員の案内で研究所内にある植物培養温室を見学させてもらった。非常に沢山の温室があり、専属のスタッフによって管理運営がなされていると聞き、あらためて植物科学研究での培養スペースの重要性を感じるとともにうらやましくも思った。午後は、MPIPZに隣接する圃場見学を行った。圃場には作物を中心に、様々な品種や原種が多数栽培されており、普段目にする事のない植物を見る機会に恵まれた。

今回のシンポジウムに参加して、1対1で話をする時間を多く確保されているとお互いの研究や人柄を知ることが出来て、新しい共同研究が生まれてくる可能性が高いと感じた。



## 第2回 NIBB-MPIPZ 合同会議

### Plant Science Communications 2010

開催期間：2010年11月16日～18日

会場：岡崎コンファレンスセンター

オーガナイザー：川口 正代司（基礎生物学研究所）

長谷部 光泰（基礎生物学研究所）

岡田 清孝（基礎生物学研究所）

#### 招待講演者

Berger, Frederic (TLL, Singapore)  
Bucher, Marcel (MPIPZ, Germany)  
Coupland, George (MPIPZ, Germany)  
Davis, Seth J. (MPIPZ, Germany)  
Hao, Yu (TLL, Singapore)  
Ito, Toshiro (TLL, Singapore)  
Jimenez-Gomez, Jose (MPIPZ, Germany)  
Kawashima, Tomokazu (MPIPZ, Germany)  
Koorneef, Maarten (MPIPZ, Germany)  
Nakabayashi, Kazumi (MPIPZ, Germany)  
Saijyo, Yusuke (MPIPZ, Germany)  
Schülze-Lefert Paul (MPIPZ, Germany)  
Soppe, Wim (MPIPZ, Germany)  
Torti, Stefano (MPIPZ, Germany)  
Turck, Franziska (MPIPZ, Germany)  
Van Der Hoorn, Renier (MPIPZ, Germany)  
Yuehui, He (TLL, Singapore)  
Zhongchao, Yin (TLL, Singapore)  
荒木 崇（京都大学）  
上田 真志（東京大学）  
柿本 辰男（大阪大学）  
島本 功（奈良先端科学技術大学院大学）  
武田 直也（基礎生物学研究所）  
豊倉 浩一（基礎生物学研究所）  
西村 幹夫（基礎生物学研究所）  
福田 裕穂（東京大学）  
町田 泰則（名古屋大学）  
松林 嘉克（名古屋大学）  
真野 昌二（基礎生物学研究所）  
皆川 純（基礎生物学研究所）  
村田 隆（基礎生物学研究所）  
山田 健志（基礎生物学研究所）



#### 開催報告

オーガナイザー

川口 正代司

(共生システム研究部門)

基礎生物学研究所は植物科学分野での学術交流と研究推進を目的として、第2回目となる NIBB-MPIPZ 合同シンポジウム “Plant Science Communications 2010” を2010年11月16日(火)～18日(木)、愛知県岡崎市・岡崎コンファレンスセンターにて開催した。この合同シンポジウムは2009年に基礎生物学研究所と学術協定を結んだマックス・プランク植物育種学研究所 (MPIPZ) とその年の8月にドイツのケルン市で開催したのが始まりであり、今回新たに学術協定を結んだシンガポールのマセック生命科学研究所 (TLL)、さらには文科省科研費特定領域研究「植物メリステムと器官の発生を支える情報統御系 (代表：町田泰則)」からも講演者を迎え、植物科学分野の最新の成果を報告するとともに、相互の交流を深めた。トピックは、発生、細胞内輸送、自然変異、エピジェネティクス、光合成、植物微生物相互作用など多岐にわたったが、いずれの分野も次世代シーケンサーを用いた大規模ゲノム解析やイメージング解析が精力的に行われており印象的であった。また、西村幹夫教授と MPIPZ の Paul Schülze-Lefert 博士による基調講演に加え、基礎生物学研究所に着任したばかりの皆川純教授による光合成の電子サイクルを駆動する超分子複合体の研究、松林嘉克教授による根端メリステムを維持する新規ペプチドの発見など最新のトピックが発表された。

ポスター発表では、主として若手研究者による47件の発表があり、セッションの終わりまで熱心に議論する姿が見られた。また、基礎生物学研究所の施設見学や研究室への参加者の個別訪問などのスケジュールを組

み入れることによって、相互の国際交流を深めた。

シンポジウムのプログラム作成や運営においては基礎生物学研究所の植物系の助教と広報国際連携室が大いに貢献したことも付記しておきたい。





## NIBB-MPIPZ 若手研究者交流事業(研究者派遣)

MPIPZ との共同研究、または共同研究打ち合わせを希望する所内および所外の若手研究者に対し、旅費および滞在費サポートを行っています。

### 派遣研究者

2010年2月25日～2月28日

丸山 伸之 准教授 (京都大学大学院農学研究科)  
Cerrone Cabano 大学院生 (京都大学大学院農学研究科)

2010年2月26日～3月3日

木下 俊則 准教授 (名古屋大学大学院理学研究科)

2010年2月15日～3月6日

山田 健志 助教 (基礎生物学研究所)

### 報告

山田 健志  
(高次細胞機構研究部門)

ER ボディはシロイヌナズナの子葉や根から見つかった小胞体由来のオルガネラであるが、その機能は不明である。傷害や、傷害ホルモンであるジャスモン酸処理でも新しく ER ボディが誘導されることから、食害昆虫や病原菌に対する抵抗反応に関わっていることが示唆されている。ER ボディには PYK10 と呼ばれる  $\beta$  グルコシダーゼが大量に蓄積していることから、何らかの糖化合物を基質として抗菌物質を生産していると考えられた。そこで、私は Max Plank Institute for Plant Breeding Research(MPIPZ) に滞在し、Paul Schülze-Lefert 博士、Pawel Bednarek 博士、京都大学の中野亮平氏と共同で ER ボディの機能に関わる実験を行った。

実験の結果、ER ボディの機能に関わる興味深い結果が得られた。これらの結果は、ER ボディの機能発現に関わる全く予期しなかった現象を発見する端緒になると思われる。滞在中、現地の研究者とディスカッションを行い、論文には紹介されていない最先端の知識を得られたことも非常に良い点であった。今後も Paul Schülze-Lefert 博士、Pawel Bednarek 博士との共同研究を継続し、得られた成果を論文として報告したいと考えている。



マックス・プランク植物育種学研究所とケルンの町並み (MPIPZ 提供)



## プリンストン大学との連携活動

2010年3月、自然科学研究機構はアメリカのプリンストン大学と学術交流協定を締結しました。協定に基づき、基礎生物学研究所とプリンストン大学との間で研究者の交流が始まっています。



プリンストン大学 Nassau Hall

### NIBB - プリンストン大学 合同会議

第1回 2011年11月1日～2日 開催予定  
Proteomics, Metabolomics, and Beyond (岡崎)

### プリンストン大学訪問

2011年2月16日～19日

吉田 松生 (基礎生物学研究所)

2011年2月15日～19日

重信 秀治 (基礎生物学研究所)

### 基生研訪問

2010年3月11日

Prof. A. J. Stewart Smith (Dean for Research, Princeton University)

Prof. Lynn Enquist (Chair, Department of Molecular Biology, Princeton University)



### 基生研滞在

2010年3月～5月

Dr. Dayalan Srinivasan

(Ecology and Evolution Dept., Princeton University)

Dr. Dayalan Srinivasan は、JSPS 先端学術研究人材養成事業「環境に対する生物の応答機構」の一環として、国際共同研究のために基生研に3ヶ月間滞在しました。

"I am a postdoctoral fellow in the laboratory of David Stern in the Ecology and Evolutionary Biology Department at Princeton University and Howard Hughes Medical Institute. I was invited to Japan and the NIBB as part of the "Invitation Program for Advanced Research Institutions in Japan", funded by the JSPS. My official host is Satoru Kobayashi-sensei, and I have worked closely with Shuji Shigenobu-sensei on my project. I am interested in the mechanism and evolution of facultative asexuality in the pea aphid, *Acyrtosiphon pisum*. Using laser-capture microdissection with the new Arcturus XT LCM system at NIBB and next-generation sequencing at Princeton University, I hope to identify genes and pathways in germ cells that have been modified in the evolution of aphid reproductive plasticity. I have truly enjoyed my experience at the NIBB and Japan and enjoyed making new friends at the NIBB. I wish I could have stayed longer, but I am sure this collaboration will be successful and continue into the future."



Dayalan Srinivasan

# テマセク生命科学研究所との連携活動

2010年8月、基礎生物学研究所は、シンガポールのテマセク生命科学研究所 (Temasek Life Sciences Laboratory, TLL) と学術交流協定を締結しました。協定に基づき、共同研究の推進、学生および研究者の交流、実習コースの共催などを企画していきます。



テマセク生命科学研究所 (TLL 提供)

テマセク生命科学研究所は、基礎生物学研究所と同様に、動物・植物研究で最先端研究を展開するアジア屈指の研究所で、シンガポール国立大学のキャンパスの中に位置し、多くの主任研究者が同大学や南洋理工大学での研究職を併任するなどシンガポールの各大学とも提携関係にあります。世界各国から優秀な研究者を集め、国際的研究拠点を形成しています。在籍する研究者数は約200人でその国籍は23カ国にもわたります。細胞生物学、発生生物学など生命科学の分野において最先端の研究を行っています。

基礎生物学研究所は、2005年より欧州分子生物学研究所 (EMBL) との間で合同シンポジウムの開催、技術交流、研究者・学生交流などの幅広い国際連携活動を行ってきました。2009年よりドイツのマックス・プランク植物育種学研究所 (MPIPZ) や米国のプリンストン大学との連携へと拡大しつつあり、生物学研究のグローバル化と共に、国際的な視野をもった大学院生の教育・若手研究者の育成を目指しています。今回のテマセク生命科学研究所との国際連携は両研究所のパートナーシップにより東アジアの拠点強化を目指したもので、アジア (TLL)、欧州 (EMBL, MPIPZ)、米国 (プリンストン大) との間で三極のパートナーシップを確立し、国際連携によって新しい生物学の創成を誘起するための戦略的な一歩と位置づけています。

## テマセク生命科学研究所訪問

2010年6月2日～5日

岡田 清孝 (基礎生物学研究所)

上野 直人 (基礎生物学研究所)

長谷部 光泰 (基礎生物学研究所)



## 基生研訪問

Plant Science Communications 2010  
(2010年11月16日～18日) に参加

Dr. Frederic Berger (TLL, Singapore)

Dr. Yu Hao (TLL, Singapore)

Dr. Toshiro Ito (TLL, Singapore)

Dr. He Yuehui (TLL, Singapore)

Dr. Zhongchao Yin (TLL, Singapore)

# インターナショナルプラクティカルコース

NIBB International Practical Course は、国内外の研究者の協力のもとに、基礎生物学研究所で行われる国際実習コースです。1986年から2005年まで20回にわたり行われた国内向けの実習「バイオサイエンストレーニングコース」の発展系として2006年度より実施されています。設定された一つのテーマに沿った数種類の手法について、所内そして国内外の研究者を講師に迎え、基礎生物学研究所内の実習専用実験室にて実習を行います。実習は英語で行われ、国際的な研究者交流と技術交流を促進しています。

## 第3回 NIBB International Practical Course 2008 NIBB Laboratory Course and Workshops for *Physcomitrella patens*

開催期間：2008年6月30日～7月4日

Organizing Committee:

Andrew C. Cuming (Univ. Leeds)

日渡 祐二 (基礎生物学研究所)

Yasuko Kamisugi (Univ. Leeds)

久保 稔 (ERATO, JST)

倉田 哲也 (ERATO, JST)

村田 隆 (基礎生物学研究所)

佐藤 良勝 (ERATO, JST)

長谷部 光泰 (基礎生物学研究所)

### 実習

1. Strains and life cycle
2. Cultivation of *Physcomitrella patens*
3. How to Observe *Physcomitrella patens*
4. How to isolate a gene
5. DNA and RNA gel-blot and RT-PCR analyses
6. Western blotting
7. Effects of drugs on moss development
8. Flow Cytometry Analysis
9. How to transform *Physcomitrella patens*
10. Cellular localization of a protein fused with a fluorescent protein (GFP, YFP, RFP)
11. Functional analyses
12. Transient overexpression
13. Gene-targeting
14. How to analyze the phenotype of a mutant
15. PHYSCObase
16. *Physcomitrella patens* genome information

### ワークショップ

1. Targeting strategy
2. Bioimaging

### 受講生

日本 (5名)、アメリカ (2名)、スペイン (1名)、  
韓国 (1名)、スウェーデン (1名)

## 第4回 NIBB International Practical Course 2009 NIBB Laboratory Course and Workshops on *Physcomitrella patens*

開催期間：2009年6月29日～7月3日

Organizing Committee:

Andrew C. Cuming (Univ. Leeds)

日渡 祐二 (基礎生物学研究所)

Yasuko Kamisugi (Univ. Leeds)

久保 稔 (ERATO, JST)

倉田 哲也 (ERATO, JST)

村田 隆 (基礎生物学研究所)

西山 智明 (金沢大学)

榊原 恵子 (ERATO, JST)

佐藤 良勝 (ERATO, JST)

長谷部 光泰 (基礎生物学研究所)



### 実習

1. Strains and life cycle
2. Cultivation of *Physcomitrella patens*
3. How to Observe *Physcomitrella patens*
4. How to isolate a gene
5. DNA and RNA gel-blot and RT-PCR analyses
6. Western blotting
7. Effects of drugs on moss development
8. Flow Cytometry Analysis
9. How to transform *Physcomitrella patens*
10. Cellular localization of a protein fused with a fluorescent protein (GFP, YFP, RFP)
11. Functional analyses
12. How to analyze the phenotype of mutants
13. How to use genome information
14. SOLiD protocol (DGE, ChIP-seq, and small RNA-seq)
15. Forward genetic approach: deletion mutants

### ワークショップ

- 1: Next generation sequencer
- 2: Targeting strategy
- 3: Bioimaging

### 受講生

日本 (5名)、イギリス (2名)、ドイツ (2名)、イスラエル (2名)、  
ベルギー (1名)、チェコ (1名)、フランス (1名)、  
スウェーデン (1名)、シンガポール (1名)、インド (1名)

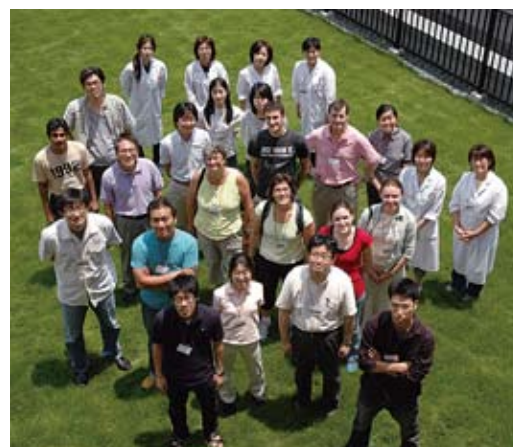
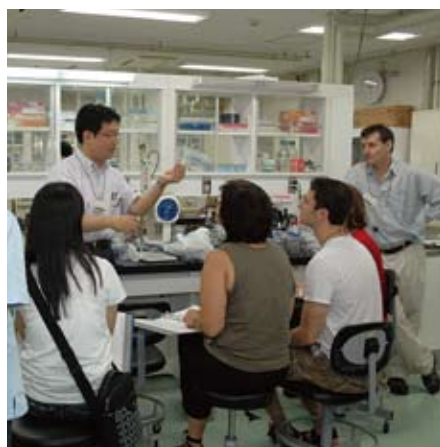
## 第4回 プラクティカルコース開催報告

オーガナイザー 長谷部 光泰

(生物進化研究部門)

コケ植物のヒメツリガネゴケは、遺伝子ターゲティングが容易で種々の実験に適しており、基生研を日本の代表とした国際コンソーシアムによってゲノムも解読されました。世界中で新しいモデル植物として用いられるようになりました。基礎生物学研究所では世界に先駆けて多くの実験技術を開発してきた経緯もあり、広く実験技術の普及を行っています。今回は第二回目として、英国リーズ大学より Andrew Cuming 博士、Yasuko Kamisugi 博士、科学技術振興機構 ERATO 分化全能性進化プロジェクトより5名の講師を招聘し、基礎生物学研究所生物進化研究部門が中心となって、5日間のコースを開催しました。ヒメツリガネゴケを用いた基礎から最先端までの実験技術が集約された約300ページの英文マニュアルを用いて、連日、朝9時から夜9時すぎまで、講義と実習がおこわれわれました。また、未発表の最新実験技術について、次世代シーケンサー、新規遺伝子誘導システム、イメージングについ

でのワークショップも開催し、講師と参加者との間で熱心な議論が行われました。さらに、基礎生物学研究所は世界最大のベクター、突然変異体、完全長 cDNA の供給センターとなっており、それらの入手方法についての説明も行われました。旅費、滞在費は自己負担でしたが、定員の3倍近い応募があり、全ての希望者を受け入れることができませんで残念でした。参加者が帰国後、各国で実験技術を伝えていってくれることを期待したいと思います。昼食、夕食は連日異なったレストランに出向き、中日の岡崎城と八丁味噌工場へのエキスカージョンと併せて、多くの参加者が日本の科学とともに文化も堪能し帰国されました。トレーニングコース後に開催された国際学会では国籍の異なるトレーニングコース参加者どうしが親しく議論する場面も良くみかけ、ヒメツリガネゴケコミュニティの国際化にも大きな貢献ができたようです。



第3回 NIBB International Practical Course の様子



第4回 NIBB International Practical Course の様子



## 第5回 NIBB International Practical Course Developmental Genetics of Zebrafish and Medaka Ⅲ

開催期間：2010年1月26日～2月2日

Organizing Committee:

田中 実 (基礎生物学研究所)

成瀬 清 (基礎生物学研究所)

高田 慎治 (基礎生物学研究所)

山下 正兼 (北海道大学)

武田 洋幸 (東京大学)

三谷 啓志 (東京大学)

東島 眞一 (生理学研究所)

Christoph Winkler (Natio. Univ. of Singapore)

谷口 義仁 (京都大学)

長濱 嘉孝 (基礎生物学研究所)

### 実習

Medaka resource information on the web

成瀬 清 (基礎生物学研究所)

Establishment of BAC transgenic medaka

中村 修平 (基礎生物学研究所)

Cryopreservation of medaka sperm

笹土 隆雄 (基礎生物学研究所)

Heat treatment of medaka

小林 佳代 (基礎生物学研究所)

### 特別講義

"Bone development and disease phenotypes in the medaka model"

Christoph Winkler (National University of Singapore, Singapore)

"Infrared laser-mediated local gene induction in single or groups of cells during organogenesis in a simple vertebrate"

八田 公平 (兵庫県立大学)

"The evolution of sex chromosomes and speciation in sticklebacks"

Katie Peichel (Fred Hutchinson Cancer Research Center, USA)

"Control of germline/somatic cell distinctions by miRNA function"

井上 邦夫 (神戸大学)

"Functional analysis of spinal locomotor circuits using transgenic zebrafish that express fluorescent proteins in specific subsets of neurons"

東島 眞一 (生理学研究所)

### 受講生

台湾 (3名)、ドイツ (3名)、日本 (2名)、イスラエル (1名)、シンガポール (1名)、イギリス (1名)、ノルウェー (1名)、イタリア (1名)、中国 (1名)、カナダ (1名)

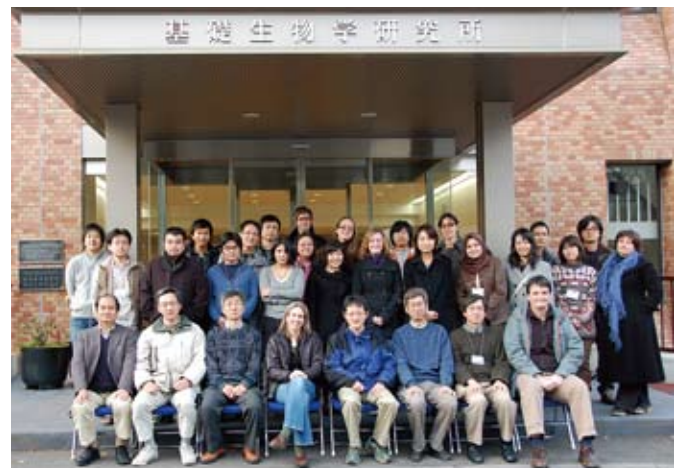
## 第5回 プラクティカルコース開催報告 オーガナイザー 田中 実 (生殖遺伝学研究室)

2010年1月26日(火)から2月2日(火)までの8日間、基礎生物学研究所トレーニングコース実習室にて第5回国際プラクティカルコースを開催した。小型魚類を対象としたコースでは3回目になるが、メダカを主体としたコースとしては初めての開催となった。従来のゼブラフィッシュとは異なった研究領域で急速に発展しつつある「モデル生物メダカでのトレーニングコースを」との昨今の要望に応える形で開催された。

競争率約3倍の中から選ばれた受講生16名は、BACを用いたトランスジェニックメダカ作製法、精子凍結と人工授精法、遺伝子熱誘導発現法について実習を受け、メダカゲノムインフラについてもPCを用いて研修した。

小型魚類を用いて精力的に研究を行なっているK.Peichel氏(USA)とC.Winkler氏(Singapore)を招いて遺伝学研究と発生学研究の講演を行い、また国内からも、井上氏(神戸大)、八田氏(兵庫県立大)、東島氏(生理研)による、生物学的、技術的レクチャーや講義が行われた。

受講生もソーシャルアワーとして現在進行中の研究発表を行い、受講期間中ほぼ毎日夜遅くまで、実習内容や技術的問題点などについて熱心に議論をかわしている様子が見られた。このことは同時に、受講者がこの種の技術を取得しようとする機会が今まできわめて少なく、この種のコースに対する需要が高いことも示していた。





The 5th NIBB International Practical Course

## Developmental Genetics of Zebrafish and Medaka III

Date: January 26th- February 2nd, 2010  
 Location: National Institute for Basic Biology, Okazaki, Japan  
 Language: English



Contents: Transgenic Medaka (BAC homologous recombination)/  
 Cryopreservation etc.

Lecture: Katie PEICHEL  
 (Fred Hutchinson Cancer Research Center, USA)  
 etc.

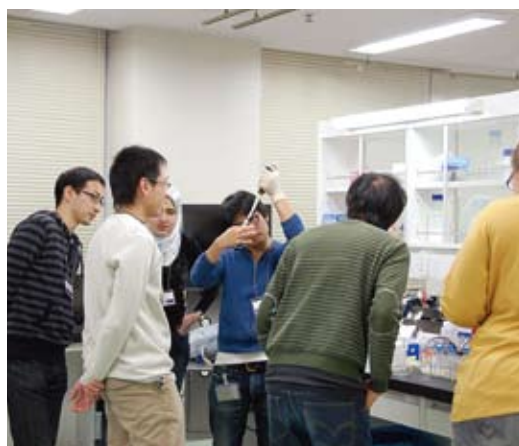
Organizing Committee:  
 Minoru TANAKA (NIBB)  
 Kiyoshi NARUSE (NIBB)  
 Shinji TAKADA (NIBB)  
 Masakane YAMASHITA (Hokkaido Univ.)  
 Hiroyuki TAKEDA (Univ. of Tokyo)  
 Hiroshi MIYANI (Univ. of Tokyo)  
 Shin-ichi HIGASHIJIMA (NIPS)  
 Christoph WINKLER (Univ. of Singapore)  
 Yoshihito TANIGUCHI (Kyoto Univ.)  
 Yoshitaka NAGAHAMA (NIBB)

For more details and application,  
 contact the following URL:  
<http://www.nibb.ac.jp/course>

**Deadline: October 5th, 2009**

Maximum 8 participants (participants will be selected based on application)  
 International flight fare (not domestic) and accommodation costs will be funded for graduate students.

National Institute for Basic Biology 



第5回NIBB International Practical Courseの様子

# ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース

ゲノムインフォマティクス・トレーニングコースは、生物情報学を必ずしも専門としない生物研究者が、ゲノムインフォマティクスを活用することによってそれぞれの研究を発展させるための基礎的技術・考え方を習得することを目的として開催される国内向けのコースです。2009年にバイオインフォマティクス・トレーニングコースとして始まり、2010年にゲノムインフォマティクス・トレーニングコースに改称しました。講義とコンピュータを用いた演習を組み合わせ実施しています。

## バイオインフォマティクス・トレーニングコース 2009 「マイクロアレイを用いた遺伝子発現解析」

開催期間：第1回 2009年8月19日～21日  
第2回 2009年9月8日～10日

講師：  
門田 幸二（東京大学大学院 農学生命科学研究科）  
中井 雄治（東京大学大学院 農学生命科学研究科）

### 内容

「マイクロアレイ」に関する講義  
「統計解析ソフトR」の使い方を中心とした実習  
「Gene Ontology 解析」に関する講義  
「Gene Ontology 解析」に関する演習  
講師との質疑応答・個別相談

cDNA、ゲノムデータの充実によってマイクロアレイによる網羅的発現解析が多くの研究現場で用いられつつある。しかしマイクロアレイから得られる大量のデータを正しく解釈することは必ずしも容易ではない。このコースでは生物情報学を必ずしも専門としない生物研究者がマイクロアレイデータを正しい手法で解析し、バイオインフォマティクスを活用することによってそれぞれの研究を発展させるための基礎的技術・考え方を習得することを目的として開催された。すでにマイクロアレイによる解析を行っている方についてはそれぞれのデータを持ち寄って解析し、個別の問題の解決方法についてもアドバイスをを行った。また、マイクロアレイデータを公共遺伝子発現データベースに投稿するやり方に関する講義を行った。

### 受講生

第1回 15人 第2回 16人（応募総数 46人）



## ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース 2010 「次世代DNAシーケンサーデータ解析入門」

開催期間：2011年3月10日～11日

講師：  
重信 秀治（基礎生物学研究所 生物機能解析センター）  
内山 郁夫（基礎生物学研究所 生物機能解析センター）

### 内容

①次世代シーケンサーのデータ解析概論：次世代DNAシーケンサーを用いた研究を概観し、そのデータ解析手法の現状と問題点を概説する。そして、日々進歩している次世代シーケンサーのデータ解析のためには、われわれ生物学者は何を学ばなければいけないか、を提案する。

②UNIX入門・プログラミング入門：次世代DNAシーケンサーのデータ解析にはUNIXのツールの利用が必須である。UNIXの基礎を学ぶ。また、Rubyという言語を用いて最小限のプログラミング手法も学ぶ。

③次世代シーケンサーの基本データフォーマット

④次世代シーケンサーの基本ツール：fastq, GFF, BAMなどの標準フォーマットを理解する。それら进行处理するための基本ツール(samtoolsなど)を使いこなせるようにする。さらに、マッピングデータを可視化する。

⑤実践演習：「1000人ゲノムプロジェクト」のデータのサブセットを例題として実戦的な演習を行う。

### 受講生

23人（応募総数 63人）



## ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース 2010 開催報告

オーガナイザー 重信 秀治

(生物機能解析センター 生物機能情報分析室)

マイクロアレイや次世代シーケンサーの登場により、生物学者が扱うべきデータの量は日々増大しそして複雑化している。ゲノムインフォマティクストレーニングコースは、生物情報学を必ずしも専門としない生物研究者が、これらの大規模データから生物学的な情報を抽出するための、基礎的技術と考え方を身に付けることを目的としたコースである。

今年度、基礎生物学研究所が「次世代シーケンサー共同利用研究」を開始したことにあわせて、2011年3月10日から11日に「次世代DNAシーケンサーデータ解析入門」を開催した。定員（18名）を大幅に越える63名もの応募があり、書類選考された23名が参加した。生物機能解析センターの重信准教授と内山助教が、①次世代シーケンサーのデータ解析概論、②UNIX入門・プログラミング入門、③次世代シーケンサーの基本データフォーマット、④次世代シーケンサーの基本ツール、について実演をまじえながら講義を行った。また、参加者は、実際にコンピュータを操作して演習を行った。生物機能情報分析室と情報管理解析室のスタッフがティーチングアシスタントとして参加者の多数の質問に対応した。1日目の講義の後には、懇親会を開催し、参加者どうし交流を深めた。コース終了後には、フォローアップ用ウェブサイトを開設し、講義資料のPDF、有用ウェブサイトリンク集、そして演習問題の模範解答を掲載し、自習の便を図った。これは、たった2日間のコースだけではスキルを身に付けるのにはどうしても不十分であり、コース内容を復習しつつ、さらに自分の研究に必要な事項を自ら発見し自ら学習してほしいという願いからである。

受講者の満足度は高かったようである。「資料がわかりやすかった」「インフォマティクスに対する心的障壁も低くなった」「今まで類似のセミナーに参加しましたが、ダントツで最高のセミナーでした」などの声を受講者から寄せられた。

# バイオイメーjingフォーム

近年の光学顕微鏡性能の著しい向上と、生体光プローブの開発とが相まって、従来は固定した試料から得られる断片的情報から想像するしかなかった生物現象が、生きた材料を使ってリアルタイムで観察できるようになりました。基礎生物学研究所は、このような生物現象の可視化技法(バイオイメーjing)の生物学研究への最大限の活用を図るとともに、イメーjing新技法の開発を目指しています。所内外の研究者および企業の開発担当者が、イメーjingに関する研究現場の悩みやニーズを率直に討論する研究会として、「バイオイメーjingフォーム」を開催しています。

## バイオイメーjingフォーム

第1回バイオイメーjingフォーム  
2006年9月26-27日(岡崎)

第2回バイオイメーjingフォーム  
2007年9月18-19日(岡崎)

第3回バイオイメーjingフォーム  
2008年9月1-2日(岡崎)

第4回バイオイメーjingフォーム  
2009年10月1-2日(岡崎)

第5回バイオイメーjingフォーム  
2011年1月11-12日(岡崎)

## 第5回バイオイメーjingフォーム

開催期間:2011年1月11日~12日  
会場:岡崎コンファレンスセンター

テーマ「マニピュレーション」  
講演者21名(所外8名、所内7名、企業6名)  
参加者61名(講演者含む)

### 特別講師

細川 陽一郎(奈良先端科学技術大学院大学 物質創成科学研究科)

西坂 崇之(学習院大学 理学部物理学科)

成瀬 恵治(岡山大学大学院 医歯薬学総合研究科)

杉浦 忠男(奈良先端科学技術大学院大学 情報科学研究科)

久原 篤(名古屋大学大学院 理学研究科)

鈴木 邦律(東京工業大学 フロンティア研究機構)

杉村 薫(理化学研究所 脳科学総合研究センター)

渡邊 朋信(大阪大学 免疫学フロンティア研究センター)

### 企業

オリンパス株式会社

株式会社ニコン

浜松ホトニクス株式会社

横河電機株式会社

JPK インスツルメンツ

シグマ光機株式会社



# 社会との連携

基礎生物学研究所では、次世代の科学者の育成の視点から、小・中学校や高等学校の生徒に向けて、生物学の面白さを伝える活動を行っています。また、広く一般に向けて、研究内容や成果を発信しています。

## 岡崎市出前授業

基礎生物学研究所は地元である岡崎市教育委員会との連携活動として、小・中学校への出前授業を行っています。

2008年度

- ・常磐東小学校 「生き物の体ができる仕組み ～卵が大人になるまで～」 林 良樹

2009年度

- ・竜美丘小学校 「メダカの観察とメダカの卵を顕微鏡で見て触ってみる」 田中 実
- ・葵 中 学 校 「色違いの花はどうしてできる？ ～アサガオの花色を決める多彩な遺伝子～」 星野 敦

2010年度

- ・竜美丘小学校 「メダカの観察とメダカの卵を顕微鏡で見て触ってみる」 田中 実
- ・美川中学校 「遺伝子とGFPで脳を見る話」 渡我部 昭哉
- ・南 中 学 校 「脳って何」 渡辺 英治
- ・河合中学校 「遺伝子が体を作る仕組み ～ショウジョウバエの研究から分かること～」 林 良樹
- ・竜海中学校 「アサガオから分かる遺伝子の働き」 星野 敦
- ・矢作中学校 「メダカの生物学、メダカに学ぶ生命の不思議」 成瀬 清
- ・葵 中 学 校 「ほ乳類のからだの作りの始まり ～卵の受精から着床までを体外で観察する～」 豊岡 やよい
- ・矢作北中学校 「卵の不思議を見てみよう」 倉田 智子

## 中学生職場体験学習

愛知県の中学校で実施されている職場体験学習の受け入れを行っています。

2008年度

- 甲山中学校 4名 竜海中学校 2名 河合中学校 1名

2009年度

- 甲山中学校 5名 竜海中学校 5名 東海中学校 1名  
竜南中学校 2名

2010年度

- 甲山中学校 2名 岩津中学校 3名 竜海中学校 3名



## 国研セミナー（岡崎市内小・中学校理科教員対象）

国研セミナーは、岡崎市内の小中学校の理科教員を対象に、最新の研究状況を講演するセミナーです。岡崎南口タリークラブおよび岡崎市教育委員会との連携活動として開催されています。

2008年度

- 「発生生物学のなぞが解かれた！」ー動物の背と腹ができるしくみー 上野 直人

2009年度

- 「植物の共生、人間の共生」 川口 正代司

2010年度

- 「雄・雌はどのようにして決まるのだろうか？ー光らせたメダカを用いた性分化の研究からー」 田中 実



## 愛知県立岡崎高等学校 スーパーサイエンスハイスクール活動への協力

2008 年度

- ・進路オリエンテーション講演  
「チャレンジする生き方」 小林 悟
- ・授業 「性は誰でも変わりうる？」 田中 実  
「動物の形づくりを探る～体の軸とスーパーマンオーガナイザー～」 上野 直人  
「ショウジョウバエの発生過程における遺伝子発現制御」 小林 悟
- ・実習 「両生類のオーガナイザー移植実験」 上野 直人

2009 年度

- ・進路オリエンテーション講演  
「チャレンジする生き方」 小林 悟
- ・授業 「植物と微生物の共生とその進化」 川口 正代司  
「哺乳類の体作りのはじまり」 藤森 俊彦  
「精子を作り続ける謎」 吉田 松生
- ・実習 「メダカを使った遺伝学実習」 成瀬 清

2010 年度

- ・進路オリエンテーション講演  
「生物学の研究者としての生き方」 小林 悟
- ・授業 「光合成の基本とそれを支える植物細胞のダイナミクス」 西村 幹夫  
「オオミジンコの性分化機構」 井口 泰泉  
「長期にわたる記憶を可能にするメカニズムは？」 椎名 伸之
- ・実習 「両生類のオーガナイザー移植実験」 上野 直人



## 愛知県立岡崎北高等学校 コスモサイエンスコースへの協力

- 2008 年度 特別講演 小林 悟 「サイエンスって面白い」  
2009 年度 特別講演 小林 悟 「サイエンスって面白い」  
2010 年度 特別講演 小林 悟 「生物学の研究者としての生き方」



## サイエンスパートナーシッププログラムへの協力

2008 年度

- ・神奈川県立磯子高等学校 「実物に触れる生物学 2008: 表現型のカウントと DNA 解析によるメンデル遺伝の実証実験・メダカを使った遺伝学入門」 成瀬 清
- ・愛知県立武豊高等学校 「メダカを使った DNA 解析によるメンデル遺伝の実証実験」 成瀬 清



2009 年度

- ・神奈川県立磯子高等学校 「実物に触れる生物学 2009: メダカ人工授精と配偶行動の観察及び両性雑種の表現型のカウントと DNA 解析によるメンデル遺伝の実証実験・メダカを使った発生・遺伝学入門」 成瀬 清

## 国際生物学オリンピック特別教育

第 21 回国際生物学オリンピック日本代表の高校生 6 名への特別教育に基礎生物学研究所が協力しました。2009 年 12 月および 2010 年 5 月に、基礎生物学研究所にて講義や実習などの強化トレーニングが行われました。



## 高校生向け実験講座

2010 年 8 月

- 「葉と花の生まれるところを見てみよう」(日本学術振興会 ひらめき☆ときめきサイエンス) 岡田 清孝  
および植物器官形成学研究室・高次細胞機構研究部門 有志メンバー



## 高校生物教員向け実験講座

2009 年 12 月

- 「両生類のオーガナイザー移植実験」 上野 直人  
および形態形成研究部門メンバー





## その他、高校教育への協力

2008年度

- ・私立横浜雙葉中学高等学校  
土曜講義「環境と生物」 井口 泰泉

2009年度

- ・私立横浜雙葉中学高等学校  
土曜講義「環境と生物」 井口 泰泉

2010年度

- ・神奈川県立磯子高等学校  
「実物に触れる生物学 2010: メダカ人工授精と配偶行動の観察及び両性雑種の表現型のカウントと DNA 解析によるメンデル遺伝の実証実験・メダカを使った発生・遺伝学入門」 成瀬 清
- ・私立横浜雙葉中学高等学校  
土曜講義「環境と生物」 井口 泰泉

## 日本科学未来館と基礎生物学研究所、生理学研究所、分子科学研究所との合同シンポジウム「身体の中のにぎやかな世界」

2009年11月

- ・講演「ライブイメージングで見えてきた細胞同士のおしゃべりと体の形づくり」 上野 直人
- ・展示「体験！ にぎやかな世界を覗いてみよう」



## 岡崎市民大学

2010年8月

- ・講演「体液の不思議：脳が感じる塩濃度」 野田 昌晴

## 夏休み特別企画

2010年8月

「顕微鏡で小さな生き物を見てみよう」

岡崎市図書館交流プラザらびらにて、顕微鏡観察の実演やペットボトルを利用した手作り顕微鏡の工作などを行いました。



## インターネットを利用したイベント

2010年6月

「みんなで観察 カエルの卵がオタマジャクシになるまで」アフリカツメガエルの卵がオタマジャクシになるまでの過程をインターネット中継し、研究者が解説を行いました。

## 第7回自然科学研究機構シンポジウム

“科学的発見とは何か - 「泥沼」から突然「見晴らし台」へ”

2009年3月20日（東京国際フォーラム）

- ・講演「研究の駆動力：小さな発見の喜び」 大隅 良典
- ・講演「大腸菌熱ショック現象の発見から霊長類の脳研究へ」 山森 哲雄



## 第8回自然科学研究機構シンポジウム

“脳が諸学を生み、諸学が脳を統合する”

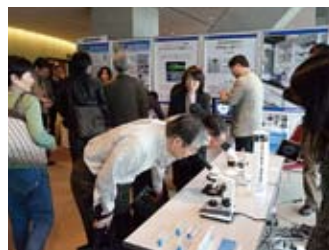
2009年9月23日（学術総合センター 一橋記念講堂）

## 第9回自然科学研究機構シンポジウム

“ビックリ 4Dで見るサイエンスの革新”

2010年3月21日（東京国際フォーラム）

- ・講演「哺乳類初期発生の理解の為にライブイメージング」 藤森 俊彦



## 第10回自然科学研究機構シンポジウム

“多彩な地球の生命 - 宇宙に仲間はあるのか”

2010年10月10日（学術総合センター 一橋記念講堂）

- ・講演「光合成のダイナミズム」 皆川 純
- ・講演「共生と進化」 重信 秀治



# 基礎生物学研究所 一般公開

2010年10月2日、基礎生物学研究所は「体験! 生き物研究空間」と題して一般公開を行いました。明大寺地区の研究室や施設を公開し、一般の皆様が研究の現場に足をお運びいただき、最先端の生物学研究をご紹介します。また、講演会や「3D映像で生き物の内部を旅してみよう」の特別企画や、体験実験、サイエンスカフェなどを行いました。3,244名の方々にご来場いただきました。

## 研究室・施設公開 (明大寺地区)

- 1 総合展示会場
- 2 これが遺伝子の正体だ～ DNA を見てみよう～
- 3 不思議な進化
- 4 植物細胞を覗いてみよう!
- 5 脳をみよう、ニューロンをみよう
- 6 放射線を見てみよう
- 7 からだの右と左
- 8 私たちの脳と脊髄の形づくり
- 9 光るメダカの生物学
- 10 魚の性が決まるしくみ、変わるしくみ
- 11 光と生物の関わり
- 12 ゲノム情報を読み解く情報科学
- 13 シロイヌナズナで探る植物の形作りの不思議
- 14 神経細胞の世界を覗いてみよう!
- 15 菌は植物の友達?
- 16 研究に役立つホタルの光



## 研究室紹介展示 (岡崎コンファレンスセンター)

- 1 研究所で働く動物たち
- 2 視覚の心理生物学
- 3 性分化と生殖幹細胞の不思議に迫る
- 4 生き物と性ホルモンの科学
- 5 からだ作りのはじまり
- 6 脳のできるしくみと働くしくみ
- 7 本当に大切な体節のはなし
- 8 命をつなぐ細胞、生殖細胞の不思議～ショウジョウバエ研究で解明される生殖細胞ができるまで～
- 9 精巣: 精子を1日1億個つくる工場
- 10 アサガオとイネ: 遺伝の不思議



## 体験実験

「生き物をDNA鑑定してみよう - PCR法による遺伝子解析 -」

花の色の異なるアサガオの葉を材料にして、「この葉は何色のアサガオのものかな?」と、DNA鑑定していただきました。



## 特別企画

「3D映像で生き物の内部を旅してみよう」

基礎生物学研究所で実験材料として使われている様々な生物の器官や組織、細胞の内部の様子を3D映像で紹介しました。



「サイエンスカフェ 研究者とお喋りコーナー」

若手研究者が代わる代わる登場し、お茶を飲みながら来場の皆さんと交流しました。



## 講演会

「共生が作り出す生命の多様性」 深津武馬 (産業技術総合研究所)

「生物学はマグロの将来を救えるか? - サバにマグロを生ませる -」 吉崎悟朗 (東京海洋大学)

「性と生殖をつかさどる細胞たち」 田中実 (基礎生物学研究所)





# プレスリリース一覧

## <2008年度>

- 2008年09月16日  
植物の新規細胞小器官“ER ボディ”の形成の仕組みを解明  
(高次細胞機構研究部門)
- 2008年11月22日  
世界初! マナマコの放卵・放精(生殖行動)を誘発する神経  
ホルモンを発見 ~マナマコの大量生産可能に~  
(生殖生物学研究部門)
- 2008年12月11日  
植物種子の発芽エネルギー生成に必須な新規輸送体を発見  
(高次細胞機構研究部門)
- 2008年12月12日  
セロトニンの視覚に果たす役割を解明 ~鮮明な視覚像を得  
るための脳の仕組み~  
(脳生物学研究部門)
- 2009年1月29日  
上向きと下向きの光の動きを脳へ伝える2種類の網膜神経  
節細胞の同定に成功  
(統合神経生物学研究部門)
- 2009年3月31日  
大人びた葉の性質をつくる仕組みを発見  
(植物発生遺伝学研究部門)

## <2009年度>

- 2009年4月10日  
長いDNAをコンパクトに収納する ~染色体凝縮の謎にメ  
ス~  
(ゲノム動態研究部門)
- 2009年5月7日  
基礎生物学研究所がマックス・プランク植物育種学研究所  
(ドイツ)と学術交流協定を締結
- 2009年5月25日  
無脊椎動物の生殖腺刺激ホルモンを世界に先駆けヒトデから  
発見  
(生殖生物学研究部門)
- 2009年7月01日  
霊長類の大脳皮質で両眼視に関わる新しい構造を発見  
(脳生物学研究部門)
- 2009年7月31日  
植物の受精を制御する因子を発見 ~植物のオスとメスの協  
調性は遺伝子の重複によって進化した~  
(生物進化研究部門)
- 2009年8月10日  
ミトコンドリアだけ分別して分解 ~細胞内リサイクルシス  
テム“オートファジー”の分別機構の一端を解明~  
(分子細胞生物学研究部門)
- 2009年8月11日  
マウス胚組織の内側、外側を決める遺伝子 prickle1  
(形態形成研究部門)
- 2009年9月1日  
オオバコの仲間は雑種だらけ ~日本古来のオオバコは、大  
陸産のセイヨウオオバコの雑種から生じた~  
(植物発生遺伝学研究部門)
- 2009年9月10日  
遺伝子組換えで生きた化石を作る ~陸上植物の起源に新仮  
説を提唱~  
(生物進化研究部門)
- 2009年9月16日  
神経軸索の正しい進路選択には細胞骨格である微小管の安定  
化制御が必須である  
(統合神経生物学研究部門)
- 2009年11月20日  
幹細胞の居場所(ニッチ)の広さを決める糖タンパク質の働  
きを解明  
(発生遺伝学研究部門)

2010年2月2日  
栄養環境によるオートファジー制御の解明に成功  
(個別研究・鎌田)

2010年3月19日  
多く、長く、精子を作り続ける秘訣 ~ほ乳類精子形成にお  
ける新しい分化モデル~  
(生殖細胞研究部門)

2010年3月23日  
神経管形成に必要な細胞内のアクチン集積を引き起こす仕組  
みを発見  
(形態形成研究部門)

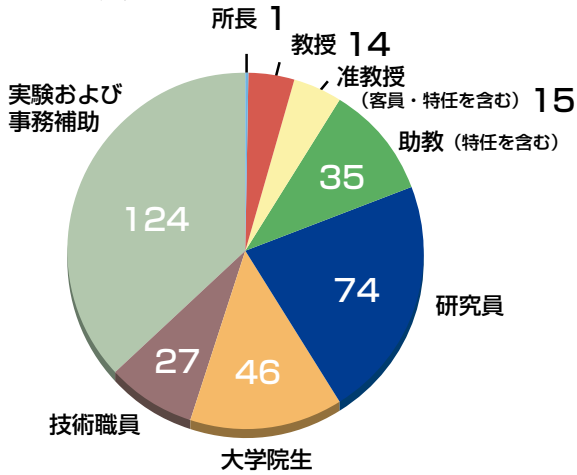
## <2010年度>

- 2010年5月21日  
成体メダカの卵巣で卵を継続的につくり出す幹細胞のゆりか  
ごを発見 ~魚類の高い繁殖能力の基盤も明らかに~  
(生殖遺伝学研究部門)
- 2010年5月27日  
原因不明だった高ナトリウム血症の発症機構を解明 ~脳の  
体液 Na レベルセンサーに対する抗体が産生される自己免疫  
疾患だった~  
(統合神経生物学研究部門)
- 2010年7月16日  
極小ペプチドによる発生制御のしくみを発見 ~最も小さな  
遺伝子の驚くべき役割~  
(発生遺伝学研究部門)
- 2010年7月16日  
アヤメやネギがもつ、裏しかない葉「単面葉」の形作りの仕  
組みを解明  
(植物発生遺伝学研究部門)
- 2010年7月26日  
不妊を回避するメカニズムを発見  
(発生遺伝学研究部門)
- 2010年8月9日  
幹細胞の寿命は意外にも短かった! ~マウスの精子幹細胞  
は次々と入れ替わる~  
(生殖細胞研究部門)
- 2010年8月23日  
基礎生物学研究所がテマセク生命科学研究所(シンガポール)  
と国際連携協定を締結
- 2010年9月22日  
神経細胞のネットワーク形成には、樹状突起での局所的なタ  
ンパク質合成が不可欠  
(神経細胞生物学研究部門)
- 2010年11月16日  
葉の大きさは細胞間のコミュニケーションにより制御される  
(植物発生遺伝学研究部門)
- 2010年11月20日  
マメ科植物において、根粒の数と植物の形作りを同時に制御  
する遺伝子を発見  
(共生システム研究部門)
- 2010年12月7日  
蝶類コムラサキ亜科はベーリング海峡を經由して、ユーラシ  
アから新大陸へ繰り返し分布を拡大した  
(毛利秀雄名誉教授・生物進化研究部門)
- 2010年12月24日  
心臓や動脈系、胸腺、副甲状腺などの形成に不可欠な遺伝子  
を新たに発見  
(分子発生学研究部門)
- 2011年2月9日  
てんかん発作に関わる遺伝子の同定  
(形態形成研究部門)
- 2011年3月28日  
オオミジンコの性決定遺伝子の発見  
(分子環境生物学研究部門)

# 研究所の現況

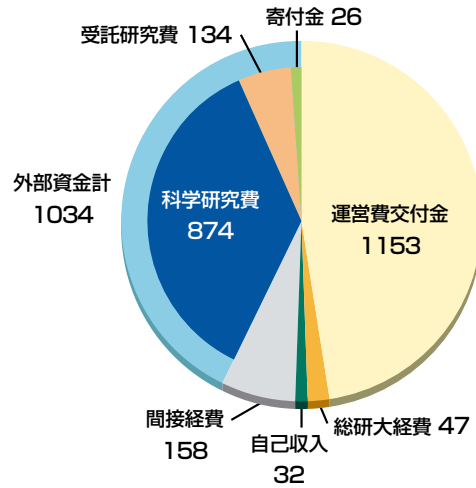
## 研究所で働く人たち (2011年8月1日現在)

total 336人



## 研究所の財政規模 (2010年度決算額)

単位：百万円

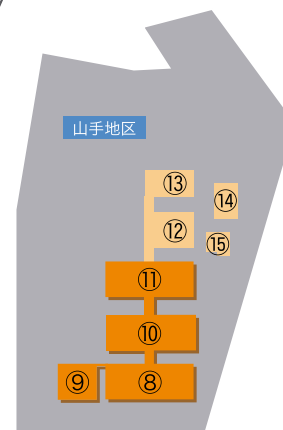


基礎生物学研究所では国からの補助（運営費交付金、総研大経費）に加え、各研究者の努力により科学研究費、受託研究費など多くの競争的資金を獲得して研究を行っています。

## 配置図



明大寺地区  
愛知県岡崎市明大寺町字西郷中 38



山手地区  
愛知県岡崎市明大寺町字東山 5-1



# 自然科学研究機構 岡崎統合事務センター

岡崎統合事務センター組織	
総務部	
総務課	
	総務係
	企画評価係
	情報サービス係
	人事係
	労務係
	給与係
国際研究協力課	
	国際係
	大学院係
	共同利用係
	産学連携係
	研究助成係
財務部	
財務課	
	総務係
	財務第一係
	財務第二係
	財務第三係
	出納係
調達課	
	調達チーム
	契約チーム
施設課	
	資産管理係
	施設係
	電気係
	機械係
	環境保全係

岡崎統合事務センターは、自然科学研究機構岡崎 3 機関（基礎生物学研究所・生理学研究所・分子科学研究所）の総務、研究連携及び財務等に関する事務を担当しています。



(2011年7月1日現在)

岡崎統合事務センター

# 研究教育職員・技術課技術職員 INDEX

## あ行

飯沼 秀子	81, 83	技術職員	アイソトープ実験センター
井口 泰泉	60 - 61, 72	教授	分子環境生物学研究部門、生物機能解析センター
上野 直人	24 - 25	教授	形態形成研究部門
内山 郁夫	64, 68	助教	ゲノム情報研究室、生物機能解析センター
内海 秀子	28, 81	技術職員	分子発生学研究部門
大澤 園子	40, 81	技術係長	脳生物学研究部門
大野 薫	53	助教	多様性生物学研究室
岡 早苗	30, 81	技術職員	初期発生研究部門
岡田 清孝	2, 36 - 37, 89	所長	植物器官形成学研究室
小川 和男	22, 83	准教授	細胞構造研究室、アイソトープ実験センター
荻野 由紀子	60 - 61	助教	分子環境生物学研究部門

## か行

影山 裕二	26 - 27	統合バイオ特任助教	発生遺伝学研究部門
勝 義直	60 - 61	統合バイオ客員准教授	分子環境生物学研究部門
壁谷 幸子	46, 81	技術主任	生物進化研究部門
鎌田 芳彰	54, 78	助教	多様性生物学研究室、国際連携室
亀井 保博	67, 70	特任准教授	生物機能解析センター
川口 正代司	48 - 49	教授	共生システム研究部門
北舘 祐	32 - 33	助教	生殖細胞研究部門
木下 典行	24 - 25	准教授	形態形成研究部門
倉田 智子	77	特任助教	広報室
児玉 隆治	52, 76	准教授	構造多様性研究室、情報・戦略室
小林 悟	26 - 27, 66	教授	発生遺伝学研究部門、生物機能解析センター
小林 弘子	65, 81	技術班長	時空間制御研究室
小峰 由里子	40 - 41	助教	脳生物学研究部門
小山 宏史	30 - 31	助教	初期発生研究部門
近藤 真紀	16, 81	技術係長	高次細胞機構研究部門

## さ行

齋田 美佐子	67, 81	技術職員	生物機能解析センター
作田 拓	38 - 39	助教	統合神経生物学研究部門
定金 理	40 - 41	助教	脳生物学研究部門
佐藤 昌直	26 - 27	助教	発生遺伝学研究部門
澤田 薫	81, 83	技術主任	アイソトープ実験センター
椎名 伸之	20 - 21	准教授	神経細胞生物学研究室
重信 秀治	66, 69	特任准教授	生物機能解析センター
篠原 秀文	18 - 19	助教	細胞間シグナル研究部門
定塚 勝樹	58	助教	多様性生物学研究室
新谷 隆史	38 - 39	准教授	統合神経生物学研究部門
壽崎 拓哉	48 - 49	助教	共生システム研究部門
鈴木 誠	24 - 25	助教	形態形成研究部門

# 研究教育職員・技術課技術職員 INDEX

## た行

高木 知世	24, 81	技術職員	形態形成研究部門
高瀬 (水口) 洋子	32, 81	技術職員	生殖細胞研究部門
高田 慎治	28 - 29, 82	教授	分子発生学研究部門
高橋 弘樹	24 - 25	助教	形態形成研究部門
竹内 靖	38, 81	技術主任	統合神経生物学研究部門
武田 直也	48 - 49	助教	共生システム研究部門
立松 圭	36 - 37	助教	植物器官形成学研究室
田中 幸子	48, 81	技術係長	共生システム研究部門
田中 実	34 - 35, 72	准教授	生殖遺伝学研究室、モデル生物研究センター
玉田 洋介	46 - 47	助教	生物進化研究部門
梅根 一夫	56, 73	助教	多様性生物学研究室、モデル生物研究センター
豊岡 やよい	30 - 31	助教	初期発生研究部門

## な行

中村 貴宣	68, 81	技術職員	生物機能解析センター
中山 啓	20 - 21	助教	神経細胞生物学研究室
成瀬 清	50 - 51, 72	准教授	バイオリソース研究室、モデル生物研究センター
西出 浩世	68, 81	技術職員	生物機能解析センター
西村 幹夫	16 - 17, 76	教授、室長	高次細胞機構研究部門、情報・戦略室
野口 裕司	72, 81	技術職員	モデル生物研究センター
野田 千代	26, 81	技術職員	発生遺伝学研究部門
野田 昌晴	38 - 39	教授	統合神経生物学研究部門
野中 茂紀	65	准教授	時空間制御研究室

## は行

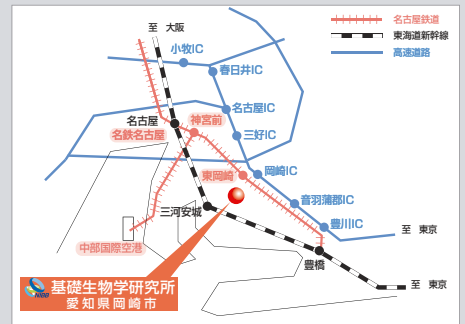
長谷部 光泰	46 - 47	教授	生物進化研究部門
濱田 義雄	23, 73	助教	細胞社会学研究室、モデル生物研究センター
林 晃司	72, 81	技術主任	モデル生物研究センター
林 誠	16 - 17	准教授	高次細胞機構研究部門
林 良樹	26 - 27	助教	発生遺伝学研究部門
原 健士朗	32 - 33	助教	生殖細胞研究部門
東 正一	67, 81	技術係長	生物機能解析センター
檜山 武史	38 - 39	助教	統合神経生物学研究部門
日渡 祐二	46 - 47	助教	生物進化研究部門
藤森 俊彦	30 - 31, 77	教授	初期発生研究部門、広報室
古川 和彦	80 - 81	技術課長	技術課
星野 敦	55, 73	助教	多様性生物学研究室、モデル生物研究センター

# 研究教育職員・技術課技術職員 INDEX

ま行			
牧野 由美子	66, 81	技術主任	生物機能解析センター
松崎 政紀	42 - 43	教授	光脳回路研究部門
松田 淑美	81, 83	技術係長	アイソトープ実験センター
松林 嘉克	18 - 19	教授	細胞間シグナル研究部門
真野 昌二	16 - 17	助教	高次細胞機構研究部門
水谷 健	60, 81	技術係長	分子環境生物学研究部門
皆川 純	62 - 63	教授	環境光生物学研究部門
宮川 信一	60 - 61	助教	分子環境生物学研究部門
三輪 朋樹	68, 81	技術班長	生物機能解析センター
村田 隆	46 - 47	准教授	生物進化研究部門
森 友子	66, 81	技術係長	生物機能解析センター
諸岡 直樹	73, 81	技術職員	モデル生物研究センター

や行			
矢部 泰二郎	28 - 29	助教	分子発生学研究部門
山口 勝司	66, 81	技術主任	生物機能解析センター
山口 貴大	57	助教	多様性生物学研究室
山田 健志	16 - 17	助教	高次細胞機構研究部門
山森 哲雄	40 - 41	教授、副所長	脳生物学研究部門
吉田 松生	32 - 33, 78	教授	生殖細胞研究部門、国際連携室

わ行			
渡我部 昭哉	40 - 41	准教授	脳生物学研究部門
渡辺 英治	44, 72	准教授	神経生理学研究室、モデル生物研究センター
渡邊 孝明	59	助教	多様性生物学研究室



## 交通案内

### ● 鉄道を利用した場合

#### 東京方面から

豊橋駅下車、名古屋鉄道（名鉄）に乗り換えて、東岡崎駅下車（豊橋駅 - 東岡崎駅間約 20 分）。

#### 大阪方面から

名古屋駅下車。名古屋鉄道（名鉄）に乗り換えて、東岡崎駅下車（名鉄名古屋駅 - 東岡崎駅間約 30 分）。

#### 明大寺地区へは

東岡崎駅の改札を出て、南口より徒歩で 7 分。

#### 山手地区へは

東岡崎駅南口バスターミナルより名鉄バス「竜美丘循環」に乗り竜美北 1 丁目下車（所要時間 5 分）、さらに徒歩で 3 分。

### ● 自動車を利用した場合

東名高速道路の岡崎 IC を下りて国道 1 号線を名古屋方面に約 1.5km、市役所南東交差点を左折。IC から約 10 分。

### ● 中部国際空港（セントレア）から

#### < 鉄道 >

名鉄にて神宮前駅経由、東岡崎駅下車。所要時間約 65 分。

#### < バス >

名鉄空港バス JR 岡崎行きを利用し、東岡崎駅下車。所要時間約 65 分



大学共同利用機関法人 自然科学研究機構  
基礎生物学研究所 要覧 2011  
発行・編集：広報室

〒 444-8585  
愛知県岡崎市明大寺町字西郷中 38  
TEL 0564-55-7000  
FAX 0564-53-7400

基礎生物学研究所 明大寺地区  
〒 444-8585  
愛知県岡崎市明大寺町字西郷中 38

基礎生物学研究所 山手地区  
〒 444-8787  
愛知県岡崎市明大寺町字東山 5-1