



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 2012

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
058	分子環境生物学研究部門（井口研）
060	環境光生物学研究部門（皆川研）
062	ゲノム情報研究室（内山研）
063	時空間制御研究室（野中研）
064	生物機能解析センター 生物機能情報分析室
065	生物機能解析センター 光学解析室
066	生物機能解析センター 情報管理解析室
067	生物機能解析センター 重信グループ
068	生物機能解析センター 亀井グループ
070	モデル生物研究センター
072	大学連携バイオバックアッププロジェクト
073	ナショナルバイオリソースプロジェクト
074	植物科学最先端研究拠点ネットワーク
075	NIBB リサーチフェロー
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
086	岡崎共通施設
088	総合研究大学院大学 基礎生物学専攻
098	大学院教育協力（特別共同利用研究員）
100	共同利用研究
105	所長招聘・受賞・異動の記録
106	プレスリリース一覧
107	基礎生物学研究所コンファレンス
108	生物学国際高等コンファレンス (OBC)
110	EMBL との連携活動
112	プリンストン大学との連携活動
114	テマセク生命科学研究所との連携活動
116	マックス・プランク植物育種学研究所との連携活動
118	インターナショナルプラクティカルコース
120	ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース
122	バイオイメーjing フォーラム
123	NIBB Internship Program・大学生のための夏の実習
124	社会との連携
126	研究所の現況
127	自然科学研究機構 岡崎統合事務センター
128	研究教育職員・技術職員 INDEX
131	交通案内

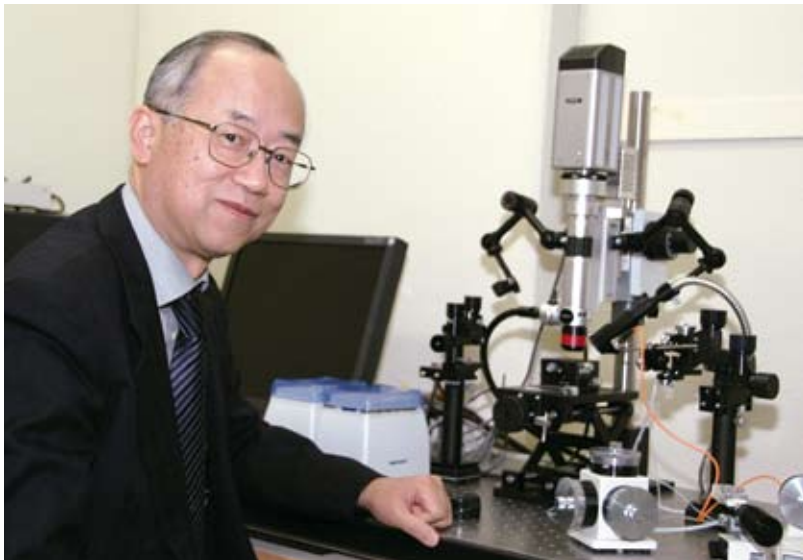




大学共同利用機関法人 自然科学研究機構

基礎生物学研究所 要覧 2012

<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、2012年は35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動きや細胞の動きを探ることと、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、全国の国公私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。

2011年3月11日の東日本大震災とそれに伴う原子力発電所の事故は、私たちの生活における科学と技術のあり方について改めて考える機会になりました。今回の災害によって被害を受けた大学や研究所も多く、学術研究を続けることが困難になった研究者や大学院生が多数おられます。学術研究を続けることは、長期に渉る復興を支え、日本の活力を取り戻すためにも必要なことです。被災された研究者や大学院生の方々に一日も早く研究意欲を取り戻していただくことを願って、国内の多くの大学や研究所だけでなく外国からも様々な支援の申し出が数多く寄せられました。ありがたいことです。岡崎の3研究所でも、震災直後の3月17日に先陣を切って、被災された研究者に研究の場を提供するなどの支援を目的とした“共同利用研究特別プロジェクト”を開始しました。また、地震と津波およびその後の停電や断水によって、研究に使っていた動物・植物・微生物・細胞株・遺伝子クローンなども数多く失われました。これらの生物遺伝資源の中には一度失われると回復できないものも多いので、安全のために別の場所に分けて保管しておく必要があります。基礎生物学研究所では、日本全国の大学や研究所の研究者から委託された生物遺伝資源を冷凍保存または低温保存するバックアップ施設を建設し、平成24年度から保管業務を開始するために準備を進めています。

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
小森 彰夫
岡田 清孝
岡田 泰伸
観山 正見

監事 武田 洋
竹俣 耕一

副機構長 林 正彦
小森 彰夫
岡田 清孝
岡田 泰伸
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

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

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

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)
- 細胞社会学研究室 (濱田研)
- 神経細胞生物学研究室 (椎名研)
- 生殖細胞研究部門 (吉田研)
- 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)
- 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
- 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)
- ゲノム情報研究室 (内山研)
- 時空間制御研究室 (野中研)

進化多様性生物学領域

環境生物学領域

理論生物学領域

イメージングサイエンス研究領域

モデル生物研究センター

- モデル動物研究支援室
- モデル植物研究支援室
- 器官培養研究支援室

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

IBBP 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

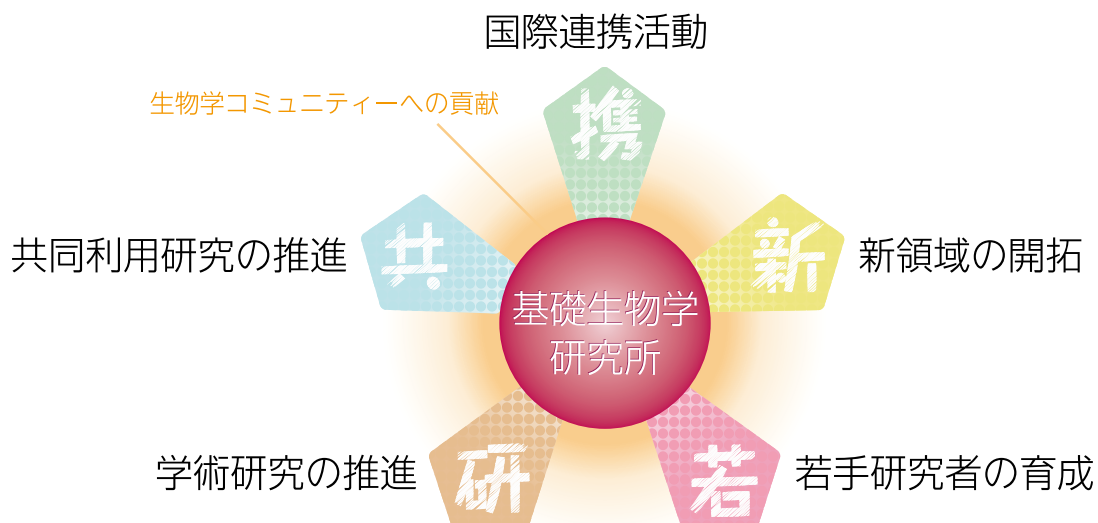
基礎生物学研究所・生理学研究所共通施設

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

2012年7月1日現在

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動きや細胞の動きを探ると共に、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10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

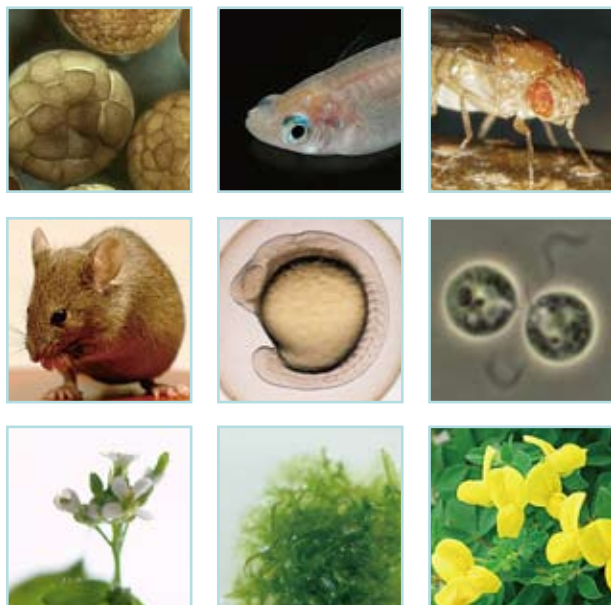
大学共同利用機関

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」を設置しました。(→P.66～) 2012年度より、災害等により生物遺伝資源が失われることを防ぐための大学連携バイオバックアッププロジェクトの中核拠点として「IBBPセンター」を設置しました。(→P.72～)

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.100)



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、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 DSLM 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.110)

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.116)

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合同会議の開催や研究者交流が開始されました。(→ P.112)

2010 年 8 月には、シンガポールのテマセク生命科学研究所 (TLL) 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行われています。(→ P.114)

基礎生物学研究所コンファレンス (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。2011 年度には第 6 回 International Practical Course "Developmental Genetics of Medaka IV" が開催され、日本、中国、韓国、シンガポール、ノルウェー、カナダ、アメリカ、イタリア、インド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.118)

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」の分担機関を担っています。(→ P.73)

新領域の開拓

生物学国際高等コンファレンス

(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、生物学国際高等コンファレンス (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。2011 年度には、第 8 回 OBC "Speciation and Adaptation II - Environment and Epigenetics -" が開催されました。(→ P.108)

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.98)

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.120)

大学生のための夏の実習

大学生向けの 2 泊 3 日の実習コースを 2011 年度より開始しました。生物学を学び始めた学生に向けて、研究体験の機会を提供しています。(→ P.123)

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 実験研究棟第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科学」と題した10周年記念講演会が京都にて開催された。



創設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

基礎生物学研究所実験研究棟に隣接して、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形成を支援するため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新たに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回インターナショナルプラクティカルコースが開催された。

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 (MPIPZ) 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・ケルンで開催された。

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 (TLL) との間で学術交流協定が締結された。

2012年7月

大学連携バイオバックアッププロジェクト (IBBP) の中核拠点として IBBP センターを設置。



IBBP 生物遺伝資源保存施設 (イメージ図)

運営会議委員 (2012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 |
| 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 |
| 東山 哲也 | 名古屋大学大学院理学研究科 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 | 財団法人かずさ DNA 研究所 副理事長兼所長 |

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 |



シダゲノムの解読

国内5大学および国外9カ国からなる国際共同研究チームである「イヌカタヒバ ゲノム国際コンソーシアム」は、シダ植物の一種であるイヌカタヒバのゲノム解読に成功しました。

従来、陸上植物の中で最も複雑な形を持った被子植物と最も単純な形を持ったコケ植物のゲノムは解読されていました。しかし、両者の中間に位置するシダ植物はゲノムの大きさが大きく、ゲノム解読が難しかったことから、どのような遺伝子のどのような進化によって陸上植物が進化してきたのかは謎でした。

ゲノムの大きさが極めて小さいイヌカタヒバを用いることで、シダ植物のゲノム解読に初めて成功し、シダ植物とコケ植物、被子植物のゲノムを比較解析した結果、陸上植物が共通に持つ遺伝子が明らかになりました。また、花の咲く植物（被子植物）と花の咲かない植物（シダ植物）との間で、遺伝子の発現を制御する遺伝子（転写因子）の数が増えており、これが単純な形を持った植物から複雑な形を持った植物への進化を引き起こした可能性が高いことも分かりました。これまで、植物は動物と比べると互いに形が似ていることから、動物よりも遺伝子の進化の程度がずっと少ないだろうと思われてきましたが、今回の研究結果より、陸上植物のゲノムは動物よりも大きく変化していることが明らかになりました。さらに、病気や害虫に食べられないようにしたり花粉を運ぶ昆虫を引き寄せたりする働きを持つ二次代謝産物や植物の生育に必要な植物ホルモンの合成酵素遺伝子などは、被子植物・シダ植物・コケ植物でそれぞれ独自に数を増やしたり減らしたりして多様性を産み出していることも分かりました。



ゲノム解読に参加した生物進化研究部門（上）と ERATO 長谷部分化全能性進化プロジェクト（下）

イヌカタヒバ *Selaginella moellendorffii*
ゲノム国際コンソーシアム
(日、米、独、英など 10 カ国の共同研究)

主たるコンソーシアムメンバー

◎日本
長谷部 光泰 基礎生物学研究所
西山 智明 金沢大学 学際科学実験センター

◎米国
Jo Ann Banks Purdue 大学
Michael Gribskov Purdue 大学
Claude dePamphilis Pennsylvania 州
立大学
Igor V. Grigoriev Joint Genome
Institute

◎オーストラリア
John L. Bowman Monash 大学

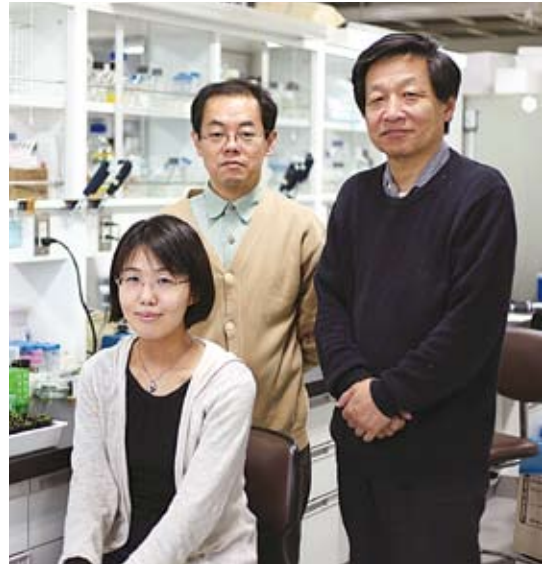
"The compact *Selaginella* genome identifies changes in gene content associated with the evolution of vascular plants"
Science 332, 960-963. (2011).

ペルオキシソームのタンパク質輸送に関わる植物特異的な新規因子を発見

植物細胞の中には、核や葉緑体など様々なオルガネラ（細胞内小器官）がありますが、これらのうち、ペルオキシソームは植物の発芽や光合成、種子形成に関わり、植物生長に必須なオルガネラです。高次細胞機構研究部門の後藤志野大学院生（現 基礎生物学研究所リサーチフェロー）、真野昌二助教および西村幹夫教授らは、ペルオキシソームのタンパク質輸送に関わる植物特異的な新規因子を発見しました。

研究グループは、ペルオキシソームが緑色蛍光タンパク質（GFP）によって可視化された植物体を用いて、遺伝子をランダムに壊す実験を行い、タンパク質輸送メカニズムに関わる遺伝子、「APEM9」（APEMは aberrant peroxisome morphology の略でペルオキシソーム形成異常の意）を発見しました。APEM9 が働かないと、ペルオキシソームへのタンパク質輸送が滞り、ペルオキシソーム機能を失います。さらに、エネルギー源であるショ糖を人為的に与えてやらないと発芽できなかつたり、発芽できても植物体が小さくなつたりと、植物の生育にも重大な影響がみられ、APEM9 は植物の生命維持に重要な遺伝子であることがわかりました。

APEM9 は、タンパク質輸送に関わる PEX1-PEX6 複合体をペルオキシソームに繋ぎ止める働きをします。この APEM9 遺伝子は植物でしか見つかりません。動物でも同様の機能をもつ PEX26 という遺伝子が見つっていますが、興味深いことに、ふたつの遺伝子配列はほとんど似ていません。このような生物種間の違いは、生物に適したペルオキシソームの機能分化に伴って、ペルオキシソームを維持する仕組みが少しずつ変化していった結果ではないかと考えられます。



後藤志野大学院生、真野昌二助教
および西村幹夫教授

Shino Goto, Shoji Mano, Chihiro Nakamori and Mikio Nishimura

“*Arabidopsis* ABERRANT PEROXISOME MORPHOLOGY9 Is a Peroxin That Recruits the PEX1-PEX6 Complex to Peroxisomes.”

The Plant Cell 23, 1573-1587. (2011).



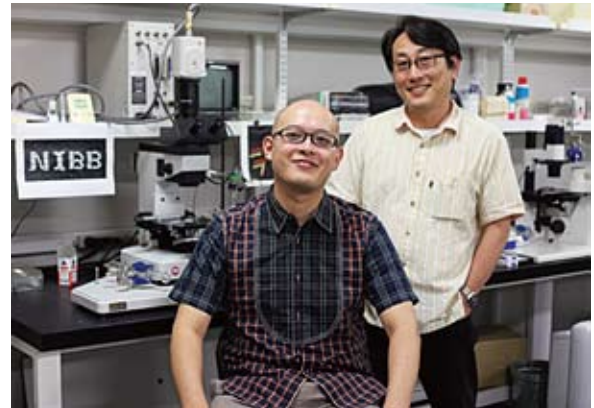
APEM9 欠損株では、ペルオキシソーム内の様々な代謝系の活性が低下し、ペルオキシソームが十分に機能しない。その結果、APEM9 欠損株（右）は野生株（左）に比べ矮性になってしまう。

生殖細胞の性別を決める遺伝子の発見

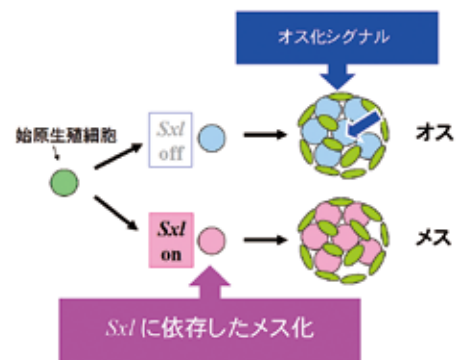
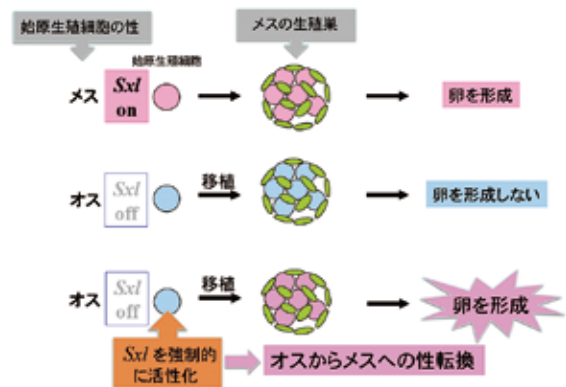
生物を構成する細胞は、個体を作る体細胞と、次世代に命をつなぐ生殖細胞に大きく分けられます。多くの動物において、体細胞にオスとメスの区別があるように、生殖細胞にも性の区別があります。たとえば、オスの生殖細胞は精子を造り、メスの生殖細胞は卵に分化します。では、この生殖細胞の性は、どのように決められているのでしょうか？

体細胞の性を決める遺伝子は、脊椎動物や昆虫のショウジョウバエ等において既に明らかにされています。これら遺伝子は、どちらか一方の性の体細胞で働くことにより、体細胞の性の区別を生み出します。一方、生殖細胞の性は、それを取り囲む体細胞の性に依存して決まるとされてきました。しかし、体細胞の性を決める遺伝子の欠損などにより体細胞が性転換しても、生殖細胞の性は変化しない例がいくつも報告されてきました。このことは、これまでの定説とは異なり、生殖細胞独自に性を決める遺伝子があることを物語っています。発生遺伝学研究部門の橋山一哉研究員（現、Institute for Research in Biomedicine, Barcelona 研究員）、林良樹助教および小林悟教授は、ショウジョウバエを用いて、生殖細胞の性の区別を生み出す鍵となる遺伝子 *Sxl* を発見しました。

研究グループは、生殖巣へと移動途中にあるメスの始原生殖細胞のみでのみ *Sxl* 遺伝子が活性化されていることを見いだしました。メスの始原生殖細胞において、この *Sxl* 遺伝子の働きを抑制すると、その始原生殖細胞からは卵が作られなくなりました。さらに、本来 *Sxl* 遺伝子を発現しないオス始原生殖細胞で *Sxl* 遺伝子を強制的に活性化し、メス個体の生殖巣に移植すると卵に分化することがわかりました。*Sxl* 遺伝子を強制的に活性化していないオス始原生殖細胞を、メス個体の生殖巣に移植しても、決して卵に分化しないことから、オス始原生殖細胞が *Sxl* 遺伝子の働きにより性転換しメスとなり、卵を作る能力を獲得したことがわかります。さらに、*Sxl* 遺伝子により性転換したオス始原生殖細胞から作られた卵は、正常に精子と受精し、次世代を生み出すことができました。このことは、*Sxl* 遺伝子により、始原生殖細胞のオスからメスへの完全な性転換が起きたことを示しています。



橋山一哉研究員と小林悟教授



Kazuya Hashiyama, Yoshiki Hayashi and Satoru Kobayashi
 “*Drosophila Sex lethal* Gene Initiates Female Development in Germline Progenitors”
 Science 333, 885-888. (2011).

メダカは生物学的 1 / f ゆらぎを利用してミジンコを捕らえる！

捕食性動物は、素早く動き回る獲物を正確に捕らえることができます。狩りを行うとき、捕食者は生きている被食者とその周囲のオブジェクトとの区別を、リアルタイムで行う必要がありますが、このとき捕食者は持てる感覚器を総動員して生きている獲物を認識しています。

特に視覚系は、多くの場合決定的な役割を果たしています。視覚を通じて、大きさ、形状、色、そして動きを識別して周囲の無関係なオブジェクトと、狩るべき獲物とをリアルタイムで区別します。例えば水棲環境において動物プランクトンを捕食している小型魚類は、水中を漂う多くの粒子や破片と区別する必要があります。しかしながら、どのようなパラメータによって区別しているのかは、これまで謎に包まれていました。

神経生理学研究室の渡辺英治准教授と松永渉研究員（現奈良県立医科大学 助教）は、捕食者である小型魚類（メダカ）が被食者である動物プランクトン（ミジンコ）を捕らえる際のメダカの視覚系の動きに着目して研究を行い、メダカはミジンコの運動パターンから生き物特有の動きを瞬時に抽出し、これをハンティングに利用していることを明らかにしました。

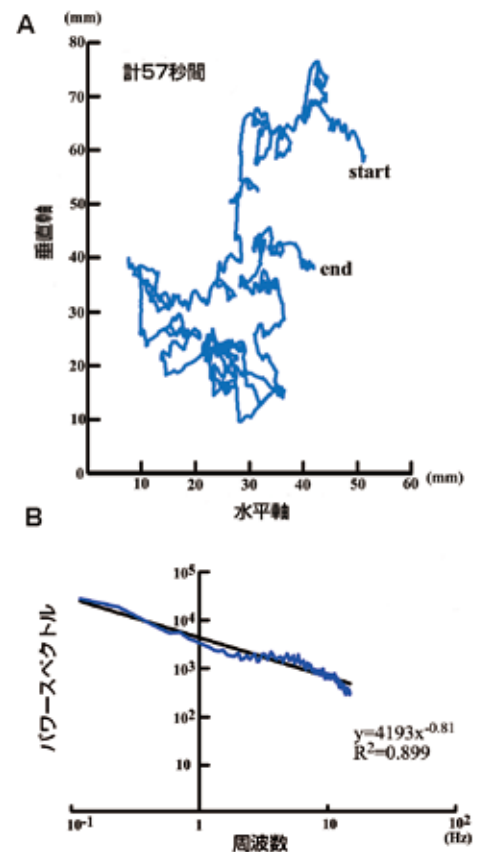
ミジンコの運動パターンの数理モデル化と最新のバーチャルリアリティ技術により、この生き物特有の動きは生物学的 1 / f ゆらぎで特徴づけられることが分かりました。



Wataru Matsunaga and Eiji Watanabe
“Visual motion with pink noise induces predation behaviour”
Scientific Reports 2, 219. (2012).



渡辺英治准教授



ミジンコの動きの数理解析

(A) 約57秒間の1匹のミジンコの軌跡。ミジンコは一見ランダムに運動しているように見える。

(B) ミジンコの運動軌跡のフーリエ解析。パワースペクトルは周波数と逆比例関係になっているのが分かる。

神経管をつくるには周囲の細胞の動きも重要

脳や脊髄といった中枢神経系は、受精後、体の形が作られるごく初期の段階で「神経管」と呼ばれるチューブ状の構造から形成されます。この神経管の形成が上手くいかないと、脳や脊髄の形成異常の原因となります。形態形成部門の森田仁研究員（現 オーストリア科学技術研究所 研究員）、上野直人教授らは、アフリカツメガエルを用いた研究により、神経管の形成には、神経にならない周囲の組織の細胞運動が必須であることを具体的に示しました。

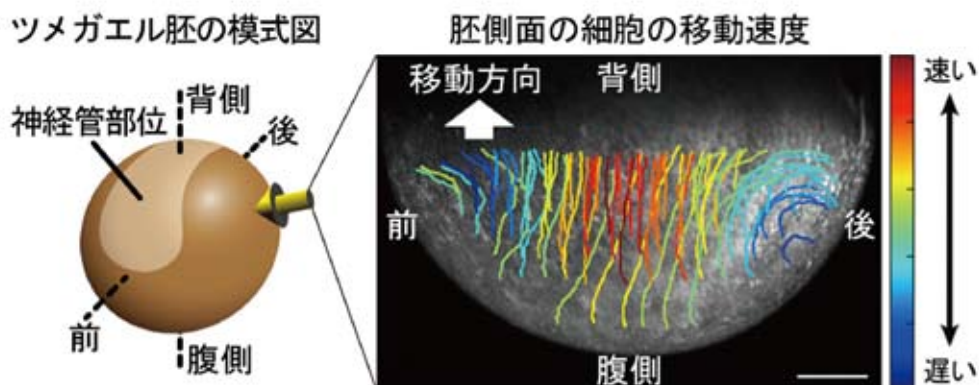
研究グループは、基礎生物学研究所が欧州分子生物学研究所（EMBL）から導入した新型顕微鏡「デジタルスキャン光シート顕微鏡（DSLM）」を用いて神経管形成過程のアフリカツメガエル胚を観察し、神経管にならない領域（非神経外胚葉）の細胞が神経管の方向に向かって速いスピードで移動していることを見つけました。また、移動する非神経外胚葉の細胞層は2層あり、表層の細胞の下に存在する、深層の細胞層が、積極的に背側へと移動していることがわかりました。

この深層細胞の動きを細胞接着や移動に関わる分子インテグリンを機能阻害することによって止めたところ、神経管の閉鎖は不完全なものとなりました。また、同グループは胚の非神経外胚葉を完全に除去すると神経管閉鎖が阻害されることも示しました。これらの結果より、神経管ができるためには神経管をつくる細胞が自律的に形を変えることに加えて、神経管にならない非神経外胚葉の細胞群の移動が管を閉じる過程を積極的に手助けしていることが明らかになりました。



森田仁研究員と上野直人教授

Hitoshi Morita, Hiroko Kajiura-Kobayashi, Chiyo Takagi, Takamasa S. Yamamoto, Shigenori Nonaka, and Naoto Ueno
“Cell movements of the deep layer of non-neural ectoderm underlie complete neural tube closure in *Xenopus*”
Development 139, 1417-1426. (2012).



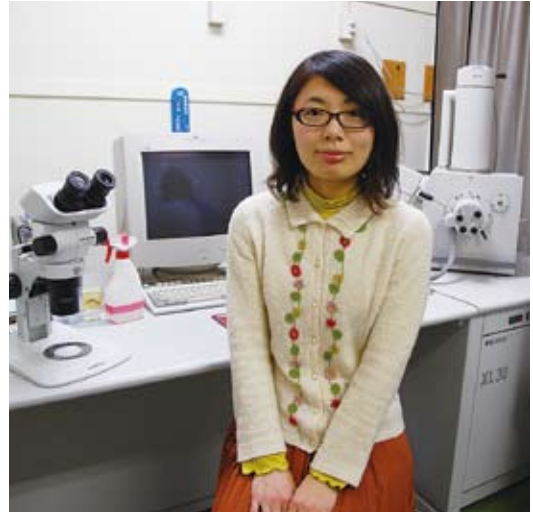
葉が平たい形に成長するメカニズムを解明

葉は光を受けてCO₂を吸収し、栄養分を作り出す光合成をおこなう場所です。葉は通常、平たい形で、表側と裏側に違いがありますが、これらは多くの光を集めて効率の良い光合成をおこなうために大事な特徴です。葉は、表裏方向へはあまり伸びず横方向への伸長がよく起こることで、平たい形に成長します。

近年のシロイヌナズナなどのモデル植物を用いた分子遺伝学的な研究から、表側と裏側それぞれの性質を決める一連の遺伝子群が、表裏の違いを生み出すだけでなく、横方向への成長にも関わることがわかってきました。しかしながら、横方向への成長を引き起こす詳しいしくみはわかっていませんでした。

植物器官形成学研究室の岡田清孝所長と中田未友希研究員らを中心とする研究グループは、葉がつくられる初期の過程において、表側領域と裏側領域の間の領域で働く2つの遺伝子(WUSCHEL-RELATED HOMEODOMAIN PRS ファミリーに属する*PRS*と*WOX1*)を見いだしました。2つの遺伝子を壊して機能を失わせると、葉の横方向への成長が阻害され、葉が細くなることがわかりました。また、*WOX1* 遺伝子を、葉の裏側で強制的に働かせると、本来成長が起らない場所であるにもかかわらず成長が引き起こされることがわかりました。

これらの結果より、この2つの遺伝子が表側領域と裏側領域の間で働くことにより、葉の横方向への成長を引き起こしていることが明らかとなりました。

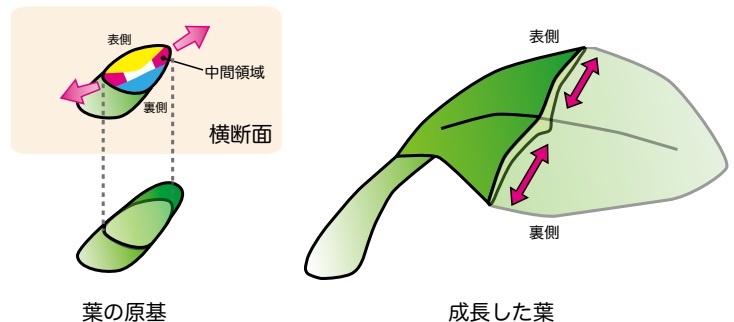


中田未友希研究員



*PRS*と*WOX1*の2つの遺伝子の機能が失われたシロイヌナズナ(右)では、正常な株(左)に比べて葉の横方向への成長が抑制され、葉が細くなる。

Miyuki Nakata, Noritaka Matsumoto, Ryuji Tsugeki, Enno Rikirsch, Thomas Laux, and Kiyotaka Okada
“Roles of the Middle Domain-Specific WUSCHEL-RELATED HOMEODOMAIN Genes in Early Development of Leaves in *Arabidopsis*”
The Plant Cell 24, 519-535. (2012).



将来の葉の表側になる領域(黄色)と葉の裏側になる領域(青)の間の中間領域(ピンク)において、*PRS*と*WOX1*の2つの遺伝子が働き、葉の横方向への成長を促していること、その結果、葉が平たい形に成長することを明らかにした。

脳の層構造を作る分子を発見

個体の発生過程において、神経管の内側で細胞分裂により誕生した未分化な神経細胞は、外側に向かって移動し正しい位置で止まることによって、脳が形成されます。移動中の神経細胞は、細胞外に分布する神経細胞を誘引、あるいは反発させる因子に反応して、正しい経路を選択することで、目的の場所に到達すると考えられています。一方、細胞内では、アクチンや微小管などから構成される細胞骨格のダイナミクスが細胞移動に必須の働きをしています。細胞表面で受け取った誘引因子や反発因子の情報は、最終的に細胞骨格に伝えられることで、それらの因子に反応した適切な細胞移動が生じると考えられています。しかしながら、このような細胞外からの情報を細胞骨格に伝える仕組みはよく分かっていません。

統合神経生物学研究部門の新谷隆史准教授と野田昌晴教授らはこれまでに APC2 (Adenomatous polyposis coli 2) が微小管に結合し、その安定性を制御することを明らかにしていました。

今回、研究グループは、APC2 遺伝子欠損マウスを作製し、脳神経系の異常について解析を行いました。その結果、大脳皮質、海馬、小脳、嗅球などの様々な脳の領域で、層構造が正常に形成されていないことを見出しました。そして、これらの層構造の異常は、誕生した神経細胞が秩序だった細胞移動を行えず、ランダムに移動することによって生じたことを明らかにしました。

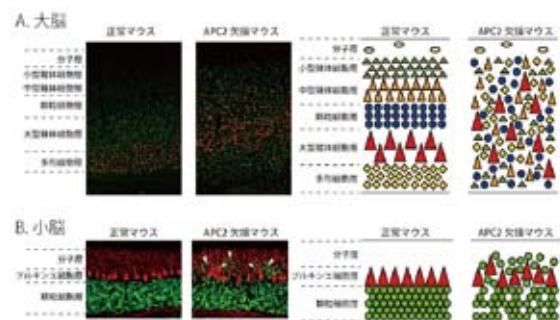
次に、発生期の APC2 欠損マウスの脳より神経細胞を取り出し、細胞移動について詳細な解析を行いました。すると、APC2 を欠損した神経細胞は、移動能（スピード等）の基本的な能力は保持していましたが、誘引性因子や反発性因子に反応して、運動を制御する能力を欠いていることを見出しました。また、APC2 が微小管に加えて、アクチン骨格にも結合し、その制御を行うことも新たに見出しました。APC2 はこのように、細胞外の情報を細胞骨格の制御に正しく伝えるという、非常に重要な役割を果たしていると考えられます。

これまで、誘引性因子や反発性因子の欠損、それら因子の受容体の異常、細胞骨格自身の形成異常等で正しい細胞移動が起こらないという報告はありましたが、今回のように情報の伝達に関わる分子が同定されたのは初めてのことです。

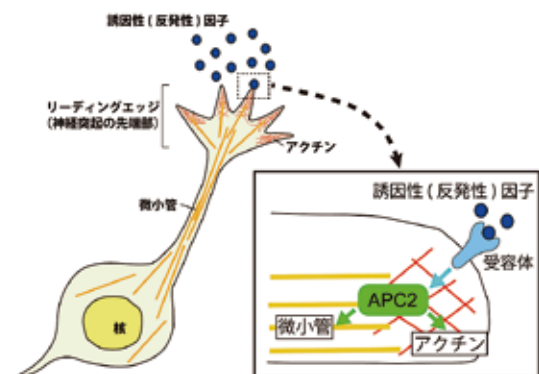
Takafumi Shintani, Yasushi Takeuchi, Akihiro Fujikawa, Masaharu Noda
 “Directional Neuronal Migration Is Impaired in Mice Lacking Adenomatous Polyposis Coli 2”
 The Journal of Neuroscience 32, 6468-6484. (2012).



新谷隆史准教授と野田昌晴教授



APC 欠損マウスの脳で観察される層構造の異常

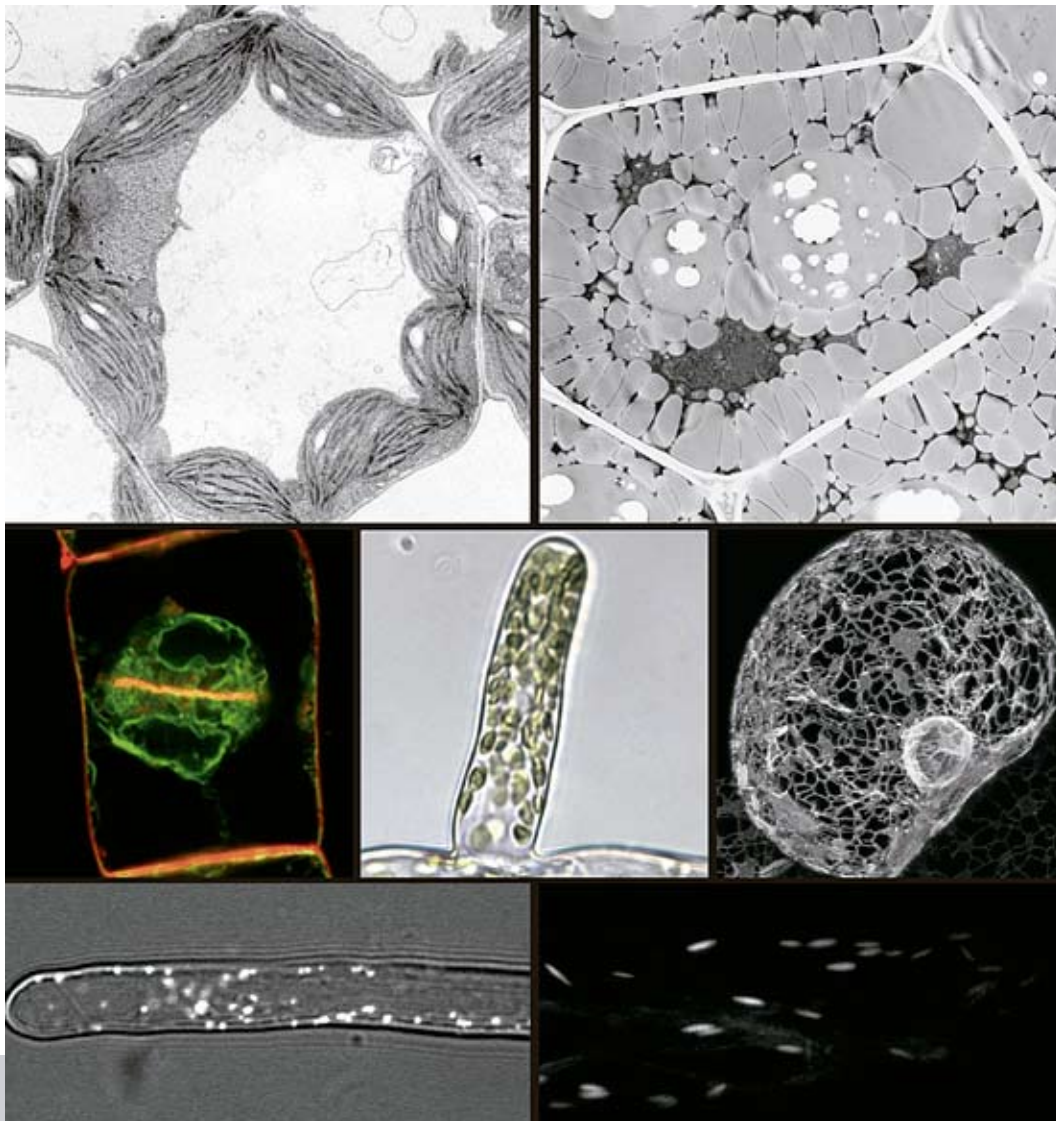


予想される APC2 のはたらき

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。



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
山田 (後藤) 志野

博士研究員
及川 和聡
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
CUI, Songkui
柴田 美智太郎

技術支援員
中井 篤
斎藤 美幸
中山 朋美
曳野 和美
義則 有美
山口 千波

事務支援員
上田 千弦

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「The Plant Organelles Database 2(文献 4)」の動画の一部。経時変化や環境刺激に伴うダイナミックなオルガネラの様子や細胞内の配置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。

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5）やRNAi法によってペルオキシソーム遺伝子の機能を低下させた植物体、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2）、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、GFPでペルオキシソームが可視化されたシロイヌナズナを親株として単離したペルオキシソーム変異株を用いて、ペルオキシソームの形成機構やタンパク質輸送機構の解析を進めている（図1、文献1）。

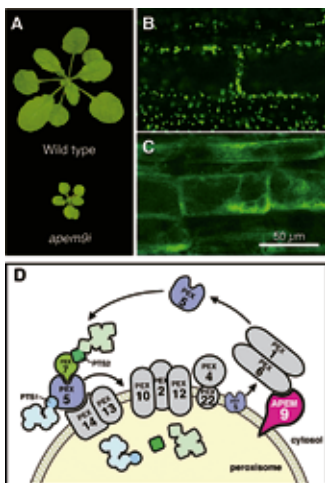


図1. ペルオキシソームタンパク質輸送異常による植物体への影響
APEM9という植物特異的な因子の機能を低下させた植物体は(apem9)、野生型(Wild type)に比べ矮性となる(A)。ペルオキシソームへの輸送シグナルを付加した緑色蛍光タンパク質(GFP)を発現させると、野生型ではGFPによりペルオキシソームが粒状の構造として観察されるのに対し(B)、apem9iでは、GFPの輸送が抑制されるためサイトゾルで蛍光が観察される(C)。このペルオキシソームへのタンパク質輸送には、様々な因子が関わっている(D)。

液胞、小胞体の機能交換

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。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(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、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(図2、文献3)。このほかにも、分子シャペロンであるHSP90の遺伝子変異に対する緩衝作用について研究を進めている。

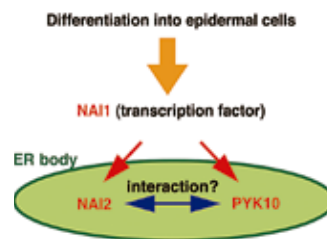


図2. ERボディ形成のモデル
転写制御因子NAI1は幼植物体の表皮細胞に発現し、ERボディ形成因子NAI2とERボディの主要なタンパク質PYK10の発現を誘導する。NAI2とPYK10は小胞体内で集合し、ERボディを形成する。Yamada et al. (2011) Plant Cell Physiol. 52, 2039-2049 より引用。

参考文献

- 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.
- Arai, Y., Hayashi, M., and Nishimura, M. (2008). Proteomic identification and characterization of a novel peroxisomal adenine nucleotide transporter supplying ATP for fatty acid β -oxidation. *Plant Cell* 20, 3227-3240.
- 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.
- 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.
- 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.

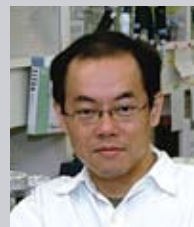
教授
西村 幹夫



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

博士研究員
垣田 満
岡本 暁

研究員
大西(小川) 真理
安江 奈緒子

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および根端メリステム活性の制御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 2)

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す

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)。

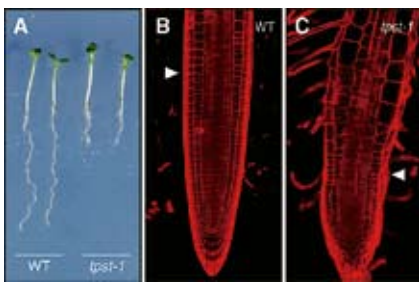


図 1. チロシン硫酸化酵素欠損株の表現型
野生型 (WT) に比較して欠損株 (*tps1-1*) では根が極端に短くなる (写真 A)。欠損株では細胞分裂の盛んなメリステム領域 (白色矢印より下の部分) が縮小している (写真 B, C)。この特徴的な根の形態は、チロシンが硫酸化されたペプチドが根の形成に必要であることを示している。

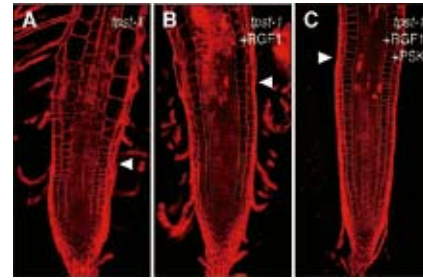


図 2. ペプチドホルモン RGF によるチロシン硫酸化酵素欠損株表現型の回復
欠損株 (*tps1-1*) ではメリステム領域が縮小しているが (写真 A)、RGF1 単独または RGF1 と PSK を同時に与えるとメリステム領域が正常レベルに回復する (写真 B, C)。RGF1 と PSK はいずれも硫酸化ペプチドである。

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。また、そのリガンド結合メカニズムの解明にも取り組んでいる (図 3)。

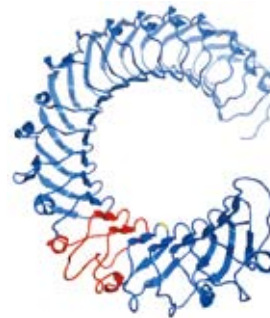


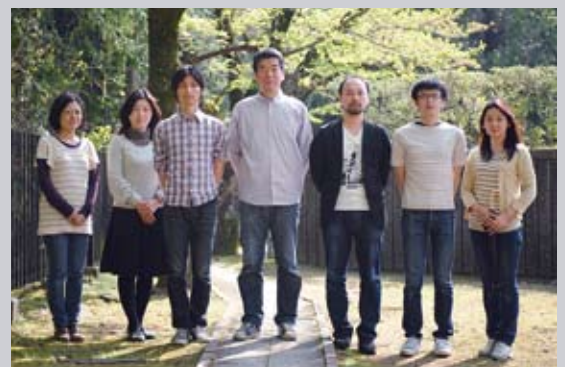
図 3. ペプチドホルモン受容体 BAM1 のリガンド結合部位
葉などの形態形成に関与する受容体 BAM1 のリガンド結合部位は、膜貫通領域から比較的離れた LRR6-LRR8 であることが明らかとなった。この部分に異変を導入すると結合活性が失われることも確かめられた (写真赤色部分)。

参考文献

- Shinohara, H., Moriyama, Y., Ohyama, K., and Matsubayashi, Y. (2012). Biochemical mapping of a ligand-binding domain within *Arabidopsis* BAM1 reveals diversified ligand recognition mechanisms of plant LRR-RKs. *Plant J.* (in press)
- 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.
- 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.
- 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.
- Ogawa, M., Shinohara, H., Sakagami, Y., and Matsubayashi, Y. (2008) *Arabidopsis* CLV3 peptide directly binds CLV1 ectodomain. *Science* 319, 294.

教授
松林 嘉克

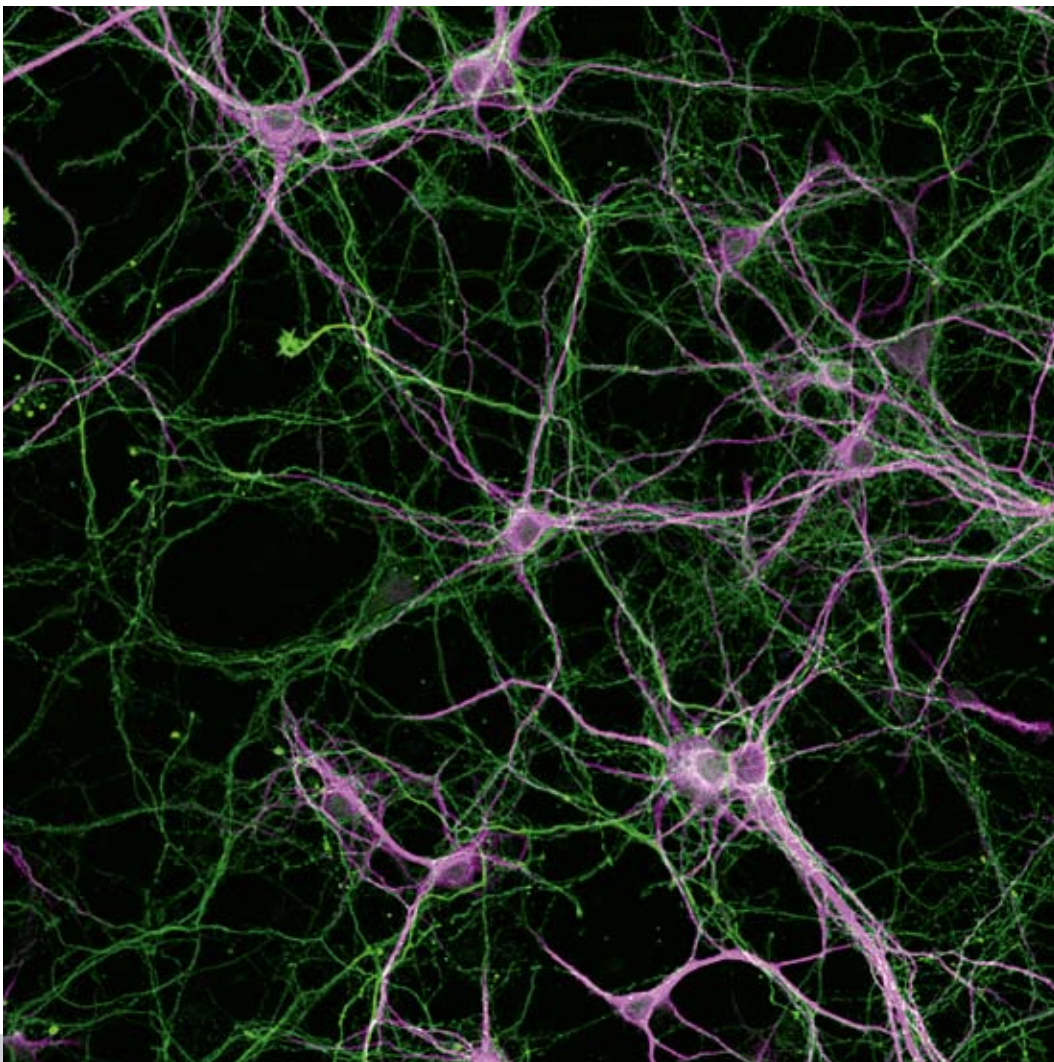
助教
篠原 秀文



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。



Members

准教授
椎名 伸之

助教
中山 啓

技術支援員
松田 知里

マウス脳の神経培養細胞

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。

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。

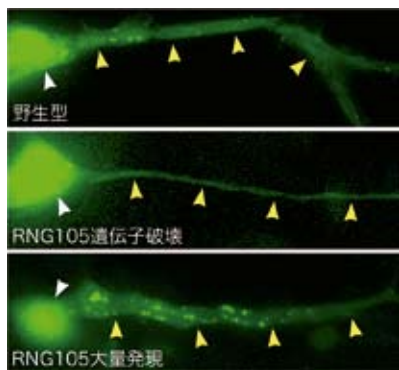


図 1. RNG105 による神経樹状突起への mRNA 輸送
野生型の神経細胞 (上)、RNG105 遺伝子を破壊した神経細胞 (中)、および RNG105 を大量発現した神経細胞 (下) 内で特定の mRNA を緑色に光らせた (FXD1 mRNA に緑色蛍光タンパク質 (GFP) を結合している)。細胞体 (白矢頭) から樹状突起 (黄矢頭) への mRNA 輸送は、RNG105 遺伝子破壊神経では減少し、逆に RNG105 大量発現神経では増加している。

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。

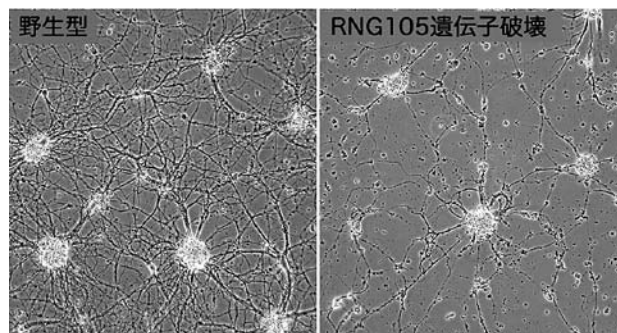


図 2. RNG105 遺伝子破壊による神経ネットワークの貧弱化
野生型 (左) および RNG105 遺伝子破壊 (右) マウスの大脳神経細胞を培養したものを示す。白い固まりは細胞体が複数集まったもので、そこから突起が伸びてネットワークを形成している。

mRNA 輸送様式は一つだけか？

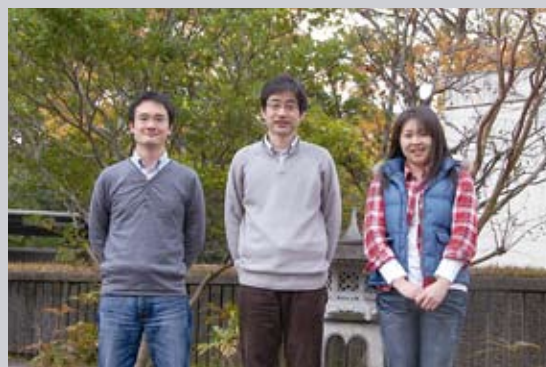
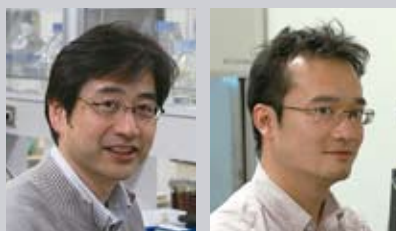
我々は RNG105 のホモログ RNG140 の解析も進めている。RNG140 も RNA 結合タンパク質であるが、RNG105 とは全く異なる RNA granule を形成して神経樹状突起に局在することを明らかにした (文献 2)。おそらく RNA granule は複数種類存在し、それぞれが異なる機能と制御メカニズムを持っていると予想される。今後、RNG140 が形成する RNA granule に含まれる mRNA を同定するとともに、RNG140 遺伝子破壊などによる機能解析をおこなうことによって、RNA granule の多様性の解明を目指す。

参考文献

1. Shiina, N., Yamaguchi, K., and Tokunaga, M. (2010). RNG105 deficiency impairs the dendritic localization of mRNAs for Na⁺/K⁺ 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



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。

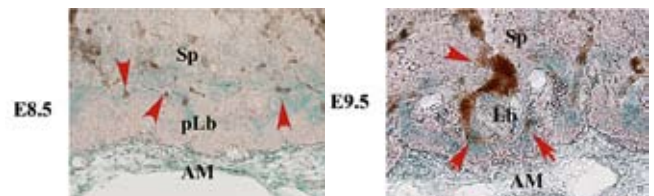


図 1. 胎盤での母親の血流の出来る様子
狭い細胞間隙を広げて母親の血流（赤の鎌）が胎盤の奥まで作られる。Notch2 は血流の先端部にある栄養芽細胞で強く発現している（青い部分）。

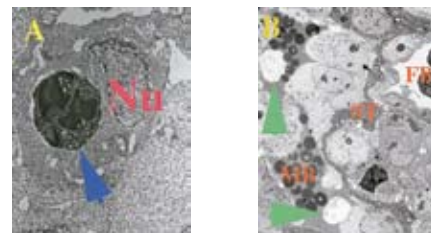


図 2. マウスの胎盤で見られる細胞死の電子顕微鏡像
(A) 栄養芽細胞が他の栄養芽細胞（青の鎌）を取り込んで消化している。この細胞死は母親の血流形成とは無関係であることは判明している。
(B) 母親の血液に接している栄養芽細胞が膨潤して、細胞死を起こしている（緑の鎌）。母親の血液（MB）は多核の栄養芽細胞（ST）によって子供の血液（FB）とは混ざらないようになっている。

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

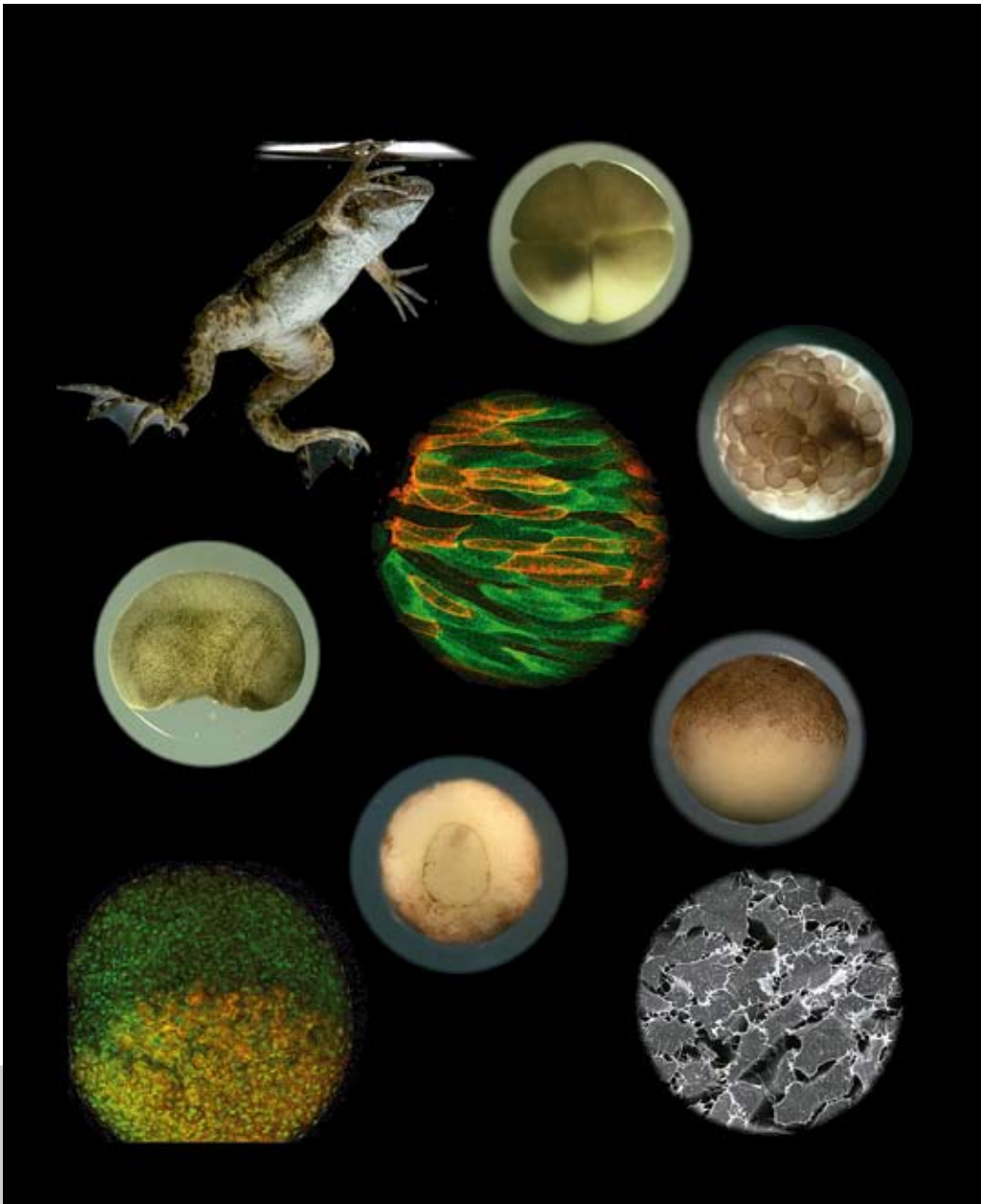
技術支援員
樫田 尚子





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
鈴木 美穂

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。

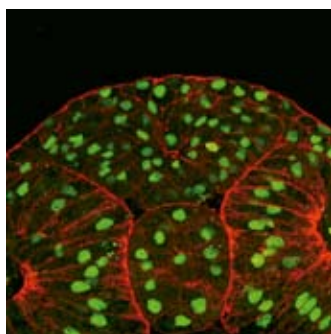


図1. アフリカツメガエルの神経管と脊索
神経管は胚の背側(写真上部)に折りたたまれるように形成される。神経管下部に位置する円柱状の構造が脊索。

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)。

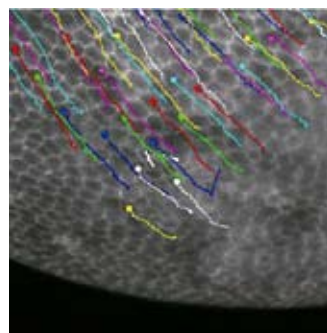


図2. 胚細胞移動の追跡
光シート型顕微鏡 DSLM を用いたリアルタイム画像の取得と細胞の移動方向や速さの解析。

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

- Morita, H., Kajiura-Kobayashi, H., Takagi, C., Yamamoto, T.S., Nonaka, S. and Ueno, N. (2012). Cell movements of the deep layer of non-neural ectoderm underlie complete neural tube closure in *Xenopus*. *Development* 139, 1417-1426.
- Tao, H., Inoue, K., Kiyonari, H., Bassuk, A.G., Axelrod, J.D., Sasaki, H., Aizawa, S. and Ueno, N. (2012). Nuclear localization of Prickle2 is required to establish cell polarity during early mouse embryogenesis. *Dev. Biol.* 364, 138-148.
- 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.
- 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.
- 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.

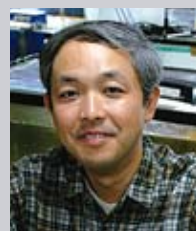
教授
上野 直人



准教授
木下 典行



助教
高橋 弘樹



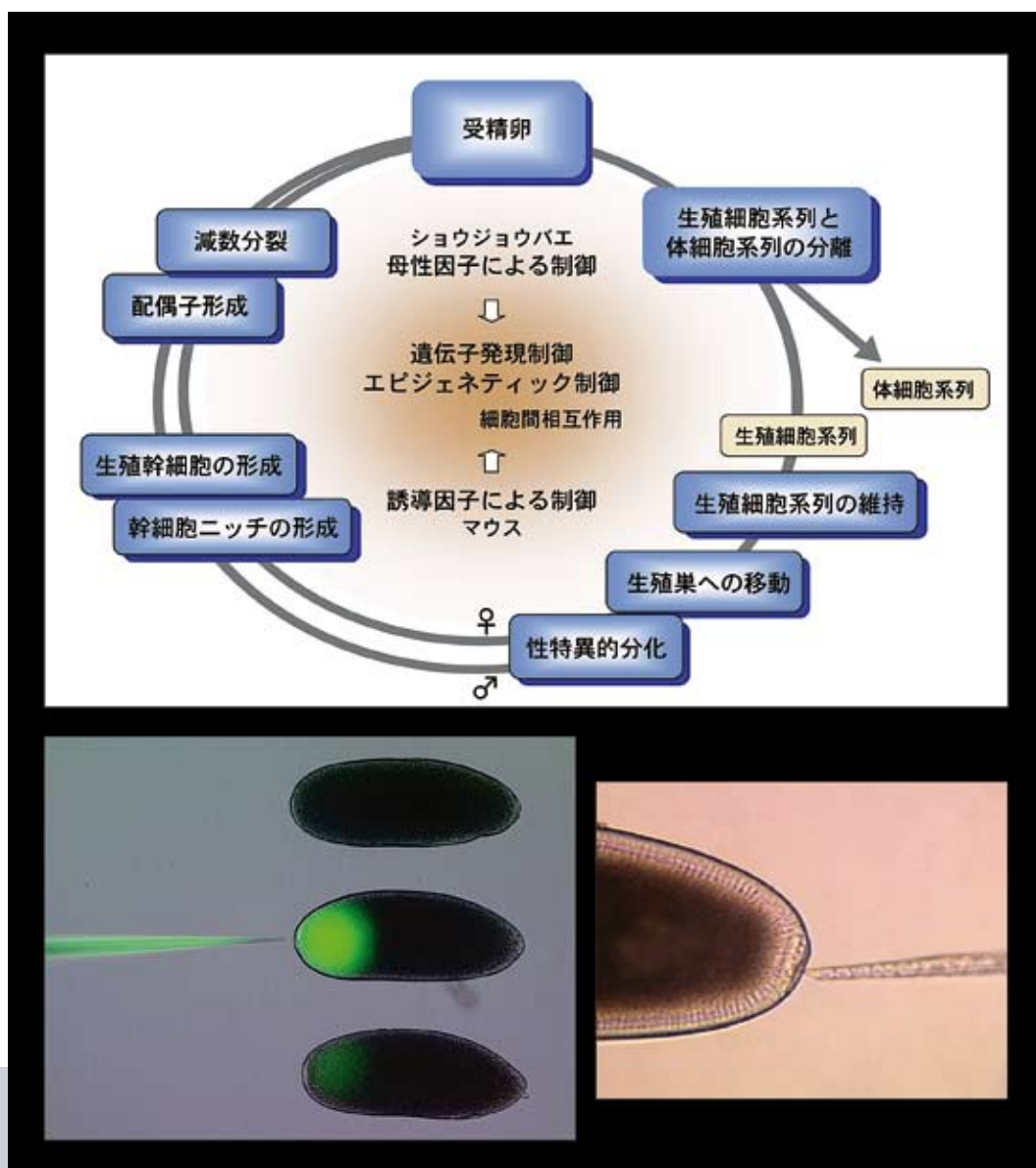
助教
鈴木 誠



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

NIBB リサーチフェロー
太田 龍馬

博士研究員
藤澤 千笑

総合研究大学院大学
大学院生
杉山 ありさ
篠塚 裕子

特別共同利用研究員
大原 裕也
(静岡県立大学)

特別協力研究員
後藤 彩子

技術支援員
佐藤 香織
山本 真奈美
鷲尾 みどり

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。

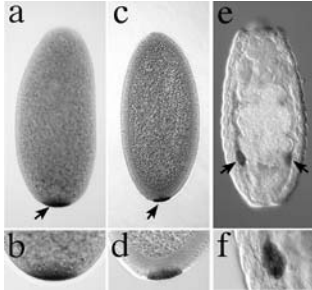


図1. ショウジョウバエ胚における生殖細胞形成過程
卵割期胚の後極の極細胞質(a中の矢印)は、胚中期に極細胞中に取り込まれる(c中の矢印)。極細胞は、やがて生殖巣中に移動し(e中の矢印)、成虫の生殖巣中で配偶子形成過程を経た後、卵や精子に分化する。

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6)。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5)。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4)。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(文献2、3)。

生殖細胞の性を決める機構

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? 私たちは、生殖細胞の雌化を支配する遺伝子としてSex lethal(*Sxl*)遺伝子を同定した(文献1)。現在、*Sxl*下流の遺伝子カスケードを明らかにすることを試みている。

この他にも、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。また、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。

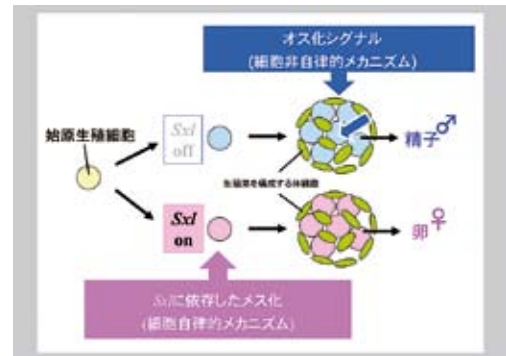


図2. 生殖細胞の性決定モデル

雌胚の始原生殖細胞では、*Sxl*遺伝子が発現し雌化を誘導する。一方、オスの始原生殖細胞は、生殖巣を構成する体細胞からのシグナルによりオス化する。

参考文献

1. Hashiyama, K., Hayashi, Y., and Kobayashi, S. (2011). *Drosophila Sex lethal* gene initiates female development in germline progenitors. *Science* 333, 885-888.
2. 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.
3. 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.
4. 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.
5. 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.
6. 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.

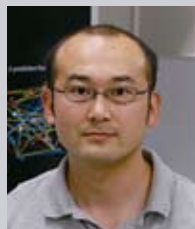
教授
小林 悟



助教
林 良樹

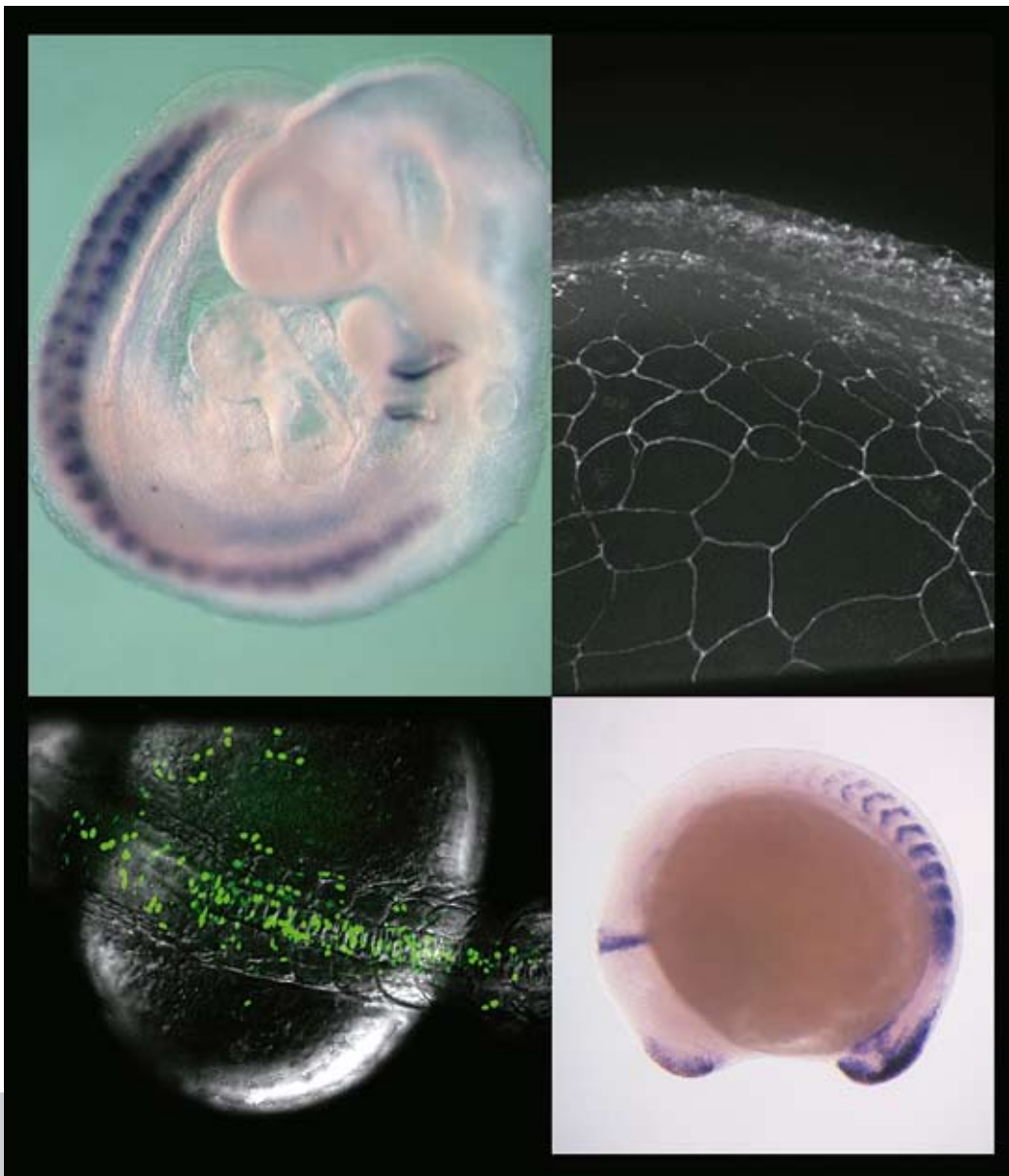


助教
佐藤 昌直



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
三井 優輔

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
伊藤 由紀子

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。

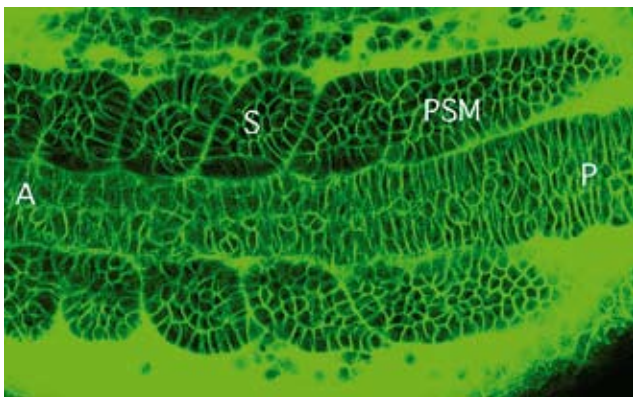


図1. ゼブラフィッシュの体節

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

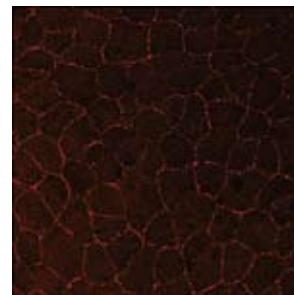


図2. Wnt タンパク質の細胞外への分泌
アフリカツメガエル胚で発現させた Wnt-3a タンパク質(赤いシグナル)の免疫染色像を示す。分泌された Wnt タンパク質は細胞外タンパク質と相互作用をすることにより濃度勾配を形成しながら拡散していくものと考えられている。

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、脂肪酸修飾が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. Chen, Q., Takada, R., and Takada, S. (2012) Loss of *Porcupine* impairs convergent extension during gastrulation and Wnt5 trafficking in zebrafish. *J. Cell Sci.* (in press)
2. 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.
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. 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
5. 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.

教授
高田 慎治



助教
矢部 泰二郎

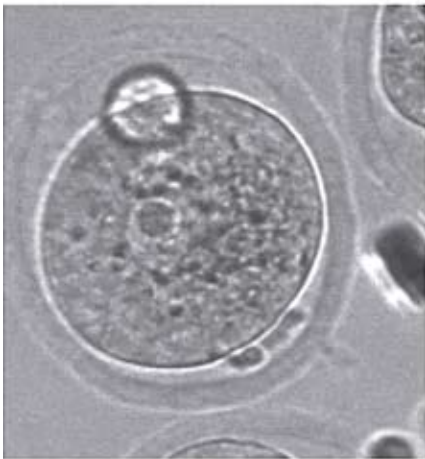


助教
三井 優輔



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上がり、様々に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
樋口 陽子

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を作られる。
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

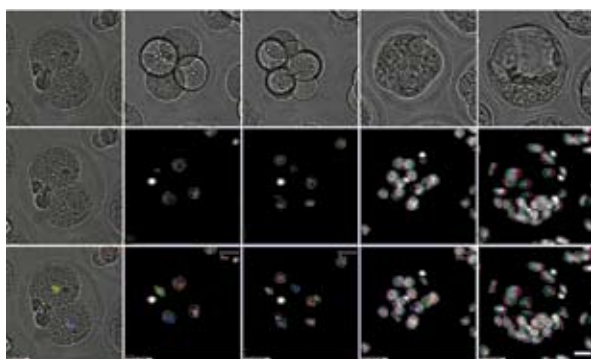


図1. 全ての細胞の核をヒストンH2B 融合EGFPで標識したマウス胚を顕微鏡下で培養、連続観察した例
核には番号を付け、追跡を行った。

ると、時間軸を自由に往来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。

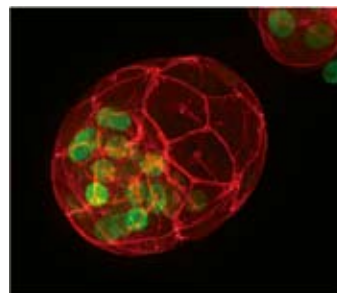


図2. 胚盤胞における細胞分化の例。
緑色で染まっているNanogタンパク質は将来体になる内部細胞塊に局在する。赤はフロキシジン染色による細胞の形態の可視化。

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. Koyama, H., Umeda, T., Nakamura, K., Higuchi, T., and Kimura, A. (2012). A High-Resolution Shape Fitting and Simulation Demonstrated Equatorial Cell Surface. Softening during Cytokinesis and Its Promotive Role in Cytokinesis. PLoS ONE, 7(2), e31607
2. Abe, T., Kiyonari, H., Shioi, G., Inoue, K., Nakao, K., Aizawa, S., and Fujimori, T. (2011). Establishment of conditional reporter mouse lines at ROSA26 locus for live cell imaging. Genesis, 49(7), 579-90.
3. Shi, D., Komatsu, K., Uemura, T., and Fujimori, T. (2011). Analysis of ciliary beat frequency and ovum transport ability in the mouse oviduct. Genes to Cells, 16, 282-90.
4. Fujimori, T. (2010). Preimplantation development of mouse: A view from cellular behavior. Dev. Growth and Differ. 52, 253-262.
5. 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.
6. 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.

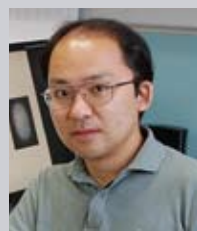
教授
藤森 俊彦



助教
豊岡 やよい

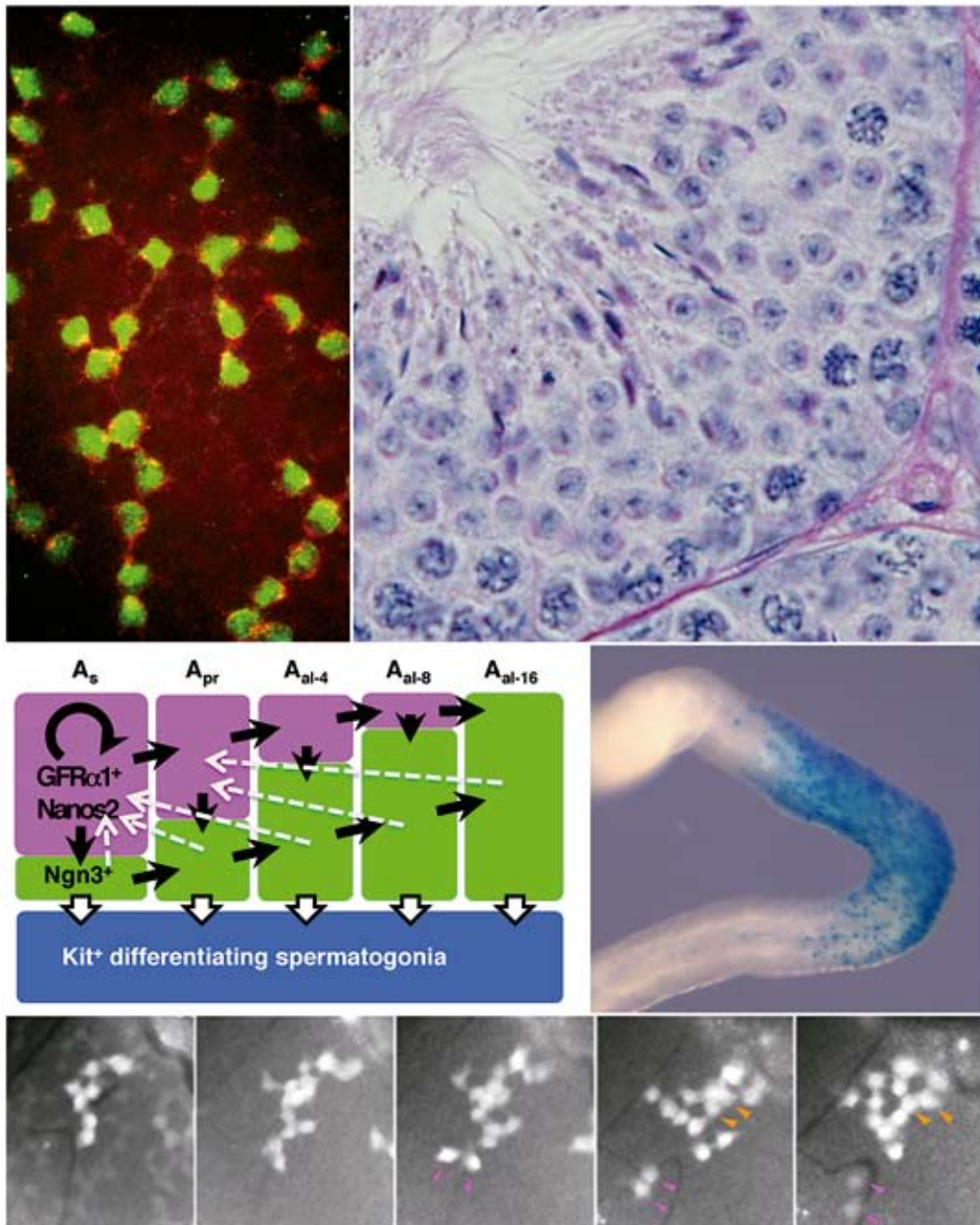


助教
小山 宏史



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し、確実に子孫を残す。一方、一つ一つの精子は、遺伝情報を正しく複製して次世代に伝える。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いか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

総合研究大学院大学
大学院生
伊神 香菜子
徳江 萌
野波 祐太

技術支援員
稲田 加奈
丸山 亜裕美

事務支援員
久保木 悠子

マウス精巣と精子幹細胞のさまざまなイメージ。
 (上左) 分化しつつある精原細胞のホールマウント免疫蛍光染色像。(上右) 精巣の組織切片のPAS-ヘマトキシリン染色像。(中左) 精子形成幹細胞システムの概念図。(中右) 一つの幹細胞に由来する子孫細胞のX-gal染色像。(下) 生きた精巣での幹細胞の断片化のライブイメージング連続撮影像。
 図の一部は文献2より転載

精子幹細胞を探索する

精巣で作られる精子は、次の世代に命を伝える。この根源的な営みは、精子幹細胞が支えている。幹細胞は、自己複製と分化の絶妙なバランスをとり、精子が枯渇することも、未分化細胞が溜ることもなく、一生にわたって精子を作り続ける。では、精巣の中で、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、精子形成とその幹細胞についての組織形態学的基礎が確立された。今、私たちは、ライブイメージングやパルス標識といった、当時は不可能だった方法によって時間のスケールを導入し、細胞の挙動を解析することが出来る。これらの方法論を用いて精子幹細胞の正体とその動態を問い直した結果、教科書とは違う精子幹細胞の姿が見えて来ている。

分化に向かった細胞が逆戻り

従来、成体精巣の中で「As 細胞」と呼ばれる未熟な細胞が幹細胞であると考えられて来た。我々は、ライブイメージングなどにより、As から分化に向かった細胞も幹細胞の潜在能力を維持していて、組織が障害を受けた時などには高頻度で幹細胞に戻って自己複製することを明らかにした。(文献 2, 4)

幹細胞は次々と入れかわる

幹細胞は、精巣の中の特別な場所（ニッチ）で大切に守られ、分裂する時は、一つの幹細胞と一つの分化細胞が生まれると信じられて来た。しかし、幹細胞の運命を丁寧に追跡したところ、幹細胞は平均寿命2週間以下という予想外に高い頻度で失われ、その分は、隣の幹細胞が増えることによって補われて、次々と入れ替わっていることが分かった。(文献 3)

幹細胞の居場所が明らかに

ほ乳類の精子形成は、精巣被膜に包まれている精細管で起こる。精細管は単調な管で、幹細胞ニッチを連想させる特別な構造を持たない。われわれは、幹細胞や初期の前駆細胞が、精細管の中でも血管に近接する部分に局在し、分化とともに精細管全体にちらばることを発見した(図；文献 5)。現在、この領域の分子的、細胞的実体の解明を目差している。

幹細胞の周期的分化

精巣内で近くにある精子幹細胞の分化は、同調して起こる。興味深いことに、この分化は 8.6 日ごとの周期を刻む。我々は、レチノイン酸の合成が周期的に起こることが引き金となって、この周期的分化が起こるというモデルを提唱している(文献 1)。

幹細胞システムの全体像を理解する

このように、精子幹細胞の新しい姿が垣間見えてくる。本部門の目下の課題は、以上のような断片的な知識を総合して幹細胞システムの全体像を理解することである。数理的解析、培養細胞を用いた解析、突然変異体の解析など、そのために有効な方法論は取り入れている。

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？

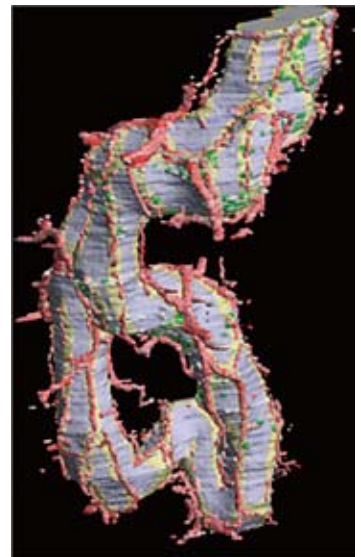


図 1. 精細管の立体再構成
幹細胞(緑)は、精細管の中で血管(赤)付近に偏る。文献 5 より転載。

参考文献

1. Sugimoto, R. Nabeshima, Y. and Yoshida, S. (2012). Retinoic acid metabolism links the periodical differentiation of germ cells with the cycle of Sertoli cells in mouse seminiferous epithelium. *Mechanisms of Development* 128, 610-24
2. 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.
3. 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.
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., Sukeno, M., and Nabeshima, Y. (2007). A vasculature-associated niche for undifferentiated spermatogonia in the mouse testis. *Science* 317, 1722-1726.

教授
吉田 松生



助教
北館 祐



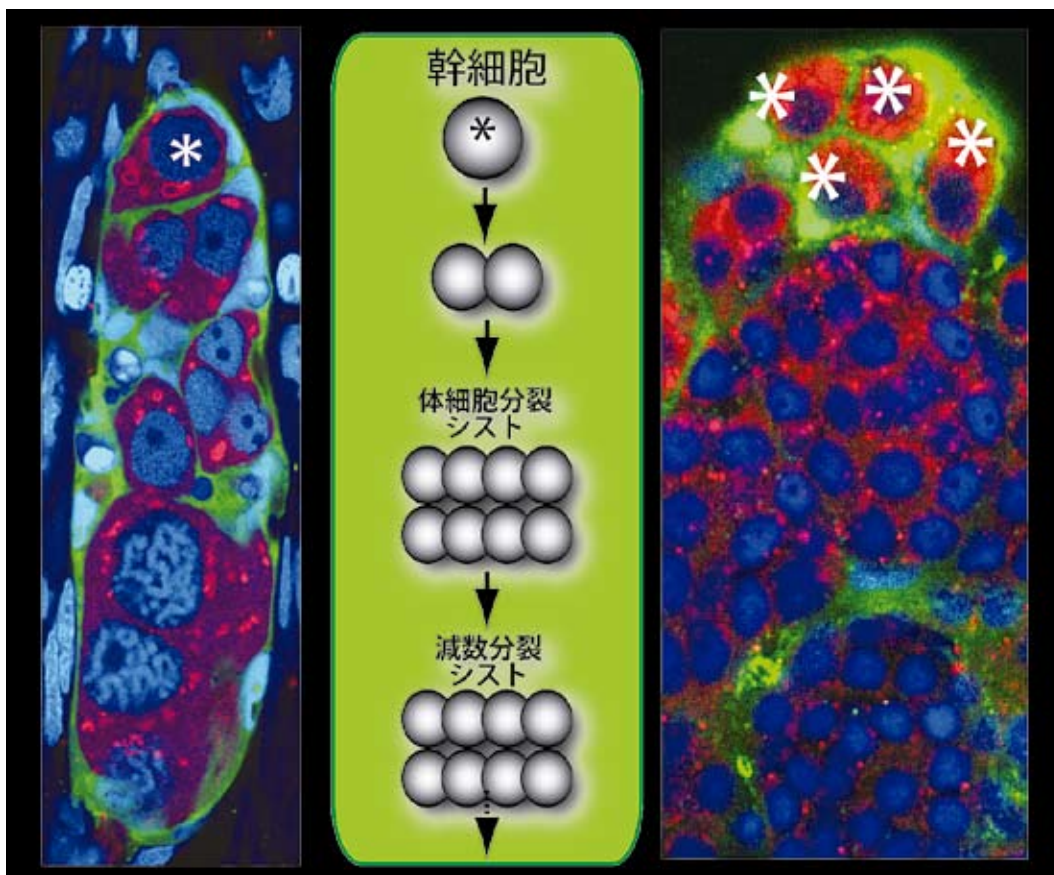
助教
原 健士朗



性の原理と生殖幹細胞制御を

遺伝子・細胞レベルで探る

性分化・性転換など、"性"にまつわる多彩な生物現象の多くは生殖腺の性によっている。その生殖腺の性は、生殖幹細胞から配偶子形成までの制御と深く関与することが明らかとなりつつあり、ここを変化させることで通常では性転換しない動物も性転換が生じる。性は可塑的なのである。この可塑的な性の原理ともいべき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

大学院生
西村 俊哉
栄 雄大

技術支援員
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6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的であり、シグナル因子の受容体遺伝子 *amhrII* が関与することが判明した（図1：文献1, 5）。

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

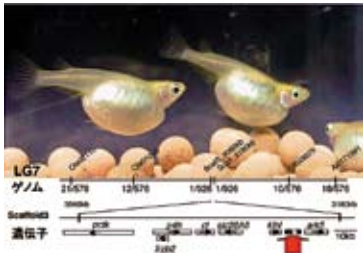


図1. 生殖細胞が増殖して雌へと性転換をおこす突然変異体メダカ、*hotei* (布袋) 大きく膨らんだお腹は雄でありながら卵巣で満たされている。ゲノム上の赤い遺伝子 (*amhrII*) に突然変異が生じて雌化することが解明された。

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4）。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、*amhrII* 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3）。

雌雄共通構造？- 卵巣生殖幹細胞の発見

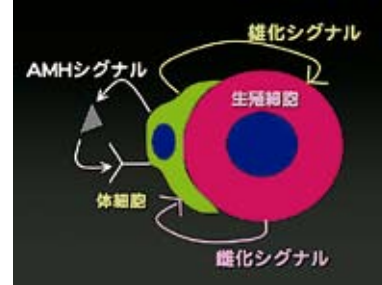


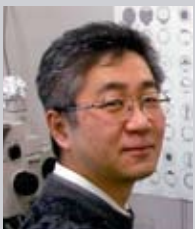
図2. 生殖細胞と性の関係
生殖細胞がないと体細胞は自律的に雄化するが、通常は生殖細胞からシグナルにより雌化が引き起こされる。一方、Y染色体が存在すると体細胞の「雄性」が増強され、生殖細胞も雄化すると予想される。AMHシグナルはこの2つのシグナルを調整していると考えられる。

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1,2）。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、そこで分子機構の詳細を解明中である。

参考文献

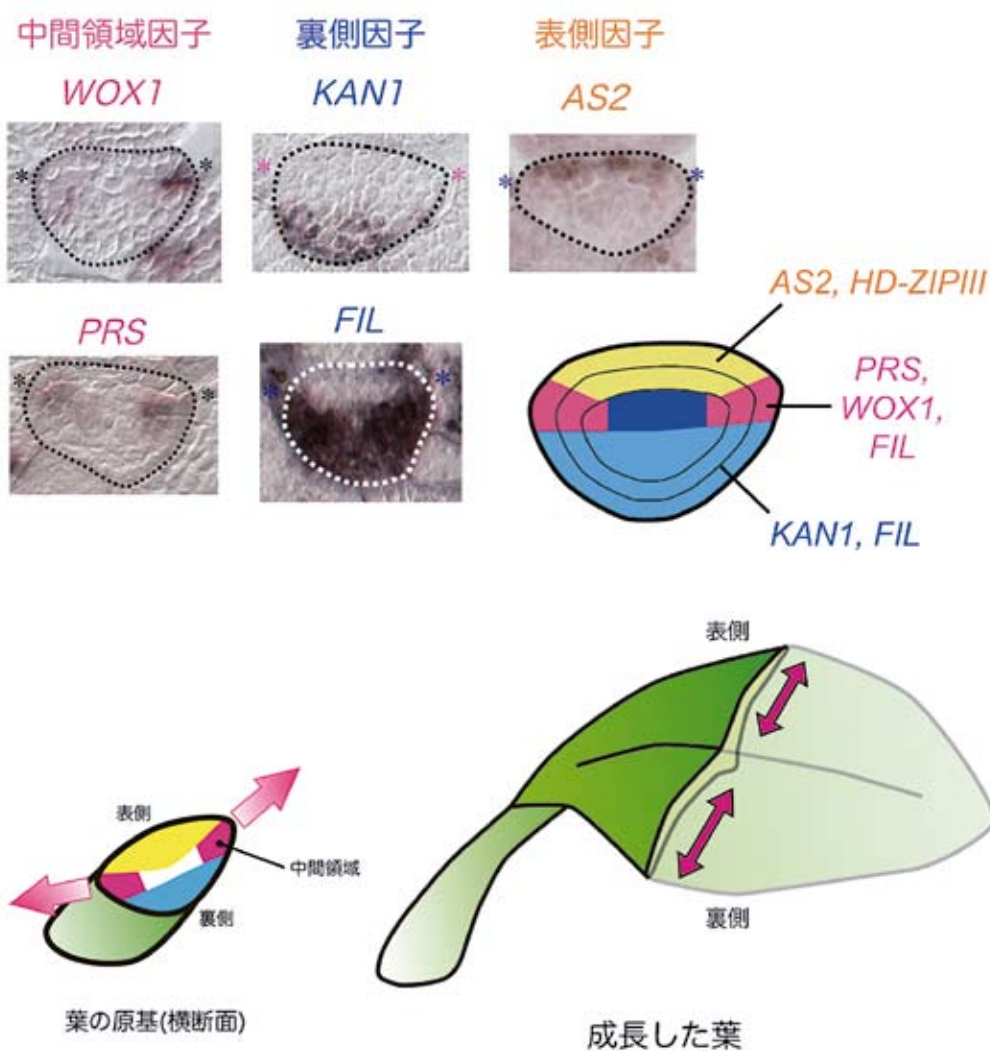
1. Nakamura, S., Watakabe, I., Nishimura, T., Pacard, J-Y., Toyoda, A., Taniguchi, Y., di Clemente, N. and Tanaka, M. (2012) Hyperproliferation of mitotically active germ cells due to defective anti-Mullerian hormone signaling mediates sex reversal in medaka. *Development* (in press)
2. Nakamura, S., 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.
3. Saito, D., and Tanaka, M. (2009). Germ cells are essential for sexual dimorphism in the medaka gonad. *Sex. Dev.* 104, 16958-16963.
4. 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)
5. 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)
6. 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。



Members

所長
岡田 清孝

助教
立松 圭

博士研究員
中田 未友希
矢部 公彦

特別共同利用研究員
為重 才覚
(京都大学)

技術支援員
都築 夕美子
松本 美和子

事務支援員
坂神 真理

葉は、細胞分裂をもっぱら横方向に繰り返すことにより、薄くて広い形に成長する(右下図矢印)。葉の原基は表側因子と裏側因子がそれぞれ発現する領域に加えて、その両者に挟まれた *PRS* 遺伝子と *WOX1* 遺伝子が発現する中間領域の3つに分けられる(上図)。表側領域、中間領域、裏側領域それぞれの性質を司る制御遺伝子が互いに拮抗的に作用することで、葉の発生初期段に3領域の正しいパターンが形成される。葉の横方向に偏った成長は中間領域で *PRS* と *WOX1* 遺伝子が働くことにより促される(左下図)。

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。しかし、葉の表裏の区別を生じる仕組みは長く謎のままである。

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。*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いない。*ENF1* 遺伝子はコハク酸セミアルデヒド (SSA) 脱水素酵素をコードしており、SSA またはその代謝産物が葉の表裏領域決定に関与していることを示した (Toyokura *et al.* 2011)。茎頂分裂組織に形成された直後の葉原基ではすべての細胞が裏側領域に属しているが、原基の成育とともに表側領域が拡大する。裏側領域が大きくなった *enf2* 突然変異体では、表側領域の拡大過程が遅れることがわかった。現在、*enf2* 変異の原因遺伝子を同定して、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て、これらマイクロRNAが、どのような仕組みで裏側領域の細胞だけで機能しているのか、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て、この2つの遺伝子は葉原基の周縁部で発現しており、その発現領域は葉の表側・裏側それぞれに分化する領域に挟まれていることが明らかになった (中間領域、左ページ図)。分子遺伝学的解析から、*PRS* と *WOX1* は葉の横方向への成長を引き起こすことがわかっていて、こうしたことから、葉の発生の初期段階で、葉の表側・裏側領域だけでなく、*PRS* と *WOX1* が働く中間領域も含めた3領域が決定されることで葉の正常な分化が起こるという新しいモデルを提唱した (Nakata *et al.* 2012)。

茎頂分裂組織の機能に関わるペプチド

一方、生化学的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している。シロイヌナズナ幼植物に精製したペプチド画分を投与し、形態変化を指標に、生理活性を持つ画分を精製した。その結果、茎頂分裂組織の数を増やす効果を示す画分が得られた (図1)。LC-MS/MSによって画分に含まれるペプチドの配列を決定し、その配列を元に作成した大腸菌組換えタンパク質をシロイヌナズナに投与したところ、同様に茎頂分裂組織の数が増加した。現在、分子遺伝学的手法を用いて、得られたペプチド候補遺伝子の茎頂分裂組織における役割を調べている。

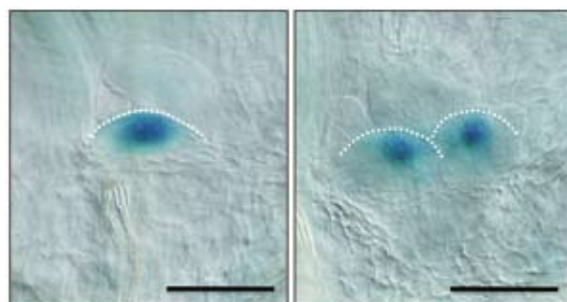


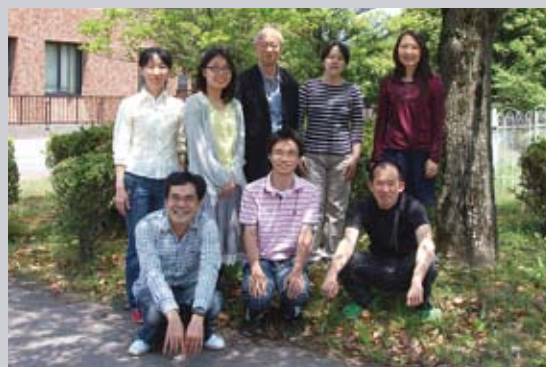
図1. 上記のペプチド画分を投与したシロイヌナズナ茎頂 (右) と未処理の茎頂 (左) 青色は茎頂分裂組織で発現する *CLV3* 遺伝子の発現を表す。白い破線は茎頂分裂組織を示す。

参考文献

1. Toyokura, K., Hayashi, M., Nishimura, M., and Okada, K. (2012) Adaxial-abaxial patterning: A novel function of the GABA shunt. *Plant Signal. Behav.* (in press)
2. Nakata, M., Matsumoto, N., Tsugeki, R., Rikirsch, E., Laux, T., and Okada, K. (2012) Roles of the middle domain-specific *WUSCHEL-RELATED HOMEBOX* genes in early development of leaves in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 24. 519-535.
3. Sakai, T., Mochizuki, S., Haga, K., Uehara, Y., Suzuki, A., Harada, A., Wada, T., Ishiguro, S., Okada, K. (2012). The *WAVY GROWTH 3 E3* ligase family controls the gravitropic response in *Arabidopsis* roots. *Plant J.* 70, 303-314.
4. 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.* 52, 1628-1640.
5. 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.

所長
岡田 清孝

助教
立松 圭

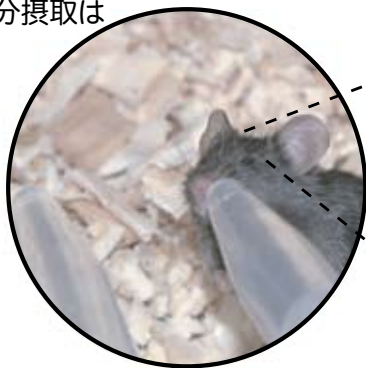


中枢神経の発生・分化から

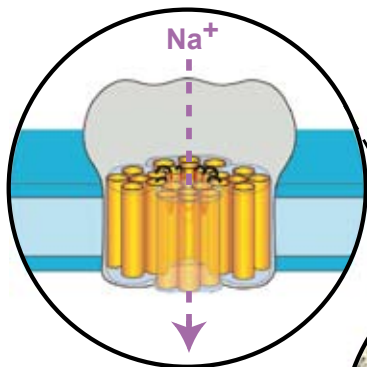
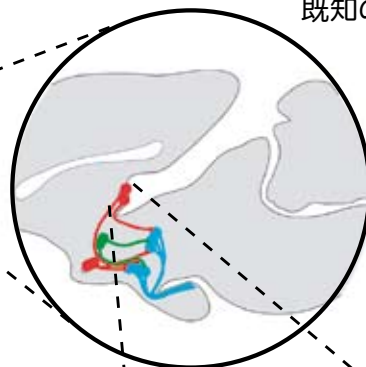
成体脳機能の発現制御まで

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、主にマウスをモデル動物として、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。

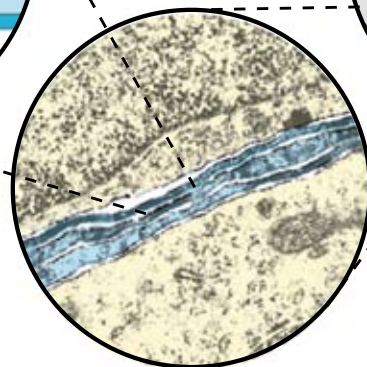
脱水状態において体液のNaレベルが上昇すると、マウスは水分摂取を行う一方で塩分摂取は避ける



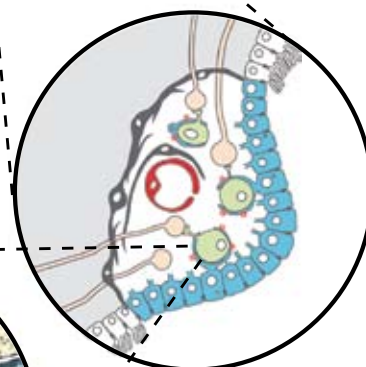
体液Naレベルの感知と塩分摂取行動制御の中樞である脳弓下器官からの既知の神経連絡



体液Naレベルを感知するセンサー分子、 Na_x チャンネル



グリア細胞の突起(青)に Na_x の存在を示すシグナルが見られる



脳弓下器官では 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

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
松本 匡史

総合研究大学院大学
大学院生
桜庭 寿一
松田 隆志

技術支援員
三浦 誓子
同京 由美
中西 規恵
和田 琴恵

事務支援員
小玉 明子

体液恒常性維持のための脳内機構

体液恒常性を維持するため、哺乳類の脳には体液の 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)。

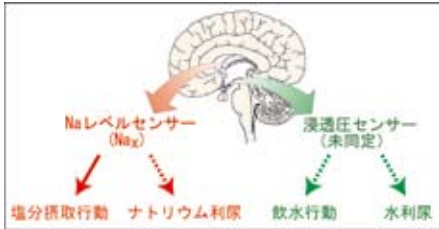


図 1. 体液恒常性維持のための脳内機構
点線で示した経路は、まだ解明されていない。

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_x チャンネルを見出し、これが体液中の Na⁺ 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を担っていることを明らかにしてきた。また最近、Na_x 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を報告した。

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・分泌の制御機構の詳細を明らかにする研究を展開している。

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、遺伝子変換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。またプロテインチロシンキナーゼを基質とする RPTP に対して、疾病との関わりについても研究を開始した。

脳神経系の形成を制御する分子機構

視覚系においても視中枢に対して特異的な神経結合が形成される。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。視神経投射の過程では、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、更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。

現在、移動中の神経細胞の先導突起や神経軸索の成長円錐において、外環境情報を細胞骨格のダイナミクスに反映する情報伝達機構の解明を目指している(図 2)。

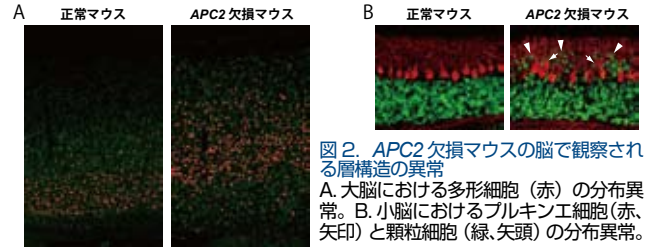


図 2. APC2 欠損マウスの脳で観察される層構造の異常
A. 大脳における多形細胞 (赤) の分布異常。
B. 小脳におけるプルキンエ細胞 (赤、矢印) と顆粒細胞 (緑、矢印) の分布異常。

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ことは困難であった。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、上向きの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。

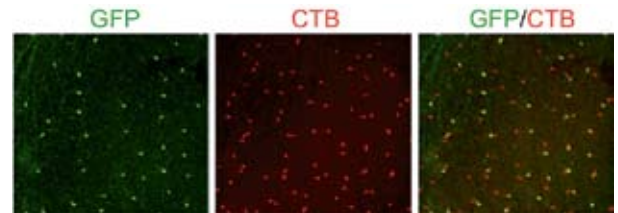


図 3. SPIG1-GFP ノックインマウスの網膜
内側核投射細胞を CTB で逆行性にラベルしている (赤)。GFP 陽性細胞 (緑) は、CTB で染まった RGC (赤) の半分を占め、網膜内でモザイク状に分布している。残り半分の RGC (赤) は下向きの光移動の情報を伝えている。

参考文献

- 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 hypernatremia. *Neuron* 66, 508-522.
- Shimizu, H., Watanabe, E., Hiyama, T.Y., Nagakura, A., Fujikawa, A., Okado, H., Yanagawa, Y., Obata, K., and Noda, M. (2007). Glial Na_x channels control lactate signaling to neurons for brain [Na⁺] sensing. *Neuron* 54, 59-72.
- 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.
- 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.
- 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.

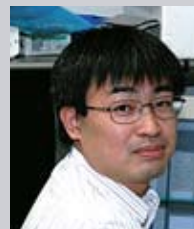
教授
野田 昌晴



准教授
新谷 隆史



助教
作田 拓

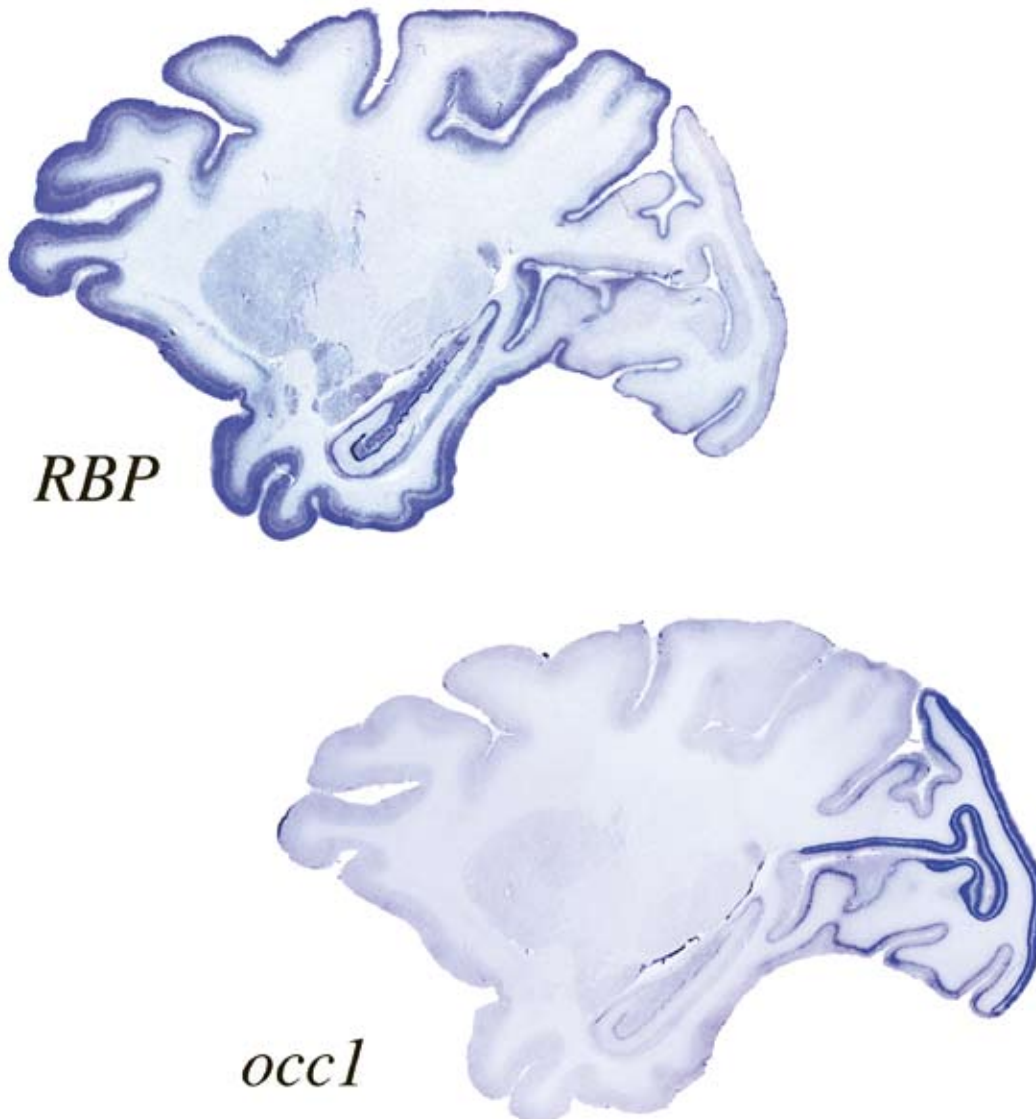


助教
檜山 武史



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ナリ科では約 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
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
高橋 陽一

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、それぞれの役割分担を担う区分(領野)がある。私達は、霊長類(マカカ属)大脳皮質の代表的領野間で発現に顕著な差が見られる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、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(occipital1)を見出した。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。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。

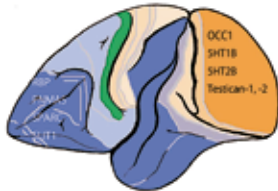
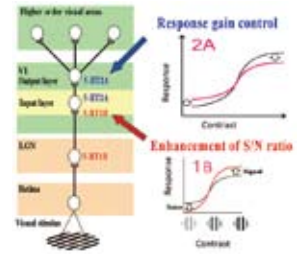


図1. ブロードマン領野(オナガザル)に於ける遺伝子発現パターン(オレンジ色:一次感覚野, 青色:連合野)

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 landmark cDNA 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で、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。霊長類視覚野で特に顕著な発現パターンを示すものは、OCC1、セロトニン受容体5HT1Bと5HT2A、OCC1ファミリーのうち tetstican(SPOCK)1-, -2がある。大阪大学の佐藤宏道教授研究室との共同研究により、5HT1Bは、霊長類一次視覚野で、視覚入力のシグナル/ノイズ(S/N)比を増大し、5HT2Aは、ゲインコントローラとして働くことを示した。5HT1Bは、前シナプスに局在し、S/N比を上げた後、後シナプスに多い5HT2Aによって、増加分と減少分

のゲインを補正し、より明瞭な視覚像を得ていると考えられる(図2:文献1より引用)。最近、OCC1のマウス相同遺伝子(fstl1)が後根神経節に多く発現し、Na,K, ATPaseと結合することにより、感覚神経の伝達を抑制的に制御していることが報告された(Li *et al.* Neuron 69, 974-987, 2011)。OCC1は、同様の機能を霊長類の一次視覚野でも果たすと考えられるが、げっ歯類と重要な違いは、霊長類一次視覚野ではその遺伝子発現が視覚活動依存的に制御されていることである(Takahata *et al.*, J. Chem. Neuroanat., 35, 146-157, 2008)。5HT1B・5HT2Aも強い活動依存的遺伝子発現を示すことから、これら視覚野特異的発現遺伝子は、視覚入力を適正に調節することによって、昼と夜で 10^7 程度も違う光量下でも視覚の安定性を保つ機構の一つであると考えられる。連合野特異的発現遺伝子の機能については、不明であるが、SLIT1のマウス大脳皮質に於ける機能と霊長類連合野錐体細胞では、樹状突起がより密であることが報告されていること等から(Elston *et al.* Proc. R. Soc. Lond.B. 266, 1367-1374, 1999)、樹状突起とスパイン形態を制御する可能性を考えて研究している。



参考文献

1. Yamamori, T. (2011) Selective gene expression in regions of primate neocortex: Implications for cortical specialization. Prog. Neurobiol. 94, 201-222
2. 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
3. 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.
4. 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
5. 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.
6. 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.

教授
山森 哲雄



助教
渡我部 昭哉



助教
小峰 由里子

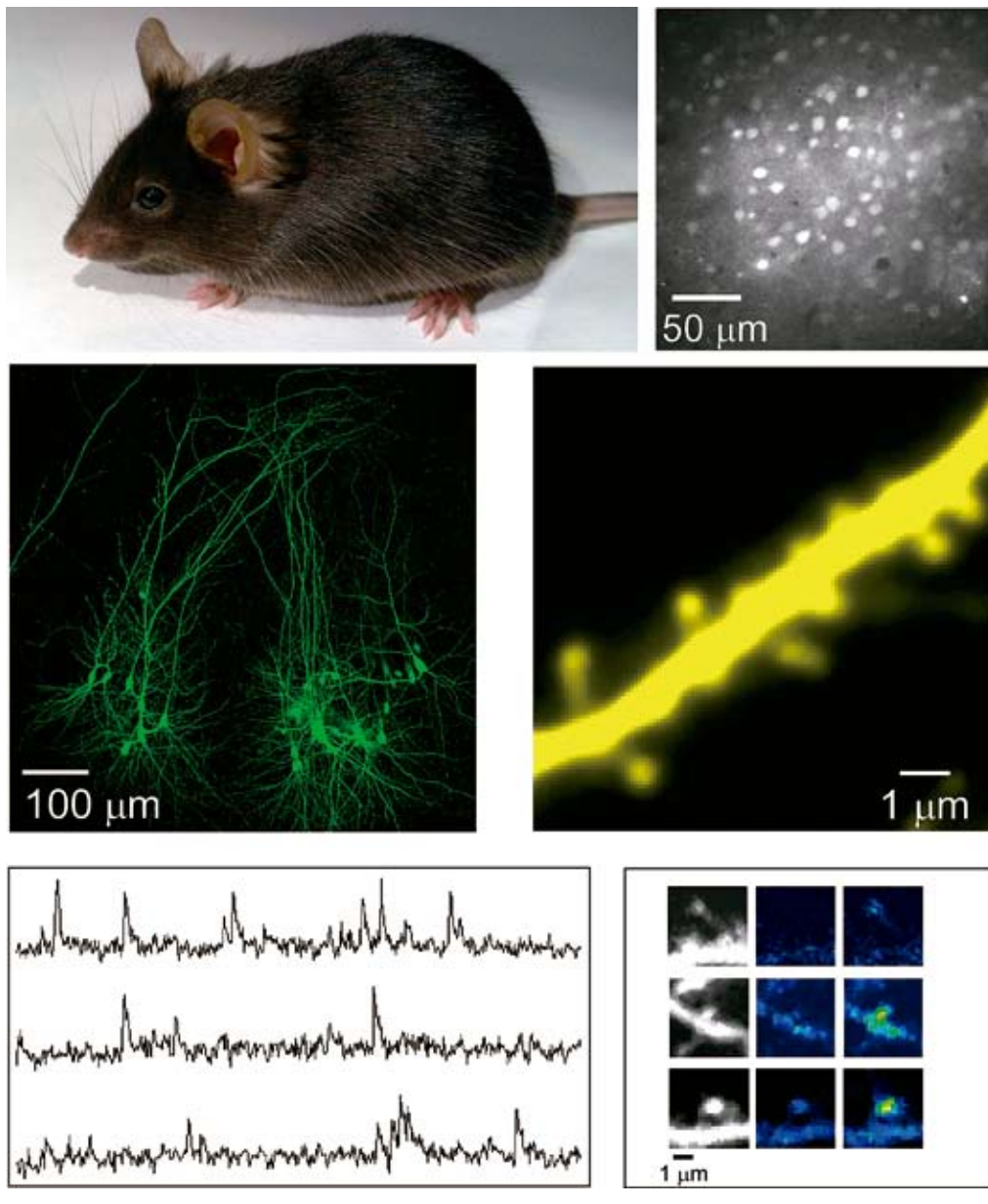


助教
定金 理



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

助教
和氣 弘明

NIBB リサーチフェロー
田中 康裕

研究員
正水 芳人
田中 康代

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、そして神経疾患におけるネットワーク異常の機構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ージド試薬という小分子化合物を細胞外液に投与することや、光照射すると細胞内外間にイオンを通すチャンネルロドプシン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、を調べている。

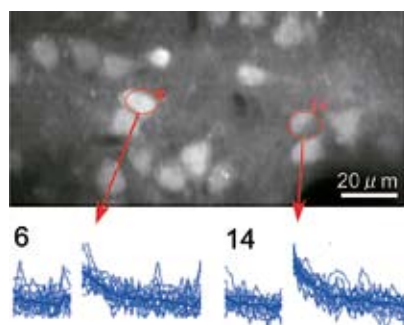


図 1. ChR2 発現細胞の 2 光子イメージングによる同定。
ChR2 が一部の神経細胞で発現しているマウスの大脳皮質にカルシウム蛍光指示薬をロードした後の 2 光子イメージング像 (上図)。この大脳領域に青色レーザーを照射すると、ChR2 発現細胞だけが発火し、それを細胞内カルシウム上昇 (下図) として、2 光子イメージングで同定することが可能である。ここでは、No.6、No.14 の細胞がそれにあたる。

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調べている。また多くの神経疾患は分子レベルではシナプスの異常と関連しているが、それがどのような特性を持つ回路異常を引き起こすのかを調べている。

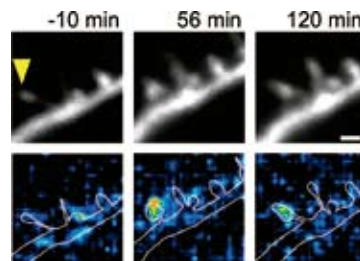


図 2. 単一シナプス可塑性の光学的誘発。
2 光子励起法によるグルタミン酸投与を単一スパイン (黄色矢) に頻回投与すると、構造の肥大化 (上図) とグルタミン酸受容体の反応性 (下図、擬似カラー) の増強が起こり、それが 2 時間にわたって持続する (文獻 5 より)。

参考文献

- Matsuzaki, M., Hayama, T., Kasai, H., and Ellis-Davies, G.C.R. (2010). Two-photon uncaging of -aminobutyric acid in intact brain tissue. *Nat. Chem. Biol.* 6, 255-257.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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



助教
和氣 弘明





視覚系研究のモデル動物としてのメダカ

メダカの視覚

メダカは、視覚システムを高度に発達させた脊椎動物である。生殖行動、逃避行動、摂食行動、集団行動、定位行動、縄張り行動、学習行動など様々な生活場面で、視覚システムが活用されている。当研究室では、視覚研究のモデル系として、この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(文献2)。メダカは私たちヒトと同じように自分たちの周囲にあるオブジェクトの位置を学習し、新規の場所に居るのか、以前来たことのある場所なのかを判断できるのである。

また、視覚を通じた動物プランクトン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、文献1)。電子計算機で制御された疑似餌(バーチャルプランクトンシステム)によって摂食行動を誘発するアルゴリズムを明らかにすることが出来た。このアルゴリズムは速度成分の周波数分布がピンクノイズで特徴付けられるもので、多くの生物間相互作用に適用可能な仮説である。同システムによって現在集団行動や逃避行動のアルゴリズムなどの研究を進めている。電子計算機を介した動物行動学は、視覚研究の新しい展望になると考える。

ヒトの視覚

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、メダカに加えてヒトの視覚系の研究を進めている。ヒトについては、錯視を活用した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、意識レベルにおける視覚認知

情報処理を司る脳と心の出力は動物の行動として表現される。すなわち、動物の行動を研究することは、神経系の情報処理アルゴリズムを把握する行為に他ならない。一方、情報処理を主たる目的とした人工物である電子計算機の性能の向上は未だに留まることを知らない。当研究室では、いずれも情報処理を司る脳と心、そして電子計算機を行動学ベースでジョイントさせ、神経系の情報処理アルゴリズムを電子計算機モデルとして抽出する研究を行っている。電子計算機モデルをフューチャーすることによって行動生物学の新たな地平を切り拓く。

メカニズムの包括的な仮説である『デルタモデル』を提案している(文献3)。

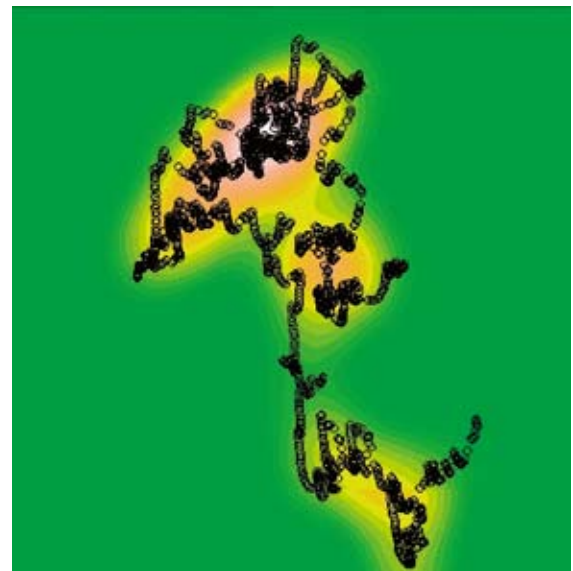


図1. ミジンコのモーション解析

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、カーネル密度分布を重ねている。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すことが明らかとなった。

参考文献

1. Matsunaga, W., and Watanabe, E. (2012). Visual motion with pink noise induces predation behaviour. *Scientific Reports* 2, 219.
2. Matsunaga, W., and Watanabe, E. (2010). Habituation of medaka (*Oryzias latipes*) demonstrated by open-field testing, *Behavioural Processes* 85, 142-150
3. 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
中野 知夫

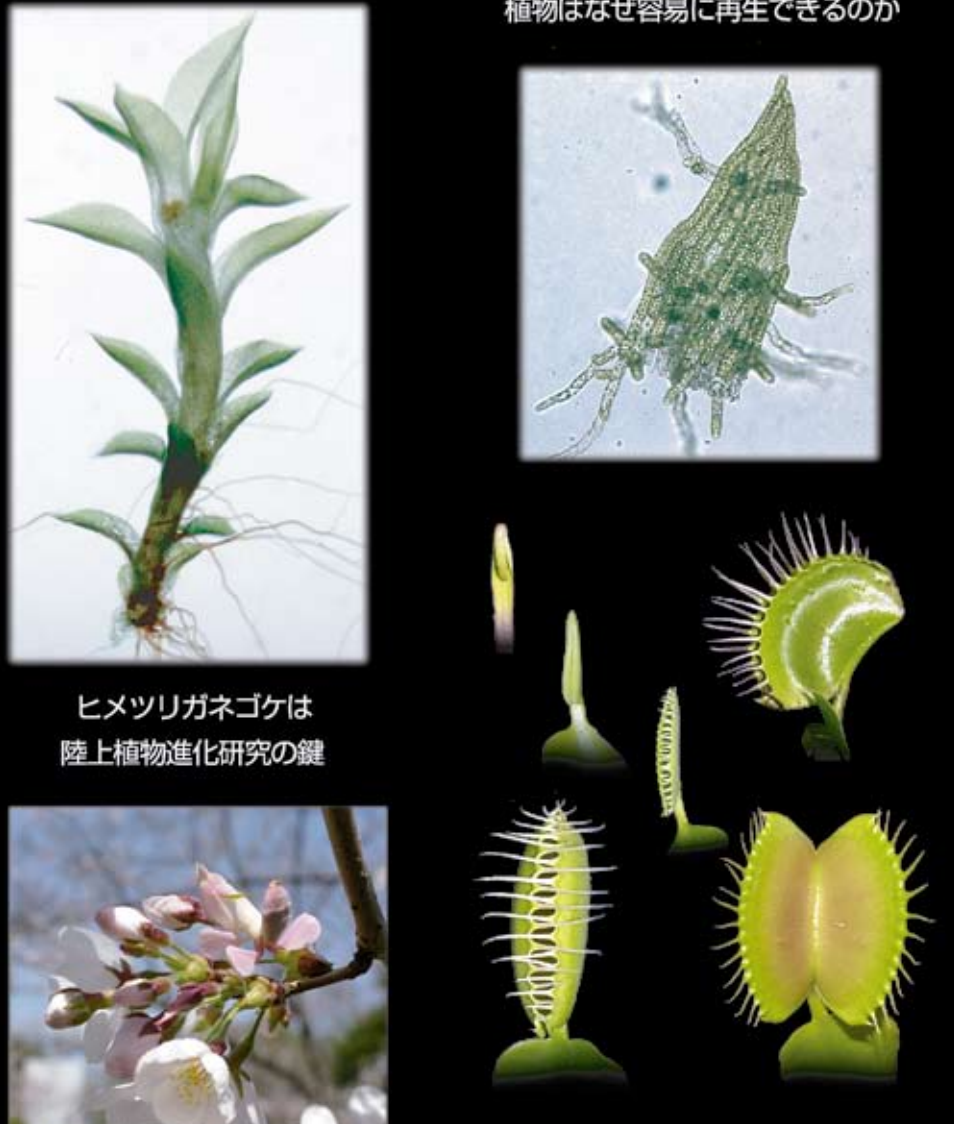
特別協力研究員
青野 幸子



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。

植物はなぜ容易に再生できるのか



ヒメツリガネゴケは
陸上植物進化研究の鍵

複合適応形質はどう進化したのか

Members

教授
長谷部 光泰

准教授
村田 隆

助教
玉田 洋介
石川 雅樹

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
今井 章裕
久保 稔
永島 明知
柴田 朋子
VICENT CARBAJOSA, Jesus
VILLARREL, Natalia
西山 智明

総合研究大学院大学
大学院生
青山 剛士
福島 健児
Chen Li
菅谷 友美
上田 千晴
村山 類

技術支援員
青木 栄津子
石川 貴章
伊藤 由紀子
大井 祥子
梶川 育見
後藤 みさ子
後藤 美穂
西 多代
平松 美佳
深田 初美
榑岡 朋子
若月 幸子

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ふ、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。

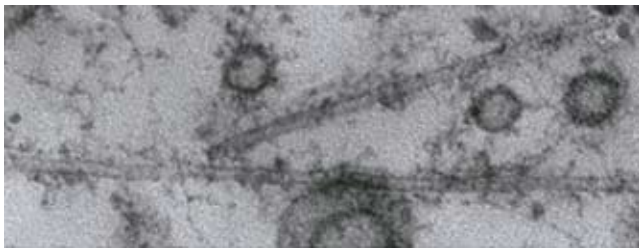


図1. タバコ培養細胞抽出液中で作らせた、分岐する微小管

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ねることによってはじめて適応的となり、未完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. Ishikawa, M. *et al.* (2011). *Physcomitrella* cyclin dependent kinase A links cell cycle reactivation to other cellular changes during reprogramming of leaf cells. *Plant Cell* 23, 2924-2938.
2. 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.
3. 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.
4. Rensing, S.A., *et al.* (2008). The *Physcomitrella* genome reveals evolutionary insights into the conquest of land by plants. *Science* 319, 64-69.
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).

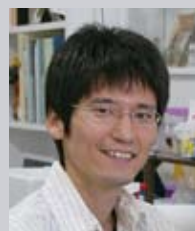
教授
長谷部 光泰



准教授
村田 隆



助教
玉田 洋介

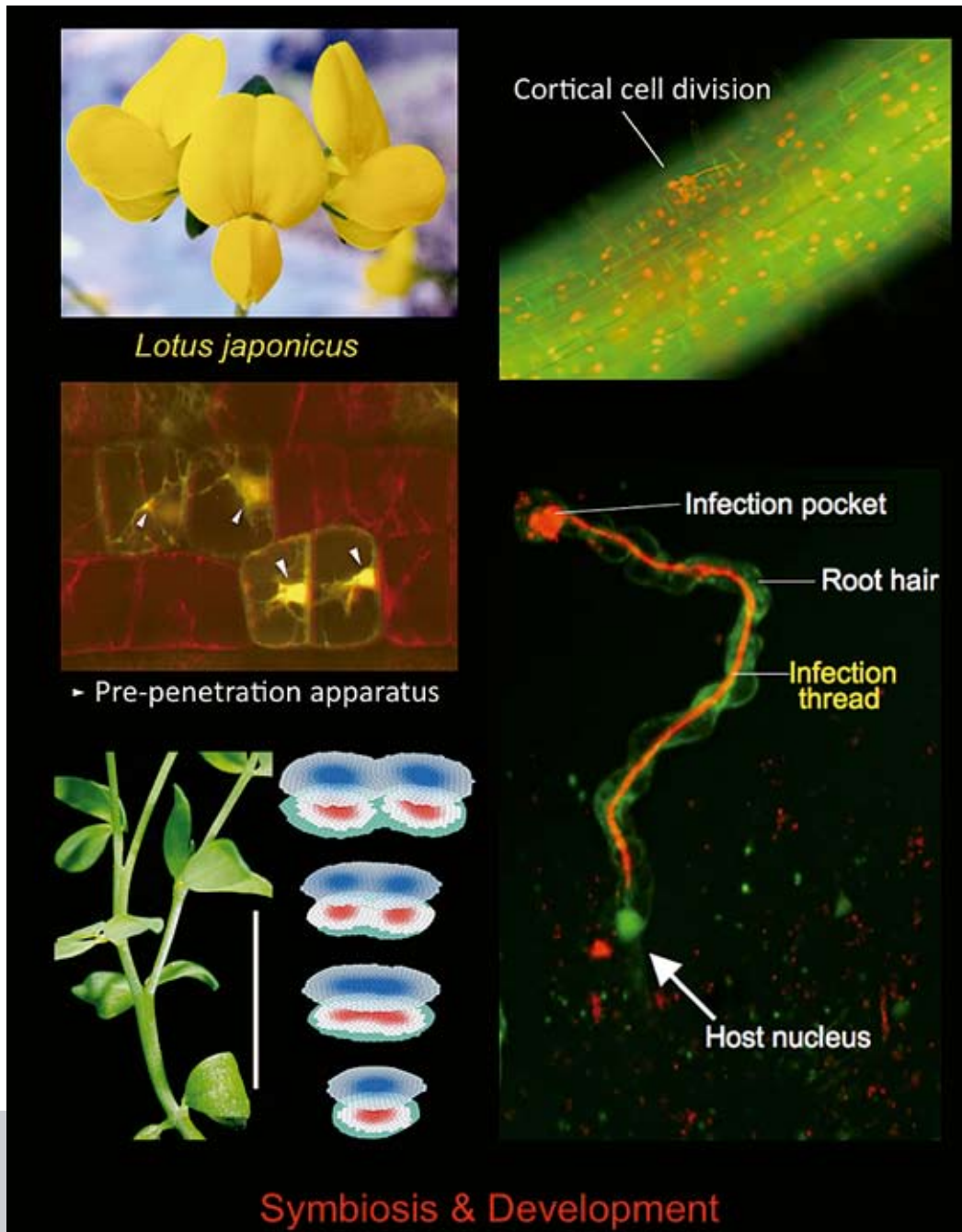


助教
石川 雅樹



共生と発生の仕組みを解き明かす

マメ科植物は根粒というコブ状の器官を形成することによって根粒菌と共生しており、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。また、多くの陸上植物はアーバスキュラー菌根菌と共生しており、根に樹枝状体と呼ばれる構造を形成することによって、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、根粒菌やアーバスキュラー菌との共生、さらには発生分化の分子基盤の解明を目指して研究を行っている。



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
征矢野 敬

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
佐々木 武馬
養老 瑛美子
都築 周平

技術支援員
壽崎 百代
市川 倫子
小川 裕子

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。

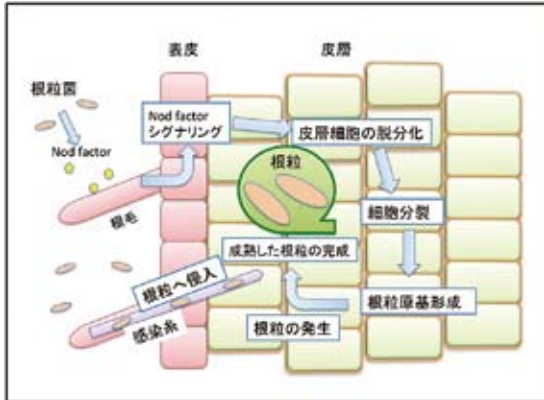


図1. 根粒形成過程の概要

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

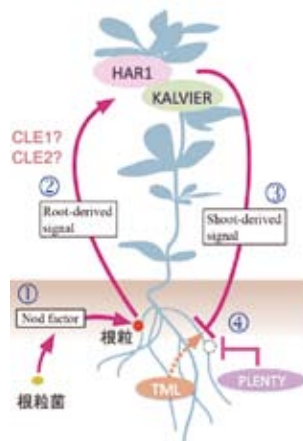


図2. 根粒形成の全身的なフィードバック制御機構のモデル図

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)。

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

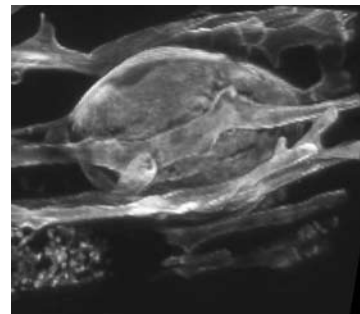


図3. 菌根共生時に形成される、のう状体共焦点レーザー顕微鏡で画像取得後、画像を3次元構築している。

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値モデル解析

茎頂分裂組織のパターン形成や、マメ科植物と根粒菌の共生進化の機構を理解するために、実験的知見に基づいて数値モデルを構築・解析し、またその結果に基づいて実験的な検証を行っている。

参考文献

- Fujita, H., Toyokura, K., Okada, K., and Kawaguchi, M. (2011). Reaction-diffusion pattern in shoot apical meristem of plants. *PLoS One* 6, e18243.
- Miyazawa, H., Oka-Kira, E., Sato, N., Takahashi, H., Wu, G.J., Sato, S., Hayashi, M., Betsuyaku, S., Nakazono, M., Tabata, S., Harada, K., Sawa, S., Fukuda, H., and Kawaguchi, M. (2010). A receptorlike kinase, KLAVER, mediates systemic regulation of nodulation and non-symbiotic shoot development in *Lotus japonicus*. *Development* 137, 4317-4325.
- 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.
- 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, J.A., 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.
- 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.

教授
川口 正代司



助教
武田 直也

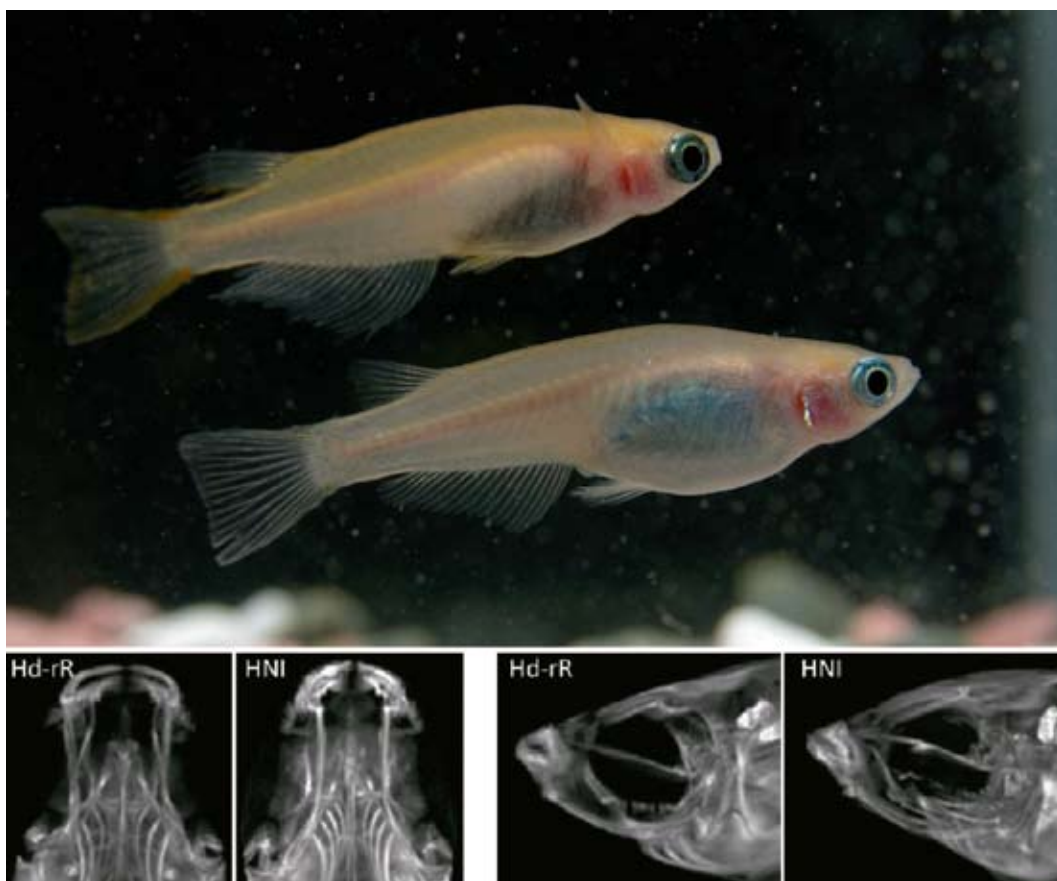


助教
壽崎 拓哉



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近交系 5 系統のゲノムリシーケンスも行った。また第 3 期 NBRP でもメダカバイオリソースの中核機関として採択されメダカリソースの収集・保存・配布事業もおこなっている。



Members

准教授
成瀬 清

NIBB リサーチフェロー
竹花 佑介

博士研究員
笹土 隆雄
奥山 輝大
柴田 安司
野津 了
中本 正俊
司馬 圭君

研究員
金子 裕代
原 郁代
吉村 ゆり子

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

事務支援員
鈴木 登貴子

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、さらに染色体置換システム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。

バイオリソース研究室

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* 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った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。

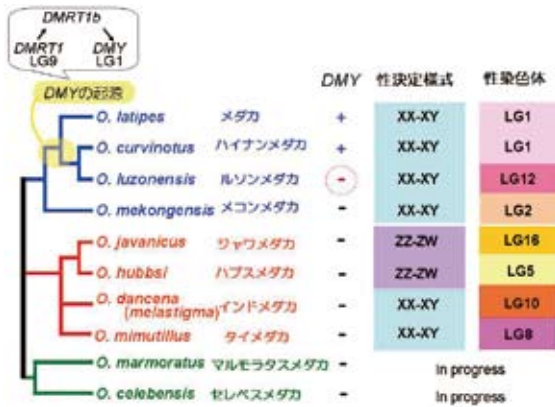


図 1. メダカ属魚類の系統関係と性決定システムの進化。

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 2012 年から始まった第 3 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。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



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-rR, actin-Ds-Red 遺伝子導入系統、半透明メダカ Quintet

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、131 万を越える BAC/Fosmid/cDNA/EST クローンも保存・提供もお

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. Takehana, Y., Naruse, K., Asada, Y., Matsuda, Y., Shin, I.T., Kohara, Y., Fujiyama, A., Hamaguchi, S., and Sakaizumi, M. (2012). Molecular cloning and characterization of the repetitive DNA sequences that comprise the constitutive heterochromatin of the W chromosomes of medaka fishes. *Chromosome Res.* 20(1), 71-81.
2. Naruse, K. Genetics, genomics, and biological resources in the medaka, *Oryzias latipes*. In *Medaka: A Model for Organogenesis, Human Disease and Evolution*. Naruse, K., Tanaka, M., and Takada, H. (eds) Springer, Tokyo, Japan (2011).
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. 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.

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。アイソトープ実験セ

ンター及び情報・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。

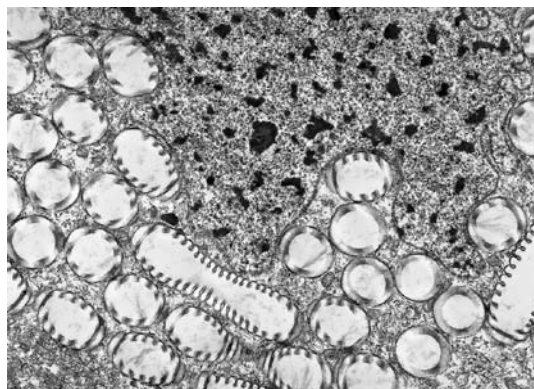


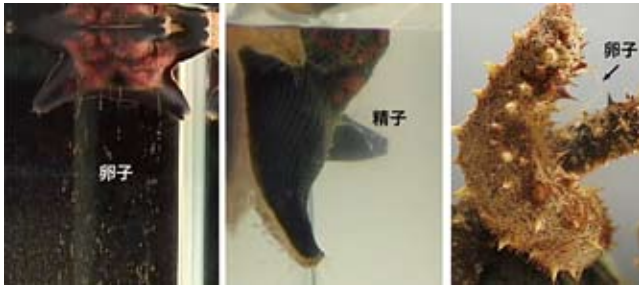
図1. トラキオール（毛細気管）細胞の透過型電子顕微鏡観察像
細胞内に既に形成されているトラキオールの断面が多数見える。細胞が移動するにつれて、その後ろにトラキオールが伸びていく。

参考文献

1. 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.
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. 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.

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。

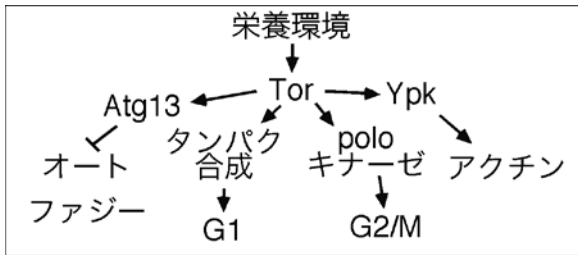
今回、発現・翻訳されている神経分泌ペプチドのデータベースと、それらの化学合成ストックを得ることができたので、今後、対象種における神経分泌ペプチドの研究を活性化する目的で、データベースを公開すると共に、希望する研究者には、合成ペプチドストックの配布を行っていきたいと考えている。

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

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細胞周期、オートファジー・アクチン制御など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抑制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)。

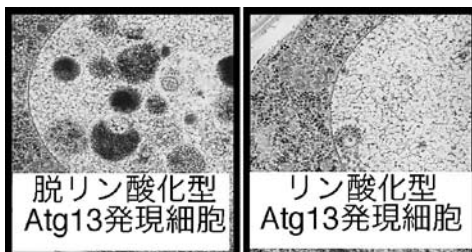


図 1. 脱リン酸化型 Atg13 によるオートファジー誘導
脱リン酸化型 Atg13 を発現させるとオートファジーによる細胞成分の分解が見られる(左)。一方、リン酸化型(野生型)を発現させてもオートファジーは誘導されない(右)。

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)。

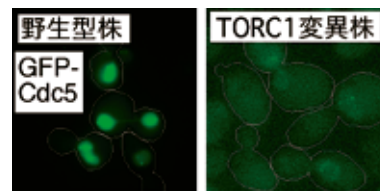


図 2. TORC1 による Cdc5 の細胞内局在の制御
野生型株では Cdc5 は G2/M 期に核に局在するが(左)、TORC1 変異株では核に局在できず細胞周期は G2/M 期で止まる(右)。

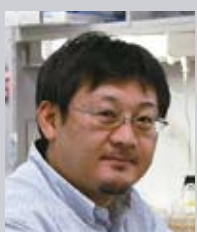
Tor によるアクチン構築の制御

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. 鎌田 芳彰 (2012). 腹が減ってからの戦(いくさ)—オートファジーを制御する Tor シグナル経路. 実験医学 30, 796-801.
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., Wullschleger, 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 170 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。

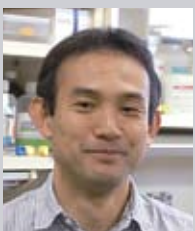


図 1. 多彩なアサガオの花色
花色は色素の構造だけでなく、色素が蓄積する液胞 pH に依存する。

参考文献

1. 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)
2. 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.
3. 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.
4. 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)

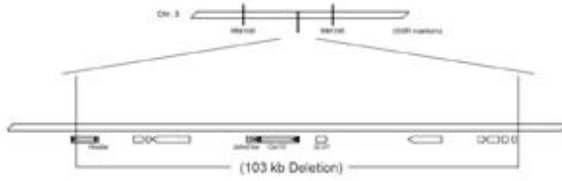
助教
星野 敦



技術支援員
中村 涼子
竹内 友世



トランスポゾンとゲノムの再編成 多様性生物学研究室 (柁根)



自然栽培条件下で DNA トランスポゾン *nDart1* が転移するタギング系統から選抜された節間伸長が異常となったイネの変異体 (左) は、100kb の大規模な欠失が起きていた (右)。植物ホルモンのジベレリンの情報伝達の抑制遺伝子の欠損が節の異常伸長を引き起こしていた (文献 2)。

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。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、進化の原動力の一つとなっていると考えられる。しかし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。

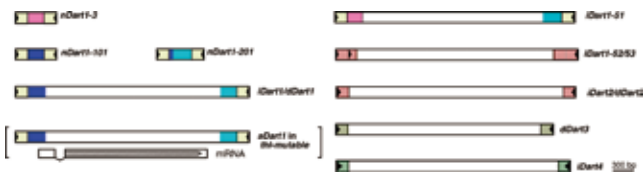


図 1. イネゲノム中から見いだされた *nDart1* 系トランスポゾン
三角が示す末端反復配列が共通な非自律性因子や転移酵素をコードする自立成因子候補が見いだされた。

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モデル生物である。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 5)。*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。*nDart1* は遺伝子領域に挿入し易い性質をもち (文献 4)、活

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。

発に転移する時期も明らかにすることができた (文献 3)。また *nDart1* が転移するイネタギング系統からは様々な変異体が選抜できる (文献 2: 表題)。さらに、脱メチル化によって *aDart1* を持たないイネ系統でも転移を活性化できることも示した (文献 1)。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

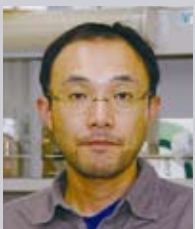
イネの 3 万個ほどの遺伝子機能を解明するために、様々な変異系統が確立されているが、未だ十分とは言えない。*nDart1* は遺伝子領域に挿入しやすい性質であり (文献 3,4)、優性変異も得られたので新規の変異体の分離も期待できる。*nDart1* の挿入領域の迅速な同定法を確立し、*nDart1/aDart1* システムを利用して遺伝子破壊システムの確立を試みている。

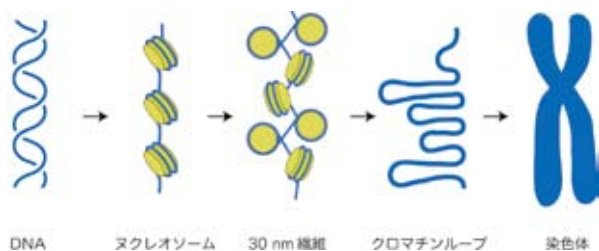
参考文献

- Eun C.-H., Takagi, K., Park, K.I., Maekawa, M., Iida, S., Tsugane, K. (2012) Activation and Epigenetic Regulation of DNA Transposon *nDart1* in Rice. *Plant Cell Physiol.* (in press)
- Hayashi-Tsugane, M., Maekawa, M., Kobayashi H., Iida, S. and Tsugane, K. (2011) A rice mutant displaying a heterochronically elongated internode carries a 100 kb deletion. *J. Genet. Genomics*, 38 123-128
- Hayashi-Tsugane, M., Maekawa, M., Qian, Q., Kobayashi H., Iida, S. and Tsugane, K. (2011) Examination of transpositional activity of *nDart1* at different stages of rice development. *Genes Genet Syst.*, 86 215-219
- 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.
- 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.

助教
柁根 一夫

特別協力研究員
柁根 美佳





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。

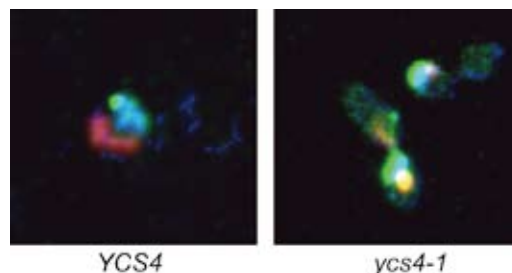
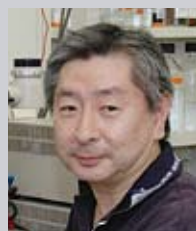


図 1. コンデンシン変異体における核小体への Rad52 局在
分裂期 (metaphase) の細胞で核小体構成成分である Nop1 を mCherry, Rad52 を GFP で観察した。コンデンシン変異体 (ycs4-1) では Rad52 の緑のシグナルが核小体 (赤) に侵入して黄色くなっている様子が観える。

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

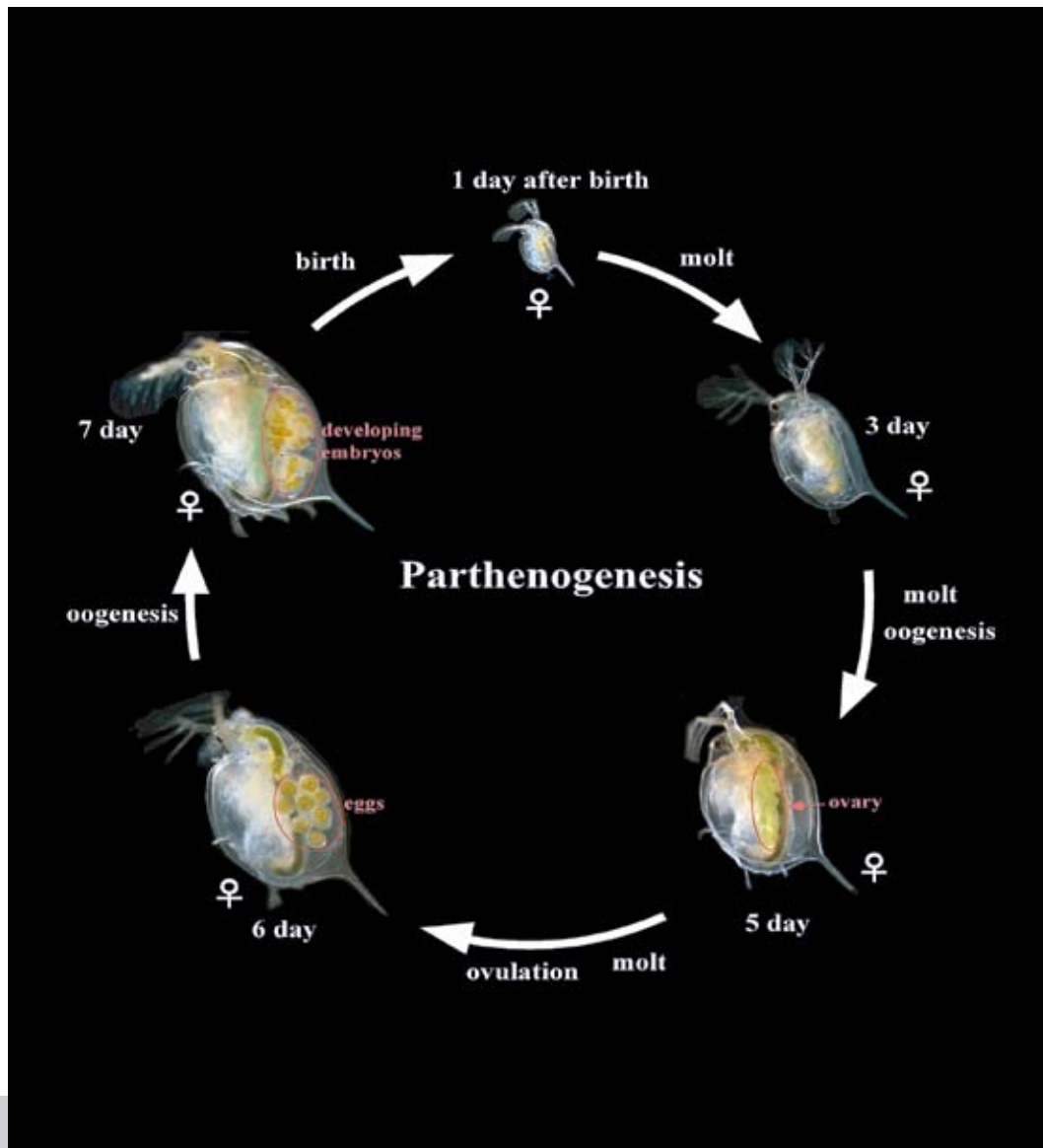


技術支援員
石根 直美
松崎 陽子



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。



環境指標生物オオミジンコの生活環

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
宮川 一志

学振特別研究員
蛭田 千鶴江

特別協力研究員
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

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

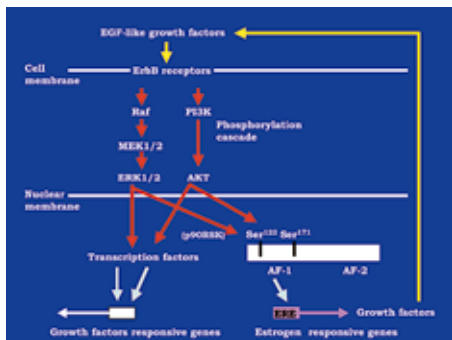


図1. リン酸化シグナルによるエストロゲン受容体の活性化機構
成長因子が膜上に局在する成長因子受容体に作用すると細胞内でタンパク質リン酸化のカスケードが働き、最終的にエストロゲン受容体の122番目及び171番目のセリン残基をリン酸化する。するとエストロゲン受容体はリガンド非依存的な転写活性を持つようになる。

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。

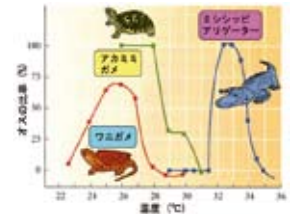


図2. 温度依存性の性決定機構を持つ生物

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。

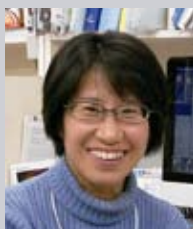
参考文献

- Miyagawa, S., Sato, M. and Iguchi, T. (2011). Molecular mechanisms of induction of persistent changes by estrogenic chemicals on female reproductive tracts and external genitalia. *J. Steroid Biochem. Mol. Biol.* 127, 51-57.
- Kato, Y., Kobayashi, K., Watanabe, H. and Iguchi, T. (2011). Environmental sex determination in the branchiopod crustacean *Daphnia magna*: Deep conservation of a *Doublesex* gene in the sex-determining pathway. *PLoS Genetics* 7, e1001345.
- Ogino, Y., Miyagawa, S., Kato, H., Prins, G.S., Iguchi, T. and Yamada, G. (2011). Essential functions of androgen signaling emerged through the developmental analysis of vertebrate sex characteristics. *Evol. Devel.* 13, 315-325.
- 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.
- Miyagawa, S., Katsu, Y., Watanabe, H., and Iguchi, T. (2004). Estrogen-independent activation of erbBs signaling and estrogen receptor- α in the mouse vagina exposed neonatally to diethylstilbestrol. *Oncogene* 23, 340-349.

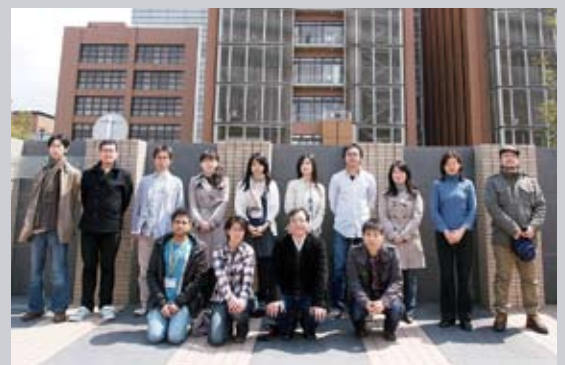
教授
井口 泰泉



助教
荻野 由紀子

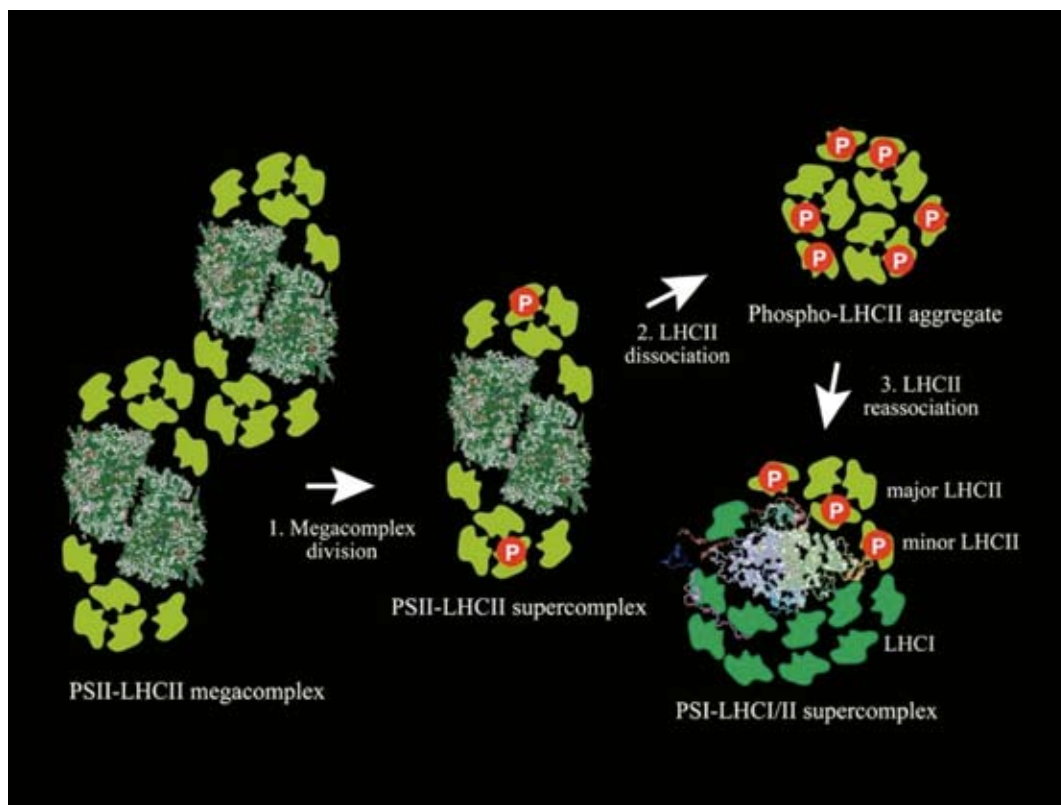


助教
宮川 信一



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
鎌田 このみ
大西 紀和
得津 隆太郎

特別訪問研究員
相原 悠介

技術支援員
星 理絵
米沢 晴美

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質 (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

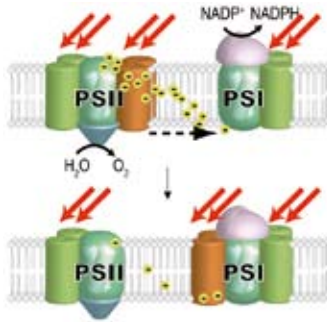


図1. ステート遷移のモデル
2つの光化学系(PSII ⇄ PSI)の光の分配バランスをとる仕組みがステート遷移である。光のアンテナを移動させることで、集めた光エネルギーの再配分を実現している。図中オレンジ色で示す移動するアンテナタンパク質の同定や、PSI/PSII超複合体におこる変化などについて研究を行っている。

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3,5)、PSI/PSII両超複合体のリモデリングの解析(文献4,5)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2)。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

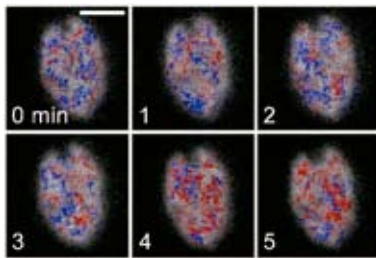


図2. ステート遷移の可視化
赤外光下においたクラミドモナスに青色光を与え、クロロフィル蛍光の寿命変化を共焦点レーザー顕微鏡を用いて観察した。当初、ほとんどのクロロフィルの寿命は170ps(青色)であったが5分後には250ps(赤色)に変化した。これは光のアンテナがPSIIから切り離されたために起きる。

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1)。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。

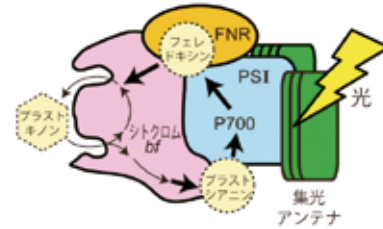


図3. サイクリック電子伝達を担う超・超複合体
PSIIから移動してきた集光アンテナを結合したPSIは、シトクロムbf複合体、フェレドキシン-NADPH酸化還元酵素(FNR)と共に超・超複合体を形成する。この超・超複合体上で、矢印で示すような“サイクリック電子伝達”が行われる。

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プ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、プラシノ藻の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. 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.
2. 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.
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., Takahashi, Y., and Minagawa, J. (2008). Molecular remodeling of photosystem II during state transitions in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Cell* 20, 2177-2189.
5. 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.

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。

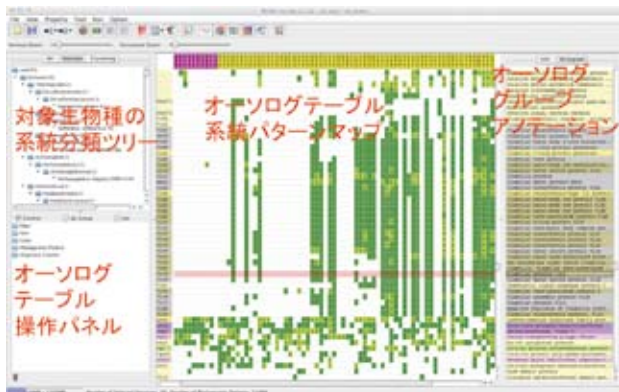


図 1. 比較ゲノム解析システム RECOG で表示したオーソログ対応テーブル

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。

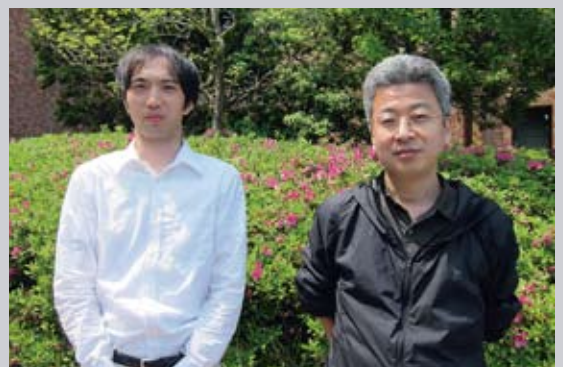
参考文献

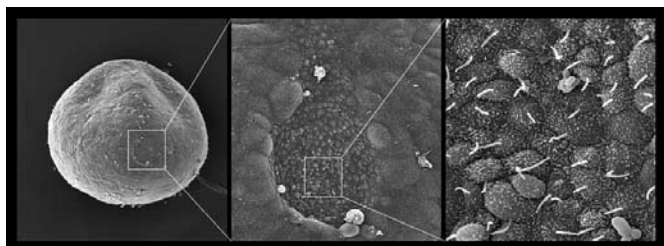
1. Uchiyama, I., Higuchi, T., and Kawai, M. (2010). MBGD update 2010: toward a comprehensive resource for exploring microbial genome diversity. *Nucleic Acids Res.* 38, D361-D365.
2. Uchiyama, I. (2008). Multiple genome alignment for identifying the core structure among moderately related microbial genomes.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

助教
内山 郁夫



研究員
千葉 啓和





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

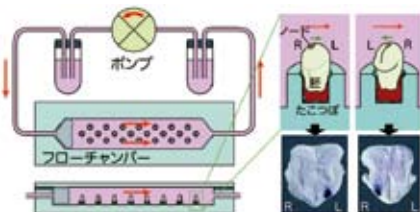


図1. 人工的に胚の左右を逆転させる実験
チャンバー内の「たごつぼ」に胚を固定し、一定方向の水流に曝す。ノード内の水流が右向きになるような条件下では、左側特異的な遺伝子 nodal が右側に発現し、心臓などの形態も左右逆転する。

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。

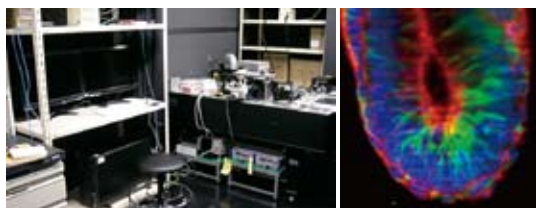


図2. DMSL 装置と撮影例 (6.5日マウス胚光学断面像)
EMBL の Ernst Stelzer 博士らによって開発された DSLM は、胚のような大きな立体を丸ごとイメージングするのに適した特徴を持つ。

参考文献

- 野中茂紀 (2009). 繊毛と脊椎動物の左右性. 細胞工学 28, 1011-1015
- 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.
- Nonaka, S. (2009) Modification of Mouse Nodal Flow by Applying Artificial Flow. *Methods Cell Biol.* 91, 287-297
- 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.
- 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.
- 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.

准教授
野中 茂紀



技術課技術職員
小林 弘子

博士研究員
市川 壮彦
高尾 大輔
丸山 篤史

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

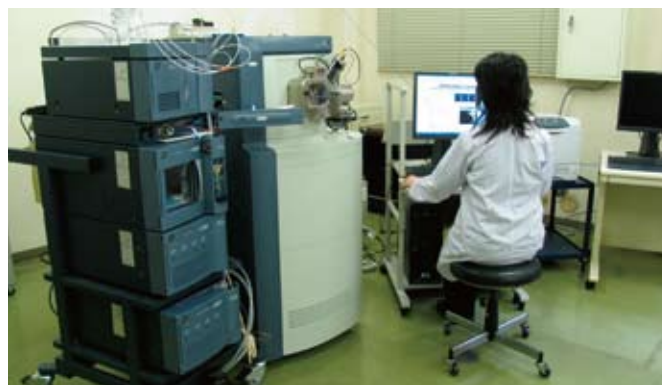
生物機能情報分析室では3つの異なるタイプの質量分析装置と2つのプロテインシーケンサーを保有している（下記参照）。特にLC-Q-TOF MS、MALDI-TOF MSはプロテオーム解析に活用されている。

- 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)

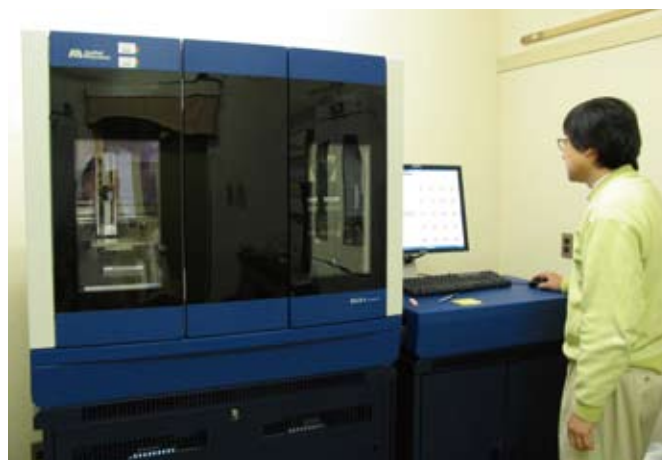
3. その他

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

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、顕微鏡(蛍光、実体、LSM等)、画像解析ワークステーション、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類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。一般の共焦点レーザー顕微鏡はもちろん、多光子顕微鏡、さらには、時空間制御研究室の野中准教授に協力を得て高速で 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

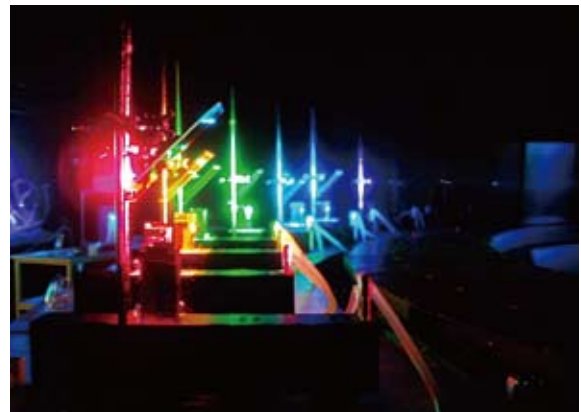


図 1. 大型スペクトログラフ実験風景

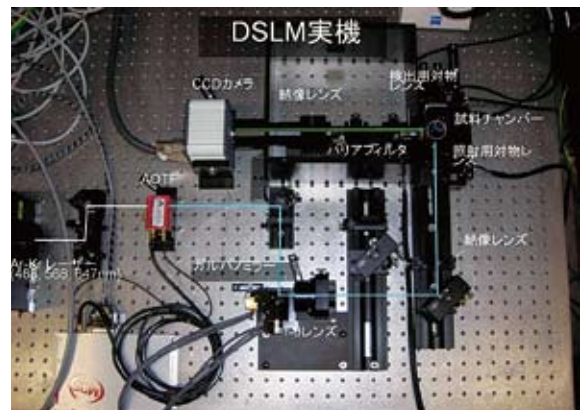


図 2. DSLM 実機光路図



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 ORION2011 ネットワークシステムの保守、運用に携わっている。ORION2011 ネットワークシステムは基幹に 10 ~ 100Gbps の帯域を有し、各室まで 1Gbps の情報コンセントを整備している。加えて、高スループット化する分析機器用に 10Gbps 情報コンセントを整備して大容量化するデータの交換に対応している。また、メールサーバ、Web サーバなどのネットワークサーバを運用している。加えて、岡崎 3 機関全所に無線アクセスポイントを整備、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を行い、所内における最新の情報通信インフラ整備に貢献している。

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

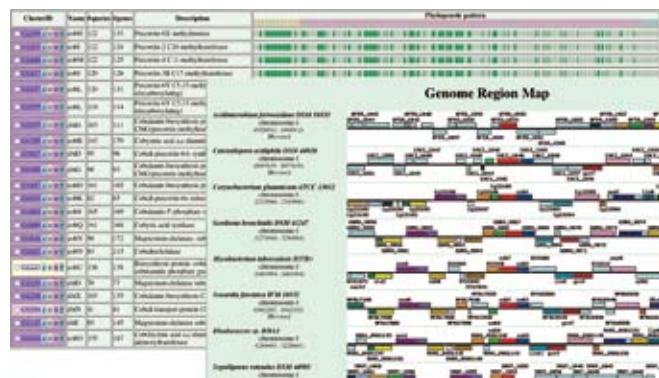


技術課技術職員
三輪 朋樹
西出 浩世
中村 貴宣

技術支援員
岡 直美

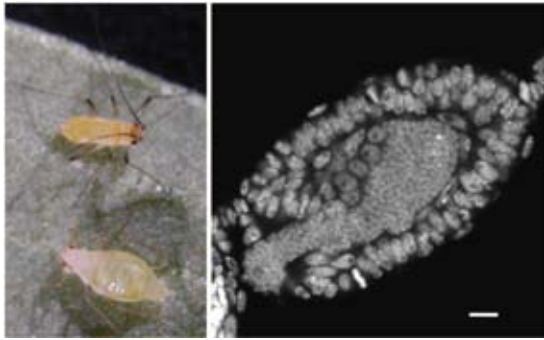


生物情報解析システム



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 μ m。

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

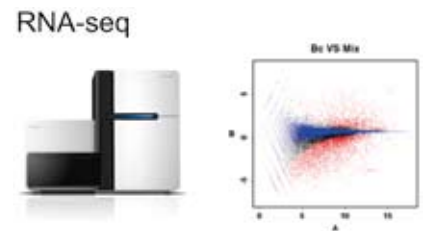


図 2. 次世代シーケンサーを用いた網羅的遺伝子発現解析 RNA-seq は強力なポストゲノムツールである。

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

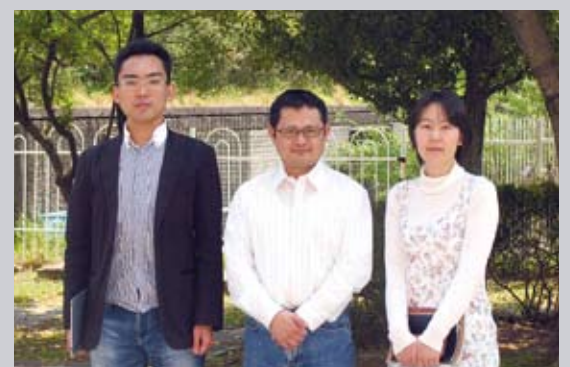
1. International Aphid Genomics Consortium. (2010). Genome sequence of the pea aphid *Acyrthosiphon pisum*. *PLoS Biol.* 8, e1000313.
2. Shigenobu, S., *et al.* (2010). Comprehensive survey of developmental genes in the pea aphid, *Acyrthosiphon pisum*: frequent lineage-specific duplications and losses of developmental genes. *Insect Mol Biol.* 19, 47- 62.
3. 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.
4. 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.

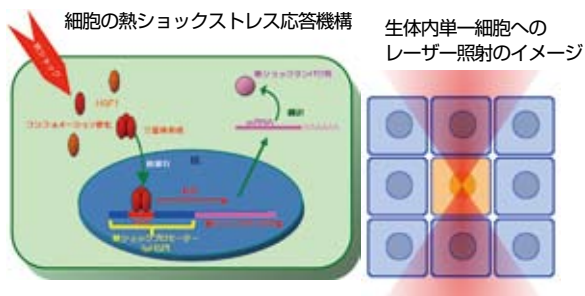
特任准教授
重信 秀治



NIBB リサーチフェロー
前田 太郎

技術支援員
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）。

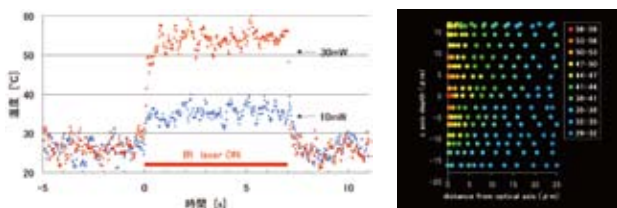


図 1. 赤外線照射に伴う局所温度変化（経時変化と三次元温度分布）
赤外線レーザー照射に伴い焦点付近は急激に温度がジャンプし、照射中は一定に保たれる（左）。三次元的には十数ミクロンの範囲が加熱される（右）。

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

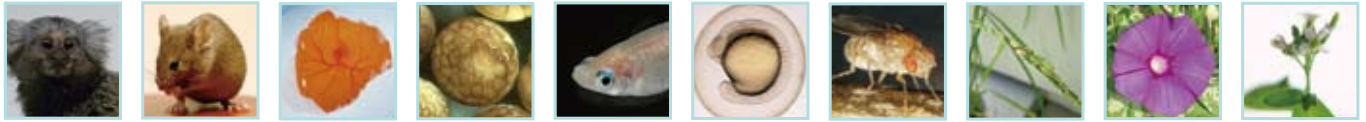
技術支援員
蟹江 裕太





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。

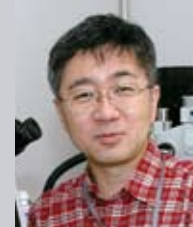
このような飼育施設を積極的に活用し、前身である形質転換研究施設時代を含めて、2002-2008年度まで基礎生物学研究所はナショナルバイオリソース・マウスの実施機関に指定され、形質転換マウスの開発を担当した。また、2007年度からはナショナルバイオリソース・メダカの中核機関に指定されている。

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
鈴木 康太

准教授
成瀬 清



稲田 洋介
松村 匡浩
藤本 大司

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、ダイズ、アサガオ、イネ、オジギソウ、食虫植物などの植物や、メダカ、ランカマキリなどの動物が育成されている。

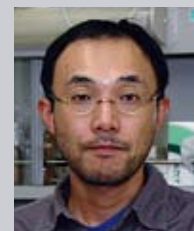
一方、基礎生物学研究所はナショナルバイオリソースプロ

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
梶根 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



培養室（明大寺地区）



大学連携バイオバックアッププロジェクト

大学連携バイオバックアッププロジェクト (Interuniversity Bio-Backup Project for Basic Biology) は、災害に強い生命科学研究の実現を目指して、生物遺伝資源の全国的なバックアップ体制を構築するためのプロジェクトである。中核拠点として2012年7月に基礎生物学研究所に新たに設置されたIBBPセンターは、大学サテライト拠点（北海道大学、東北大学、東京大学、名古屋大学、京都大学、大阪大学、九州大学）と協力し、個別の研究者がそれぞれの研究を遂行するために作成・樹立してきた生物遺伝資源の収集・保存を行い、災害時には迅速にリソースが回復できる体制を構築することを目指す。

IBBP センター

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

センター長：西村 幹夫 教授（併）

東日本大震災によって、多くの生物遺伝資源が毀損・消失しており、これは我が国の研究・教育にとって多大な損失である。そこで、今後大規模災害が生じた際の対策として大学等と連携して、良質な生物遺伝資源を保存・管理するためのバックアップ拠点を構築することが喫緊の課題である。IBBPセンターは大学連携バイオバックアッププロジェクトの中核拠点として、大学サテライト拠点（北海道大学、東北大学、東京大学、名古屋大学、京都大学、大阪大学、九州大学）と協力し、個別の研究者がそれぞれの研究を遂行するために作成・樹立してきた生物遺伝資源の収集・保存を行い、災害時には迅速にリソースが回復できる体制を構築する。また、高度な品質管理を行うことで、各大学等の個別研究によって創出された貴重な生物遺伝資源を組織的に発展させ、大学間連携による共同研究の基盤を強化する。

そのためセンターでは大型の液体窒素保存容器20台と超低温フリーザー5台よりなる大規模バイオバンキングシステム、検体管理システム、入退管理システム、低温種子保存室を備え、各サンプルのトレーサビリティとセキュリティを確保する。またラボーオートメーション装置による自動分注装置、大腸菌プレートレプリカ作成装置、コロニーピッカー、プログラムフリーザー、動物細胞培養装置、植物細胞培養装置、キャピラリー式塩基配列解析装置等を備えバックアップ保存する生物遺伝資源の品質管理体制を強化する。さらに3D PCR プールの作成など個別研究では困難な作業を行うことができる機器を整備する。これにより個別研究の枠を越えバックアップ保存する生物遺伝資源の付加価値を向上させることができる体制を構築する。またより多様な生物遺伝資源をバックアップするため新規凍結保存技術開発を行う。

准教授
成瀬 清



研究員
木村 哲晃

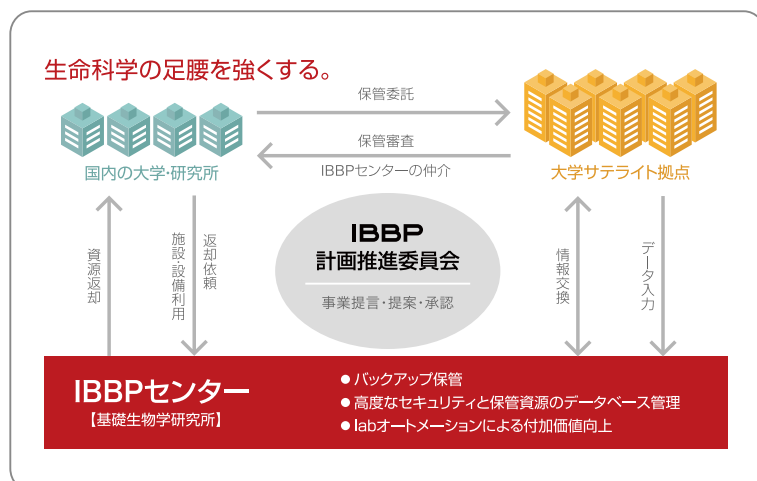
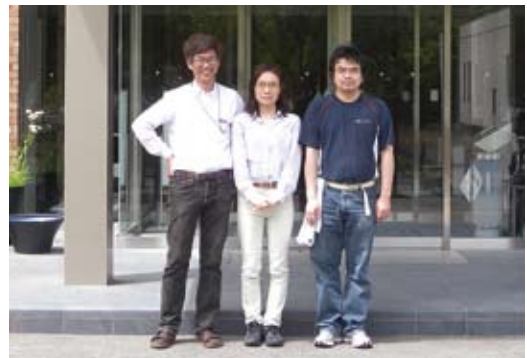
事務支援員
坂本 有紀



生物遺伝資源のバックアップ拠点

大学連携バイオバックアッププロジェクト

Interuniversity Bio-Backup Project for Basic Biology



IBBP センター (2012年3月完成予定)

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/>

2012 年度より始まった第 3 期 NBRP においても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た。NBRP Medaka ではメダカライブラリソース (680 種類に及ぶ汎用系統、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)、胚操作及びライブイメー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、配列相溶性、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。また 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行っている。

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が開発され、このプログラムにより樹立された系統 (TG918、TG921 等) も既に提供している。2010 年度ゲノム情報等整備プログラムにより近交系 5 系統 (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をおこなった (「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 (<http://medaka.lab.nig.ac.jp/service/menu>)。



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シーケンサーシステム、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。利用に当たっては担当者との打ち合わせ後に申請していただくことになります。

「次世代シーケンサーシステム」

次世代シーケンサー（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シーケンサーシステム



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、CO₂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）



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

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



NIBB リサーチフェロー

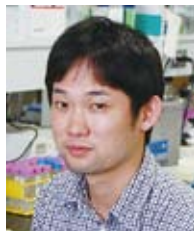
NIBB リサーチフェローは、若手研究者の育成を目的として2009年度よりスタートした制度で、基礎生物学研究所の運営費によって雇用される博士研究員に与えられる称号である。特に優れた若手研究者を選考して採用し、期間終了後は、研究者として自立していくことが期待されている。

2012年度 NIBB リサーチフェロー

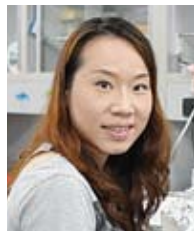
後藤(山田)志野
(高次細胞機構)



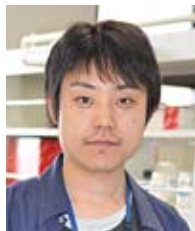
太田 龍馬
(発生遺伝学)



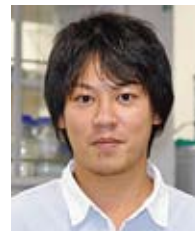
陳 秋紅
(分子発生学)



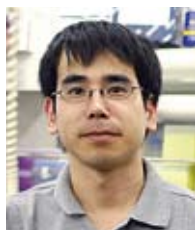
山本 耕裕
(生殖遺伝学)



久保山 和哉
(統合神経生物学)



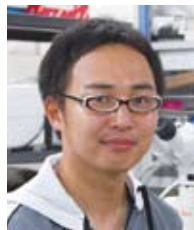
大塚 正成
(脳生物学)



眞野 弘明
(生物進化)



宮川 一志
(分子環境生物学)



田中 康裕
(光脳回路)



竹花 佑介
(バイオリソース)



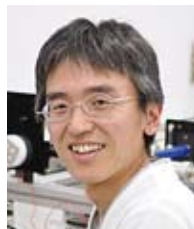
中村 隼明
(生殖細胞)



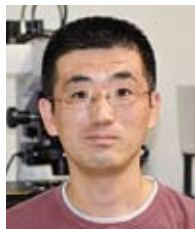
前田 太郎
(生物機能情報分析室)



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)



征矢野 敬
(共生システム)



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



大学共同利用機関シンポジウムでの展示と広報室メンバー

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. テマセク生命科学研究所（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



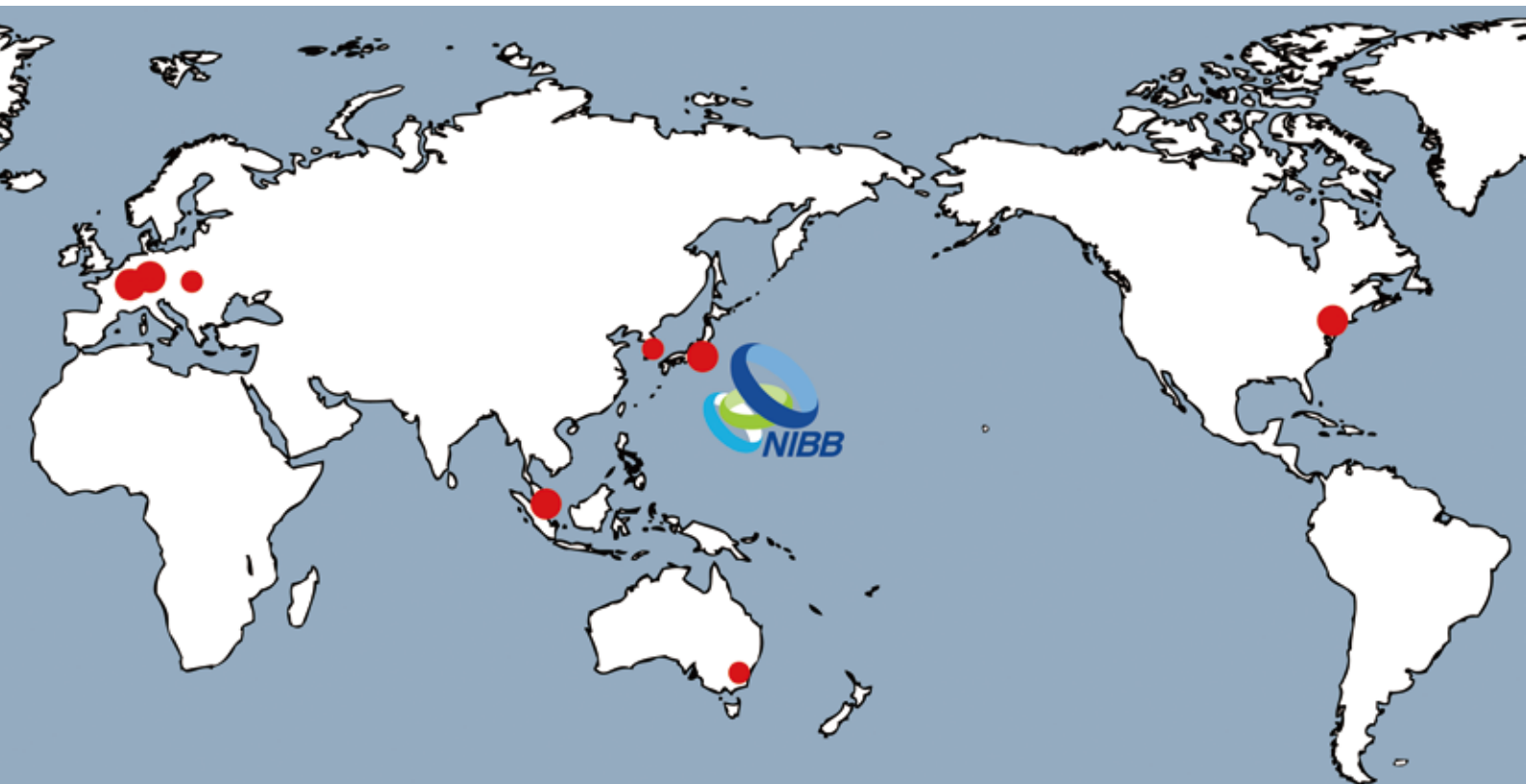
助教
鎌田 芳彰



事務支援員
高橋 律江
中根 香織

三城 和子

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



生物学技術研究会

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。

6. 研究所への支援活動：

研究に使用される純水製造装置、製氷機、プレゼンテーション用機器等の保守管理、実験で生じる廃液の回収など安全で快適な研究環境を維持するための活動の研究所内での中心的な存在になっている。





技術課長 古川 和彦

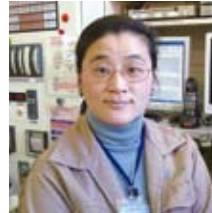
研究施設技術班



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



技術主任 諸岡 直樹



技術職員 飯沼 秀子



技術職員 西出 浩世



技術職員 中村 貴宣

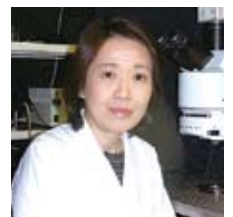


技術職員 野口 裕司

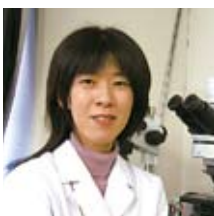


技術職員 齋田 美佐子

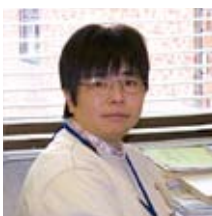
研究系技術班



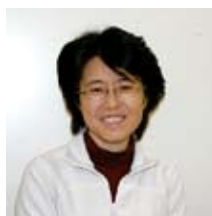
技術班長 小林 弘子



技術係長 大澤 圓子



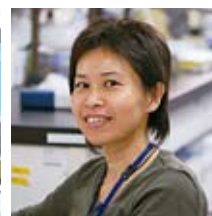
技術係長 近藤 真紀



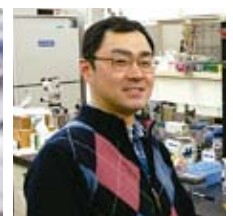
技術係長 田中 幸子



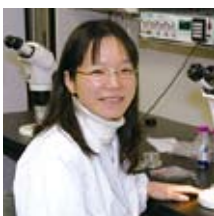
技術係長 水谷 健



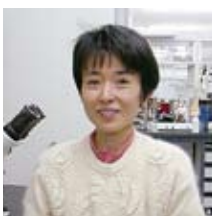
技術主任 壁谷 幸子



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
鈴木 康太
高木 由香利
岡 直美
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
前田 有美
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。

アイソトープ実験センター

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

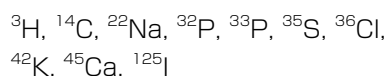
センター長: 長谷部 光泰 教授 (併)

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。

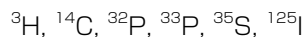
センター運営は、センター長(併任)、准教授1名、技術職員3名、技術支援員2名で行われている。

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
児玉 隆治



技術課技術職員
松田 淑美
(放射線取扱主任者)
澤田 薫
(放射線取扱主任者)
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

施設利用者のため教育訓練(平成24年度 RI 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





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～満 3 歳に達する年度末まで

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

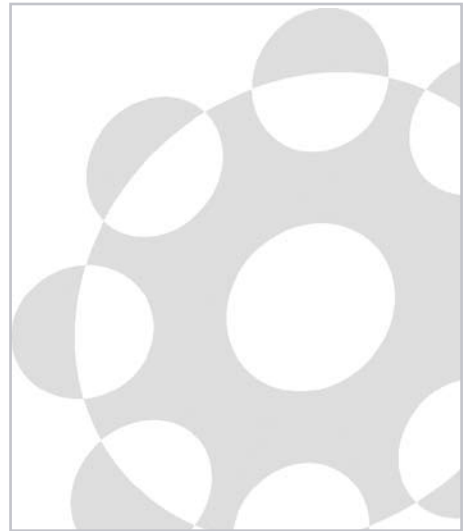
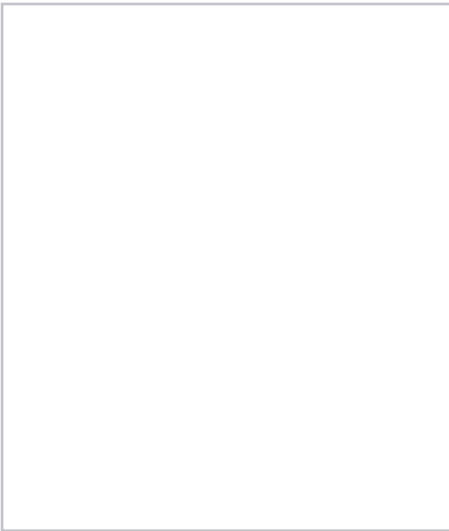
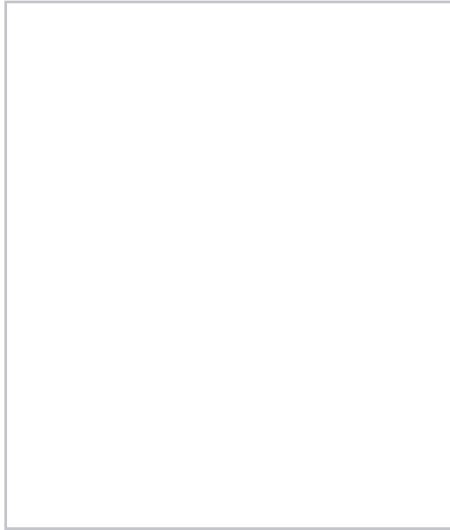
開園時間：8:00～19:00（最大延長 20:00）

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び取る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33名に対して教員数が59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

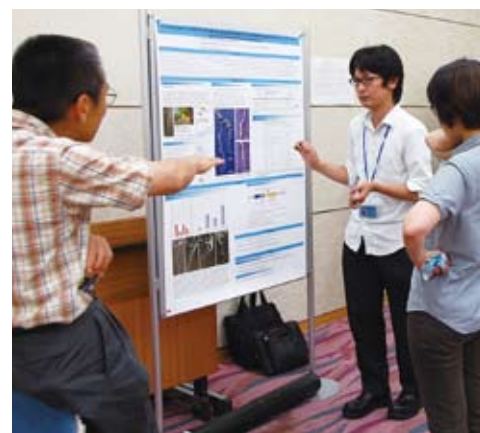
広い視野を持ち、国際性豊かな研究者を育てるために、基礎生物学研究所で開かれる国内外からの著名な講師によるセミナー、国際会議への参加を単位認定しています。

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、すべての学年で年間約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、高い専門性とともに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

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。2011年度は全国の大学・大学院から50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、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勞で、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

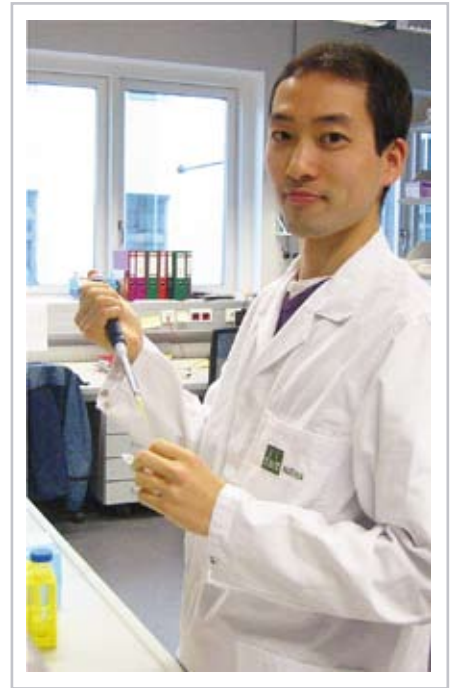


私は基礎生物学研究所に5年一貫制の大学院生として在籍し、上野直人教授のもとでアフリカツメガエルの胚を用いた初期発生の研究をしてきました。入学した当初は5年間という期間がとても長く感じられましたが、よくあるように、修了してみるとあっという間だったと感じています。それだけ研究に専念できていた証拠なのかもしれません。基礎生物学研究所での研究は、自分が所属する研究室の中だけにとどまらず、他の研究室の先生やスタッフ、学生との交流・議論を通して研究を深めていけるところに特長があります。特に私にとって印象的だったのは5年間のうち2年目と4年目に行われた研究所内でのポスター発表です。これは授業の一環として行われるもので、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

できて、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ため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くることができたと感じています。



森田 仁
オーストリア科学技術研究所
研究員

橋山 一哉 所属：発生遺伝学研究部門 2008年度 修了

私は大学院博士後期課程からポスドクまでの6年間で基礎生物学研究所で過ごしました。修士課程の大学院生だった時、進学先を探していた私は「ミトコンドリアの遺伝子がハエの生殖細胞形成に関与する」という、独創的な研究をしている研究者が日本にいることを知り驚きました。そして、「この先生の下でなら、自分も面白い研究ができるかもしれない」と、小林悟先生の研究室の門をたたきました。



橋山 一哉
Institute for Research in
Biomedicine, Barcelona
研究員

私が小林研に在籍した当時は、重信秀治博士らが中心となって行ったマイクロアレイ解析によって「ショウジョウバエ遺伝子のカタログ化」に成功した時期でした。この研究によって、生殖細胞の中でいつ、どの遺伝子が働き始めるのかが詳細に明らかにされたのです。私が大学院生時代に行った研究も、この「カタログ」の中から偶然見つけてきたものです。

生殖細胞の性の決定、つまり、精子・卵の決定は生殖細胞が生殖巣に取り込まれた後に起こるとするのが定説となっていました。ところが、私が「カタログ」に含まれる、ある遺伝子の働きを抑制したところ、生殖巣に取り込まれる以前に、将来、卵になる生殖細胞のみが細胞死を起こしたのです。つまり、私の実験結果は定説とは異なる性決定プログラムの存在を示していたのです。この発見を足がかりとして、生殖細胞の性決定機構の一端を明らかにすることができました。

この研究をまとめるにあたり、私は将来研究者を目指す大学院生として多くのことを学びました。まず、先行研究で何が明らかにされているのかを正確に把握し、自分の実験結果と照らし合わせる。そして、世界中の研究者に納得してもらえる実験計画を練る。毎日が試行錯誤の連続でした。シンプルですが、今後研究を進める上で非常に重要なトレーニングであったと思います。

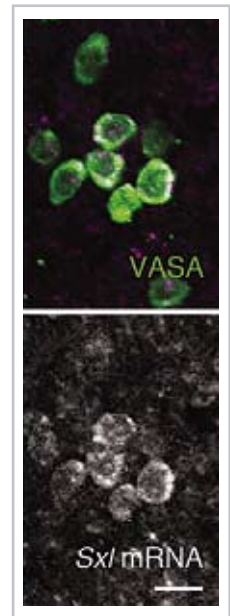
研究に行き詰まった時には、大学院生の仲間に助けられました。皆、研究所の近くに住んでいたため、夜遅くまで実験をし、その後は明け方まで語り明かした日々は良い思い出となっています。

プロの研究者に囲まれて過ごした基礎生物学研究所での大学院生時代は、とても幸運な環境であったと感じています。身近に目標となる先輩方がいることで、自分に何が足りないのかを日々感じとることができました。さらに、研究室間の垣根も低く、困った時は所内専門家にすぐに相談することができ、新しいアイデアが生まれるきっかけとなりました。

また、海外での研究発表の経験が私の研究人生の一つの転機になりました。当初は不慣れた英語での口頭発表に苦労しましたが、何度か経験を積んだことで、度胸と自信をつけることができました。世界中の研究者に私の研究について知ってもらう機会を得て、憧れの研究者と直接議論を交わすこともできました。それまでは、漠然と海外留学への憧れを抱いていましたが、これらの貴重な経験は海外留学を現実的に考えるきっかけになりました。

そして現在、私はスペインのバルセロナにある研究所でポスドクとして働いています。新しい研究テーマ、アジア人は自分以外いない職場、言葉の壁、異なる文化に身を置き、日本では得られない多くの経験をしています。しかし、これまでとは大きく異なる環境下であっても、基礎生物学研究所で学んだことが礎となって私の現在の研究を支えています。今は、自分がどこまで頑張れるか、一日一日、挑戦していきたいと思っています。

最後に、大学院における5年間は、その後の研究人生を左右する重要な期間です。皆さんが、良き指導者、仲間に恵まれ、充実した大学院生時代を送られることをお祈りしております。



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のです。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。



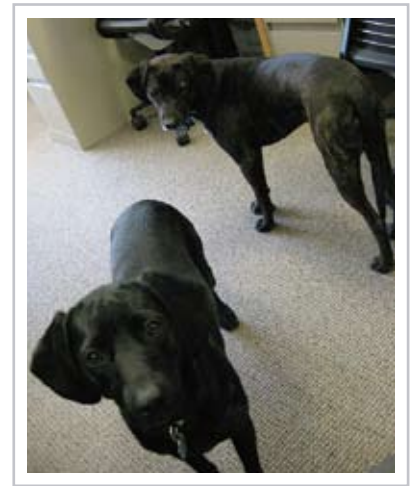
ハーバード大学の広大なキャンパスの中、やっとの思いで Kramer 研究室を探し当て、ドアをノックしたときに真っ先に歓迎してくれたのは、教授でもラボメンバーでもなく、二匹のラブラドル犬でした。教授室の一角に陣取り、授業にもついていく Kramer 教授の愛犬、Oscar と Gracie です。人懐っこい Oscar にすり寄られ、神経質な Gracie に吠えたりされながら、自由の国アメリカを感じました。国が違えば研究室も違うというのは当たり前かもしれませんが、なにしろ違いが大きいのでその戸惑いもひとしおです。到着してさっそく実験を始めようと思い、一般的な滅菌器の場所を尋ねたら、研究室の大学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

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。

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GRESS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。

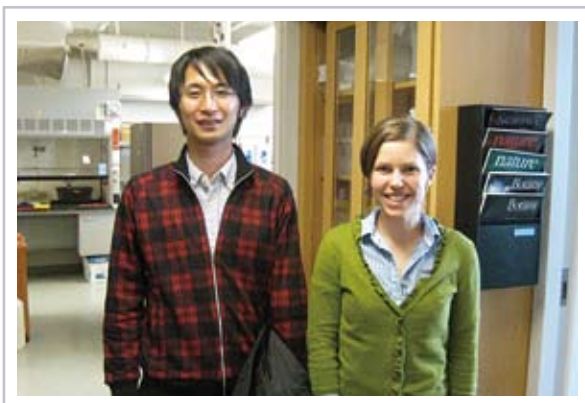
学生海外派遣事業を利用した訪米は、非常に価値ある経験となりました。英語能力が向上したことや自身の研究に新たなアプローチを付加できたことだけではなく、海外の研究者とのコミュニティ形成も、得られた成果の一つではないかと思っています。今回のアメリカ滞在で多くの方から受けた御恩は、今後の研究進展に代えてお返ししたいと考えています。



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。



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。



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。

生命科学リトリート

生命科学研究科の基礎生物学専攻、生理科学専攻、遺伝学専攻および、先導科学研究科の生命共生体進化学専攻の、4専攻のメンバーが一堂に会して、合宿形式で行われる研究交流会です。普段は、岡崎（基礎生物学専攻・生理科学専攻）・三島（遺伝学専攻）・葉山（生命共生体進化学専攻）に分散して研究を行っている院生や教員が集い、熱い議論を繰り広げる良い機会となっています。2011年度は12月1日～2日の日程で、掛川市のヤマハリゾートつま恋にて開催されました。生命系4専攻に加えて、極地科学専攻や構造分子科学専攻、機能分子科学専攻、インドのIISERからも参加者が集まり、大変賑やかな会になりました。



2011年度生命科学リトリート

基礎生物学専攻で開講されている科目（抜粋）

生命科学研究科共通専門科目

分子細胞生物学Ⅰ～Ⅱ
発生生物学Ⅰ
神経科学
バイオインフォマティクス概論
イメージング科学
数理生物学演習
生命科学プロGRESSⅠ～Ⅴ
生命科学実験演習Ⅰ～Ⅴ
生命科学論文演習Ⅰ～Ⅴ
生命科学セミナーⅠ～Ⅴ など

基礎生物学専攻 専門科目

基礎生物学概論
細胞生物学
発生生物学
環境生物学
神経生物学
進化多様性ゲノム生物学
生殖発生学
基礎生物学英語口語 表現演習Ⅰ～Ⅴ
基礎生物学英語筆記 表現演習Ⅰ～Ⅴ
アドバンストコンファレンスⅠ～Ⅴ

特別カリキュラム

総合研究大学院大学では、専攻の枠を越えたカリキュラムが開講されており、学生はこれらを自由に受講することができます。

[統合生命科学教育プログラム](#)

[脳科学専攻間融合プログラム](#)



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：

北海道大学 弘前大学 奥羽大学 東京大学 早稲田大学 横浜国立大学 立教大学 東海大学 信州大学 静岡大学 名古屋大学 名古屋市立大学 三重大学 京都府立医科大学 神戸大学 広島大学 新居浜工業高等専門学校 九州大学 Haerbin Inst. of Technology, Univ. of Victoria, Univ. of Texas at Austin, China Agricultural Univ. (2006年度 - 2012年度 入学者)

博士後期課程：

北海道大学大学院 東北大学大学院 東京大学大学院 東京理科大学大学院 東京農業大学大学院 上智大学大学院 北里大学大学院 横浜国立大学大学院 信州大学大学院 名古屋大学大学院 名城大学大学院 三重大学大学院 奈良先端科学技術大学院大学 大阪薬科大学大学院 鳥取大学大学院 徳島大学大学院 (2006年度 - 2012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 北海道大学 東京大学 東京工業大学 慶応義塾大学 東京海洋大学 奈良先端大学 九州大学 西南大学 (中国) The Hong Kong University of Science and Technology, University of Texas)、高校教員 (2006年度 - 2012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員の推薦書、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

基礎生物学研究所では、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。

2011 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	哺乳類の卵管上皮繊毛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
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
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
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
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 β -オクトパミン受容体の遺伝発現および機能解析
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
遠山 早紀	静岡県立大学大学院 生活健康科学研究科 環境物質科学専攻	魚類エストロゲン受容体サブタイプ (α , β 1, β 2) の機能解析
陳 陽	北海道大学大学院 生命科学院 生命科学専攻	原始緑藻オストレオコッカスの光合成における鉄制限機構の研究

特別共同利用研究員
石 東博
(初期発生研究部門)



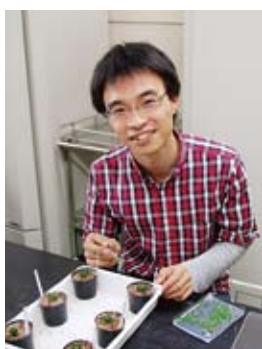
ショウジョウバエを研究していた教授がふと、マウスもちょっと調べてみたいなどと。それが私が基生研にやってくるきっかけでした。恥ずかしながら、まだ当時は愛知と言えば名古屋ぐらいしか知らず、「キセイケン？ドコソコ？」状態でしたが、それが今となってはこの研究所にいることを誇りに思い、こうして筆を執ることになりました。

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。

各研究室内に学生は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います。

特別共同利用研究員
為重 才覚
(植物器官形成学研究部門)



私は特別共同利用研究員制度を利用して、京大の大学院生として基礎生物学研究所で研究を行っています。複数のラボに所属する身というのは、複雑で大変そうに聞こえるかもしれませんが、実際は大きなメリットがあります。簡単に言うと、すべて2倍になります。指導してくれる人、研究に使える設備、さまざまな研究者と接する機会、学生仲間、2倍になると嬉しいものがたくさんあります。

私の場合京大のボスも基生研でのボスも懐が深く、暖かく応援・指導してくれるというのがもちろん最大のメリットですが、学生仲間も私にとってかなり重要です。基生研では総研大生も他の所属の学生もあまり垣根がなく、他のラボの学生とワイワイ遊んだり飲んだりする機会もあるし、(単位は出ませんが) 出たい授業には自由に出席するし、お互い研究の相談なども気軽にしています。ちなみに私の場合は一時期、勝手に卓球部長を自称して他のラボの人達と卓球をしていました。ただ、飽きっぽい性格のため卓球部は自然消滅してしまいましたが、最近は誘われて何人かでボルダリングに行ったりしています。

もちろん学生以外の他のラボの人達との交流も多いものです。基生研では他のラボの先生や有志が主催する勉強会、セミナーがいくつもあるからです。さすが基生研で研究をしている方々だけに、さまざまな観察技術、解析手法に精通したスペシャリストが揃っていて、そんな人達が参加する勉強会に出席していると、自分の無学さを感じるのはいくらでもありません。でも自分の方から積極的に参加して質問するくせさえつければ、どんどん自分の知識や人脈を広げることができます。実際そうして身につけた顕微鏡のノウハウや統計手法は私自身の研究に役立っていますし、そうして知り合った方々に研究の相談に乗ってもらったり、一緒に遊んだり、基生研生活を満喫しています。

基生研での環境を活用できるかどうかはもちろん本人次第だと思いますが、特別共同利用研究員は多くの大学院生にとって魅力的な学生生活の選択肢だと思います。

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の専任職員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。DSLML 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)

2011年度 重点共同利用研究	研究代表者名・所属	
発達過程におけるエネルギー代謝物質の動態およびその分子機能の解析	林 良樹	自然科学研究機構基礎生物学研究所
Axial stem cells (軸形成幹細胞) の制御による体軸形成	近藤 寿人	大阪大学大学院生命機能研究科
次世代シーケンサーを用いた、突然変異体の原因遺伝子同定法の確立	澤 進一郎	熊本大学大学院自然科学研究科
脊椎動物の社会性を生み出す脳神経基盤と行動法則の解明を目指した生医工連携研究の確立	竹内 秀明	東京大学大学院理学系研究科
ヒト疾患モデルとしてのメダカ：コンディショナル KO などを使った多面的解析系の確立	谷口 善仁	慶應義塾大学医学部
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
2011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	
環境生物学の新興モデル生物「エンドウヒゲナガアブラムシ」の研究者コミュニティ形成とポストゲノム研究基盤構築	重信 秀治	自然科学研究機構基礎生物学研究所
海産ラフィド藻における生理生態特性の分子解析手法の確立	紫加田 知幸	水産総合研究センター瀬戸内海区水産研究所
2011年度 個別共同利用研究	研究代表者名・所属	
アジサイの青色花色発現に必須の金属輸送体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細胞死の生物学的意義の解明	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 の標的遺伝子および発現制御の解析	向 正則	甲南大学理工学部
カイコバキュロウイルスの初期遺伝子発現ネットワークのシステム解析	伴戸 久徳	北海道大学大学院農学研究院
消化管内胚葉の管形成における細胞動態	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と骨片骨格形成過程の解明	船山 典子	京都大学大学院理学研究科
シナプスの情報伝達調節分子に関する超微形態学的研究	臼田 信光	藤田保健衛生大学医学部
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	実験動物中央研究所応用発生学研究部
トゲウオ科魚類における性染色体転座と種分化	北野 潤	国立遺伝学研究所新分野創造センター
植物細胞内における RNA 移動にかかわる構造体の解析	渡邊 雄一郎	東京大学大学院総合文化研究科
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
ミヤコグサおよびその根粒菌の遺伝子精密破壊法の開発・改良	佐伯 和彦	奈良女子大学理学部
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
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
TILLING 法による成長ホルモン受容体 / ソマトラクチン受容体ノックアウトメダカの作出	深町 昌司	日本女子大学理学部
メダカコンジェニック系統の高速作成システムの動作確認	新屋 みのり	情報・システム研究機構国立遺伝学研究所
遺伝子改変メダカの作製, および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	鈴木 雅一	静岡大学理学部
メダカの色素胞発生における Sox ファミリーの機能解析	橋本 寿史	名古屋大学生物機能開発利用研究センター
下等脊椎動物における中胚葉組織形成の機構解明	内山 英穂	横浜市立大学大学院生命ナノシステム科学研究科
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
生殖系列を制御するアンドジェン受容体の活性化を制御するセロトニン合成酵素の機能解析	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
マウス雌性生殖腺の遺伝子発現に対する周生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
エストロゲンによるメダカ雄生殖腺の分化転換機構の解析	小林 亨	静岡県立大学環境科学研究科
アンドロゲン様物質により誘導される両生類精巢分化過程における遺伝子発現解析	高瀬 稔	広島大学大学院理学研究科
ヒメツリガネゴケ光環境応答機構の分光学的解析	岩井 優和	理化学研究所基幹研究所
「カメレオン・ナノ」トランスジェニックマウスを用いた Ca^{2+} 依存性分泌機能の 2 光子可視化解析	根本 知己	北海道大学電子科学研究所
着床期付近の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
植物細胞における細胞板位置決定機構の解明	園部 誠司	兵庫県立大学大学院生命理学研究科
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	愛媛大学大学院医学系研究科
環境依存的な染色体放出によるアブラムシの雄産性機構の解析	三浦 徹	北海道大学大学院地球環境科学研究科
アブラムシ多型発現のエピジェネティックな調節機構の解析	佐々木 哲彦	玉川大学学術研究所
ミトコンドリア機能の多様性と病態変化の解析	臼田 信光	藤田保健衛生大学医学部
Gene body メチル化の生物学的意義と分子機構の解明	鈴木 美穂	愛知県心身障害者コロニー発達障害研究所
IR-LEGO 顕微鏡による脈管内皮細胞での遺伝子発現系の樹立	木村 英二	岩手医科大学医学部
GnRH ニューロンおよびキスペプチン神経系の TILLING による機能阻害による研究	岡 良隆	東京大学大学院理学系研究科
Mathematical morphology による組織切片像の新しい定量的評価手法の開発	尾田 正二	東京大学大学院新領域創成科学研究科
外部形態の背側化を制御するメダカ <i>zic1/zic4</i> 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
R-Avr 認識後の細胞間防御応答シグナルの解析	別役 重之	東京大学教養学部
神経線維腫症 I 型モデルメダカの試み	國仲 慎治	慶應義塾大学医学部
TILLING 法によるプログステロン受容体遺伝子変異メダカの作出	徳元 俊伸	静岡大学理学部
赤外レーザー遺伝子発現顕微鏡 (IR-REGO) 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
ライブイメージングと IR-LEGO システムで迫る植物メリステムの制御動態	植田 美那子	奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科
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
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
イネの機能ゲノム学的解析のための効率的なトランスポゾンタグライクの育成と単離法の開発	前川 雅彦	岡山大学資源植物科学研究所
植物オートファジーによるペルオキシソームの選択的分解機構	白須 賢	理化学研究所植物科学研究センター
出芽酵母前孢子膜形成過程のリン酸化・脱リン酸化による制御機構の解明	舘川 宏之	東京大学大学院農学生命科学研究科

細胞増殖におけるオートファジーの役割解明	大隅 良典	東京工業大学フロンティア研究機構
短日植物イネの開花統御機構	寺田 理枝	名城大学農学部
ゼブラフィッシュ中枢神経再生・修復分子の活性化機構に関する研究	杉谷 加代	金沢大学医薬保健研究域
メダカ突然変異体を用いたアリアルスルファターゼの形態形成における機能の解析	中坪 敬子	広島大学大学院理学研究科
アリ類の長期間にわたる大量の精子貯蔵メカニズムとその進化の解明	後藤 彩子	琉球大学農学部
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
環境メタゲノムの情報学的研究	高見 英人	海洋研究開発機構極限環境生物圏研究センター
アサガオにおけるストレス応答花成の遺伝子制御	和田 清俊	新潟大学理学部
マウス咽頭嚢発生における遺伝子発現制御機構の研究	大久保 直	北里大学医学部
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
モデル小型魚類利用によるシアル酸代謝とその機能解明研究	北島 健	名古屋大学生物機能開発利用研究センター
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
養殖魚類のゲノム育種研究	坂本 崇	東京海洋大学海洋科学部
ミヤコグサおよびダイズにおける開花調節機構の解析	瀬戸口 浩彰	京都大学大学院人間・環境学研究科
メダカの生殖細胞の培養、保存および保存細胞からの個体作成技術の開発	酒井 章衣	兵庫県立大学大学院生命理学研究科
キジラミ菌細胞のトランスクリプトーム解析	中鉢 淳	東京工業大学大学院生命理工学研究科
新生児期化学物質暴露による甲状腺ホルモン系攪乱作用の分子機構の解明	藤本 成明	広島大学原爆放射線医科学研究所
ポジショナルクローニング法を用いた突然変異原因遺伝子および人工遺伝子導入部位の検索	木下 政人	京都大学大学院農学研究科
トンボの体色変化・体色多型に関わる色素の解析	深津 武馬	独立行政法人産業技術総合研究所生物プロセス研究部門
サル大脳新皮質における領野特異性・回路特異性規定因子の探索	郷 康広	京都大学霊長類研究所
ナノ粒子の表面修飾と細胞侵入量依存性に関する研究	松井 康人	京都大学大学院工学研究科
タンパク質架橋化酵素ファミリー遺伝子産物の生理的意義の解明	人見 清隆	名古屋大学大学院生命農学研究科
メダカ脳におけるアンドロゲン受容体の機能と局在の解明	坂本 浩隆	岡山大学大学院自然科学研究科
シロアリ類における化学的防衛の進化の解明	北條 優	琉球大学熱帯生物圏研究センター
深海性二枚貝と化学合成細菌の共生系における遺伝子発現解析	吉田 尊雄	海洋研究開発機構海洋・極限環境生物圏領域
TORC1 キナーゼによるタンパク質リン酸化シグナルカスケードの解析	丑丸 敬史	静岡大学理学部
再生組織可視化トランスジェニックメダカを用いた再生因子スクリーニングモデルの開発	出口 友則	産業技術総合研究所健康工学研究部門
プロバイオティクス乳酸菌 <i>Lactobacillus gasseri</i> の抗菌ペプチド(バクテリオシン)の作用発現メカニズムの解明	齋藤 忠夫	東北大学大学院農学研究科
アフリカツメガエルを用いた初期胚発生における(プロ)レニン受容体の分子発生物学研究	鈴木 文昭	岐阜大学応用生物科学部
植物の環境感覚システム解明のための網羅的遺伝子発現解析	長谷 あきら	京都大学大学院理学研究科
GnRH2 ニューロン局所破壊による行動学的解析	岡 良隆	東京大学大学院理学系研究科
IR-LEGO を用いた根の細胞間シグナル伝達機構の解析	中島 敬二	奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科
哺乳類概日リズムの中核組織における情報伝達と対称性の研究	沼野 利佳	豊橋技術科学大学エレクトロニクス先端融合領域
COPII 小胞輸送異常により引き起こされる遺伝子発現変動解明のための網羅的発現解析	中川 強	島根大学総合科学研究支援センター

2011年度研究会	研究代表者名・所属	
生命情報科学若手の会 第3回研究会	岩崎 渉	東京大学大気海洋研究所
The 1st Japan-Taiwan Joint Meeting on Protein Phosphatases	的崎 尚	神戸大学大学院医学研究科
遺伝子機能解析の最先端-ZFNおよびTALENを用いた遺伝子改変の実験-	山本 卓	広島大学大学院理学研究科
微細藻類の潜在力解明へ向けた生態および細胞内制御機構の統合的研究	大西 紀和	自然科学研究機構基礎生物学研究所
サンゴ・褐虫藻研究連絡会議	皆川 純	自然科学研究機構基礎生物学研究所
第9回クラミドモナス・ワークショップ	皆川 純	自然科学研究機構基礎生物学研究所

2011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能解明	池畑 広伸	東北大学大学院医学系研究科
南極湖沼に棲息する藻類の光合成波長依存特性に関する研究	田邊 優貴子	東京大学大学院新領域創成科学研究科



メダカにおいて交尾前生殖隔離行動を誘発する光波長の同定	深町 昌司	日本女子大学理学部
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
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
光屈性の光量反応曲線に見られる多相性の波長依存性	飯野 盛利	大阪市立大学大学院理学研究科
イカダケイソウの光感受性	園部 誠司	兵庫県立大学大学院生命理学研究科
紫外線単独、ならびに化学物質共存下での突然変異・DNA 損傷誘起に関する研究	有元 佐賀恵	岡山大学大学院医歯薬学総合研究科
海産植物プランクトンにおける発芽と日周鉛直移動の光制御機構に関する研究	紫加田 知幸	水産総合研究センター瀬戸内海区水産研究所

2011 年度 DSLM 共同利用実験	研究代表者名・所属	
DSLM 顕微鏡を用いた小型動物における Ca ²⁺ 動態の可視化	永井 健治	北海道大学電子科学研究所
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
細胞性粘菌の子実体形成における時空間の動態解析	澤井 哲	東京大学大学院総合文化研究科
ホヤ幼生形態形成過程の全細胞トラッキング	堀田 耕司	慶應義塾大学理工学部
アメーバ運動に伴う細胞膜ダイナミクス	園部 誠司	兵庫県立大学大学院生命理学研究科
メダカのリンパ管発生過程のライブイメージング	出口 友則	産業技術総合研究所健康工学研究部門
マウス初期胚での生体エネルギー分布の観察	山本 正道	群馬大学先端科学研究指導者育成ユニット
細胞性粘菌における子実体の伸長機構の解析	上田 昌宏	大阪大学大学院生命機能研究科

2011 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	
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
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
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ゲノム機能改変研究ユニット
体色変化を引き起す共生細菌のゲノム解析、ならびに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	富山大学先端ライフサイエンス拠点
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	東京医科歯科大学大学院医歯学総合研究科
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所
有袋類の性分化遺伝子の網羅的解析	颯田 葉子	総合研究大学院大学先端科学研究科
脈管障害等臓器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
食虫植物の消化酵素遺伝子同定および葉形態形成遺伝子群の単離	長谷部 光泰	自然科学研究機構基礎生物学研究所
高等植物単膜系オルガネラ形成の制御遺伝子群の迅速同定	林 誠	自然科学研究機構基礎生物学研究所
サル視覚野における活動依存的遺伝子の同定	渡我部 昭哉	自然科学研究機構基礎生物学研究所
RNA-seq による根粒原基形成に関する遺伝子の網羅的同定	寿崎 拓也	自然科学研究機構基礎生物学研究所
次世代シーケンサーを用いたシロイヌナズナ EMS 突然変異体原因遺伝子の迅速同定法の開発	立松 圭	自然科学研究機構基礎生物学研究所
クロオオアリの社会行動の分子基盤研究のためのゲノムおよび RNA-seq 解析	尾崎 まみこ	神戸大学大学院理学研究科
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粉米の DNA 解析	中西 徹	就実大学薬学部
二次共生成立機構解明のためのミドリゾウリムシの全ゲノム塩基配列の解読	藤島 政博	山口大学大学院理工学研究科
分散型動物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
Study on the epigenetic factors acting downstream of DNA methylation using Arabidopsis mutants	西村 泰介	名古屋大学生物機能開発利用研究センター
Profiling of long non-coding RNA in Drosophila germline stem cell lineage	甲斐 歳恵	Temasek Lifesciences Laboratory
Identification of the YVE and MS07 genes which controls chlorophyll development and organ formation in shoot apex, respectively.	KIM, Gyung-tae	Dong-A University Department of Molecular Biotechnology
ゼブラフィッシュ側線神経の細胞集団における単一細胞遺伝子発現ゆらぎの解析	塚原 達也	東京大学大学院理学系研究科
昆虫類における社会組織化の分子機構とその進化過程	三浦 徹	北海道大学大学院地球環境科学研究科
倍数体化に伴う alternative splicing の変化に関する解析	塚谷 裕一	東京大学大学院理学系研究科
「次世代高速シーケンサー 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	理化学研究所植物科学研究センター
新規な遺伝形質獲得機構の解明	田端 和仁	東京大学大学院工学系研究科
半翅目昆虫と共生細菌の相互作用に関する網羅的遺伝子発現解析	深津 武馬	産業技術総合研究所生物プロセス研究部門
次世代シーケンサーによるミヤコグサ共生変異体原因遺伝子の迅速同定	川口 正代司	自然科学研究機構基礎生物学研究所

ヒメツリガネゴケのリプログラミングを制御する分子機構の解明	玉田 洋介	自然科学研究機構基礎生物学研究所
カメの甲の新規形態パターンをもたらした発生機構の変化	入江 直樹	理化学研究所発生・再生科学総合研究センター
海産珪藻における光発芽のトランスクリプトーム解析	紫加田 知幸	水産総合研究センター瀬戸内海区水産研究所
アリ類の長期間にわたる大量の精子貯蔵メカニズムとその進化の解明	後藤 彩子	琉球大学農学部
コンロンソウ (Cardamine leucantha) における 3 成長相メリステムの比較トランスクリプトーム解析	工藤 洋	京都大学生態学研究センター
次世代シーケンサーによる系統解析の革新	西山 智明	金沢大学学際科学実験センター
次世代シーケンサーを用いた、珪藻フェオダクチラムおよび緑藻クラミドモナスの環境適応に関わる遺伝子の探索	皆川 純	自然科学研究機構基礎生物学研究所
アノルトカゲにおける複合適応形質としての温度適応分化の遺伝的基盤の解明	牧野 能士	東北大学大学院生命科学研究所
カブトムシの角 (ツノ) 形成遺伝子群の単離	新美 輝幸	名古屋大学大学院生命農学研究科
性的二型と闘争・求愛行動の進化	松尾 隆嗣	東京大学大学院農学生命科学研究科
ミヤコグサおよびダイズ野生種における開花調節機構の解析	瀬戸口 浩彰	京都大学大学院人間・環境学研究科
マイマイカブリのゲノムと適応形態遺伝子	曾田 貞滋	京都大学大学院理学研究科
棘皮動物プルテウス幼生進化に関する研究	和田 洋	筑波大学大学院生命環境科学研究科
送粉適応した協調的な花形質の進化: キスゲ属における遺伝子基盤とその分子進化の解明	新田 梢	九州大学大学院理学研究院
寄生植物コシオガマの寄生形質獲得に関わる遺伝子の同定	吉田 聡子	理化学研究所植物科学研究センター
東アフリカ 3 大湖産シクリッドの網羅的ゲノム決定とその比較	岡田 典弘	東京工業大学大学院生命理工学研究科
DNA トランスポゾンを用いた逆遺伝学的手法によるイネ遺伝子破壊系統の構築	梶根 一夫	自然科学研究機構基礎生物学研究所
次世代 DNA シーケンサーを用いた養殖魚類のゲノム育種研究	成瀬 清	自然科学研究機構基礎生物学研究所

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ました（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

所長招聘

2011 年度

毛利 秀雄 自然科学研究機構 基礎生物学研究所

受賞・受章

2011 年度

文部科学大臣表彰 科学技術賞

田中 実 (生殖遺伝学研究部門 准教授)

2011 年度 日本動物学会 学会賞

井口 泰泉 (分子環境生物学研究部門 教授)

2011 年度 日本神経科学学会 奨励賞

檜山 武史 (統合神経生物学研究部門 助教)

日本プロテインホスファターゼ研究会 第2回奨励賞

久保山 和哉 (統合神経生物学研究部門 研究員)

第6回日本植物分類学会大会発表賞 口頭発表部門

福島 健児 (生物進化研究部門 大学院生)

2012 年度 (7月1日現在)

総合研究大学院大学 学長賞

柴田 美智太郎 (高次細胞機構研究部門 大学院生)

自然科学研究機構 若手研究者賞

宮川 信一 (分子環境生物学研究部門 助教)

異動の記録

採用

2011 年度

小山 宏史 助教 初期発生研究部門 2011年4月1日

2012 年度

石川 雅樹 助教 生物進化研究部門 2012年4月1日

三井 優輔 助教 分子発生学研究部門 2012年4月1日

和氣 弘明 助教 光脳回路研究部門 2012年4月1日

転出

2011 年度

影山 裕二 岡崎統合バイオサイエンスセンター 特任助教
2011年9月30日

異動先：神戸大学 准教授

小川 和男 准教授 2012年3月31日 (定年退職)

日渡 祐二 助教 2012年3月31日

異動先：Aberystwyth University, IBERS 研究員

渡邊 孝明 助教 2012年3月31日

異動先：Lerner Research Institute, Cleveland Clinic 研究員

プレスリリース一覧

< 2011 年度 >

2011 年 5 月 6 日

シダゲノムの解読 ～陸上植物遺伝子の予想外の多様性を発見：遺伝子資源として有用～
(イヌカタヒバ *Selaginella moellendorffii* ゲノム国際コンソーシアム／生物進化研究部門)

2011 年 6 月 18 日

ペルオキシソームのタンパク質輸送に関わる植物特異的な新規因子を発見
(高次細胞機構研究部門)

2011 年 7 月 8 日

生殖細胞の性別を決める遺伝子の発見
(発生遺伝学研究部門)

2011 年 7 月 15 日

TRPV1 チャンネルの浸透圧感受性が温度や酸などの異なる刺激によって相乗的に増強される
ことを発見
(統合神経生物学研究部門)

2011 年 11 月 23 日

植物ホルモン、ジベレリンの出現の謎を世界で初めて解明 –植物の生殖制御への応用に期待–
(名古屋大学高等研究院／生物進化研究部門)

2012 年 1 月 11 日

メダカは生物学的 1 / f ゆらぎを利用してミジンコを捕らえる！ ～捕食者と被食者の関係性を
数理モデルとして定式化することに成功～
(神経生理学研究室)

2012 年 1 月 13 日

脊椎動物の性決定のシステムは動物によって異なる
(生殖遺伝学研究室)

2012 年 3 月 5 日

神経管をつくるには周囲の細胞の動きも重要
(形態形成研究部門)

2012 年 3 月 6 日

葉が平たい形に成長するメカニズムを解明
(植物器官形成学研究室)

基礎生物学研究所コンファレンス

第 59 回基礎生物学研究所コンファレンス

Neocortical Organization

「大脳新皮質の構築」

開催期間：2012年3月10日～13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）

後藤 由季子（東京大学）

島崎 琢也（慶應義塾大学）

森 郁恵（名古屋大学）

Sessions

1: Neural Precursors and their Early Fate Determination

2: Neural Precursors and their Late Fate Determination

3: Neural Precursors and Determination of the Specificity of Neural Projections

4: Neural Connections

5: Brain Formation

招待講演者

Gregg, Christopher (Univ. of Utah, USA)

Guillemot, Francois (NIMR, UK)

Hensch, Takao (Harvard Univ., USA)

Kriegstein, Arnold (UCSF, USA)

Nieto, Marta (CSIC, Spain)

Polleux, Franck (TSRI, USA)

Shi, Song-Hai (MSKCC, USA)

Yuste, Rafael (Columbia Univ., USA)

相沢 慎一（理化学研究所 CDB）

池谷 裕二（東京大学）

岡野 栄之（慶應義塾大学）

大隅 典子（東北大学）

貝淵 弘三（名古屋大学）

影山 龍一郎（京都大学）

狩野 方伸（東京大学）

川口 泰雄（生理学研究所）

後藤 由季子（東京大学）

坂野 仁（東京大学）

島崎 琢也（慶應義塾大学）

田川 義晃（京都大学）

鍋倉 淳一（生理学研究所）

野田 亮（京都大学）

花嶋 かりな（理化学研究所 CDB）

榎 正幸（筑波大学）

松崎 政紀（基礎生物学研究所）

松崎 文雄（理化学研究所 CDB）

三品 昌美（東京大学）

村上 富士夫（大阪大学）

森 郁恵（名古屋大学）

山森 哲雄（基礎生物学研究所）

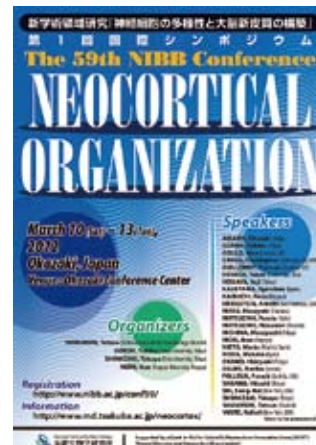
開催報告

オーガナイザー 山森 哲雄
（脳生物学研究部門）

2012年3月10日～13の4日間、岡崎コンファレンスセンターで第59回基礎生物学研究所コンファレンス「大脳新皮質の構築」を新学術領域研究「神経細胞の多様性と大脳新皮質の構築」第1回国際シンポジウムとの共催により開催し、国内外から137名が参加した（講演者31名）。

本シンポジウムは、大脳新皮質に焦点を当て、この分野の研究の現状を知り、研究を更に活性化させるために開催した。「大脳新皮質の構築」をテーマにした国際シンポジウムが4日間連続して開催されるのは日本ではおそらく今回が初めての試みで、国内外の第一線の研究者が最新の研究進展を議論する場となった。

ポスターセッションでは若手研究者を中心に48名が発表し、その後の懇親会までディスカッションが続き、これをきっかけに実際に共同研究が始まったものもある。



この分野で、最近、特に研究が進んでいるのは、神経幹細胞の多様性制御が大脳新皮質の層の違いを生むしくみについてであるが、今後、これらの制御機構の解明が視床一皮質結合や皮質一皮質結合の神経結合の特異性や大脳皮質領野形成と繋がることを期待したい。





生物学国際高等コンファレンス

Okazaki Biology Conference

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 2012年3月18日～23日

"Speciation and Adaptation II - Environment and Epigenetics -"

「種分化と適応 2: 環境とエピジェネティクス」

OBC ホームページ

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

第8回生物学国際高等コンファレンス (OBC)

Speciation and Adaptation II - Environment and Epigenetics -

「種分化と適応 2: 環境とエピジェネティクス」

開催期間: 2012年3月18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: 高橋 文 (国立遺伝学研究所・現首都大学東京)

Michael Purugganan (New York Univ., USA)

石野 史敏 (東京医科歯科大学)

長谷部 光泰 (基礎科学研究所)

Sessions

1: Ecological Genomics

2: Evolutionary Genomics and Adaptation I

3: Evolutionary Genomics and Adaptation II

4: Genetics and Genomics of Speciation

5: Epigenetics in Development and Its Transgenerational Effects I

6: Epigenetics in Development and Its Transgenerational Effects II

7: Evolution of Developmental systems

招待講演者

Chong, Suyinn (QueenIsland Inst. of Medical Research, Australia)

Colot, Vincent (IBENS, France)

Comai, Luca (UC Davis, USA)

Feder, Martin (Univ. of Chicago, USA)

Gibson, Greg (Georgia Inst. of Tech., USA)

Graves, Jennifer (La Trobe Univ., Australia)

Gresham, David (New York Univ., USA)

Guerrero-Bosagna, Carlos (New York Univ., USA)

Hanzawa, Yoshie (Univ. of Illinois, USA)

Leakey, Andrew (Univ. of Illinois, USA)

Muotri, Alysson (UC San Diego, USA)

Newfeld, Stuart (Arizona State Univ, USA)

Olsen, Kenneth (Washington Univ., USA)

Presgraves, Daven (Univ. of Rochester, USA)

Purugganan, Michael (New York Univ., USA)

Renfree, Marilyn (Univ. of Melbourne, Australia)

Schott, Daniel (Harvard Univ., USA)

Shimizu, Kentaro (Univ. of Zurich, Switzerland)

Stephan, Wolfgang (Univ. of Munich, Germany)

明石 裕 (国立遺伝学研究所)

荒木 希和子 (京都大学)

石井 俊輔 (理化学研究所)

開催報告

オーガナイザー 高橋 文、Michael Purugganan、石野 史敏、長谷部 光泰

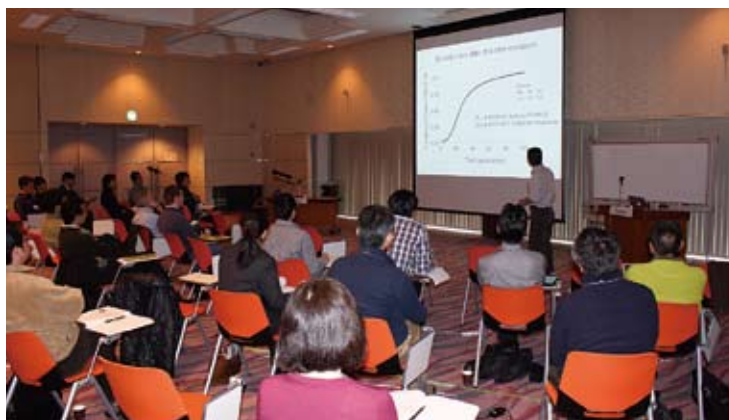
第8回OBCは2007年に開催された第5回OBC「Speciation and Adaptation - Ecological Genetics of Model Organisms and Beyond - 種分化と適応：モデル生物の生態ゲノミクスとその発展」を発展させ、「Speciation and Adaptation - Environment and Epigenetics - 種分化と適応：環境とエピジェネティクス」というテーマで開催された。基生研の主要研究テーマでもある環境に対する生物応答が進化にどのように関連するか、その際に、DNAメチル化、クロマチン修飾、レトロトランスポゾン転移などのエピジェネティックな要因がどう関わりうるのかという問題について、最先端の研究成果と挑戦的な仮説の提唱のもと、OBCが目的とする新分野の開拓を国内外の参加者が活発な討論のもと繰り返し広げた。本来は、2011年3月開催予定であったが、東日本大震災のため、延期を余儀なくされ、1年後の2012年3月に開催された。しかし、1年の開催延期は参加者に、より充実したデータを生み出す時間を提供することとなり、災いを転じてより大きな成果をあげることができた。

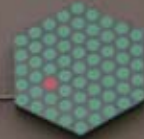
討議内容は、「適応と自然変異におけるメジャーとマイナーQTLの役割」、「自然集団における解析の必要性」、「ショウジョウバエを中心とした種分化を担う遺伝子や

その自然集団での多型に関する研究」、「世代を超えた多型維持機構と適応的意義」、「大進化とエピジェネティック変異との関連」などについて5日間にわたり7セッションが開催された。進化学、発生学、生態学が融合して、所謂、EcoEvoDevoとして発露しつつある分野であり、これまで異なったフィールドで研究してきた最先端研究者が一同に集まることで、従来の自分の研究領域を超え、他の研究領域の存在を認識する機会になり、寝食を共にすることで、極めて活発な討論が行われ、今後の新しい生物学分野を切り開くというOBCの目的にかなった会議であった。



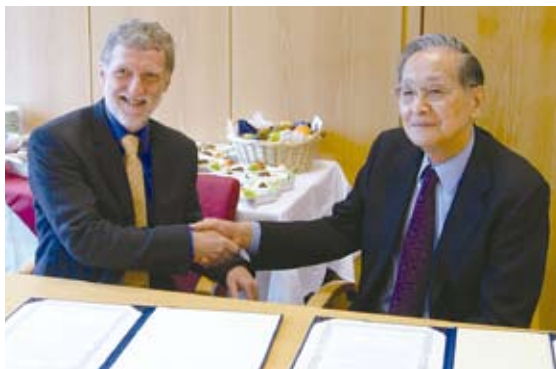
石野 史敏 (東京医科歯科大学)
伊藤 秀臣 (北海道大学)
印南 秀樹 (総合研究大学院大学)
岡田 典弘 (東京工業大学)
長田 直樹 (国立遺伝学研究所)
角谷 徹仁 (国立遺伝学研究所)
金岡 雅浩 (名古屋大学)
河村 正二 (東京大学)
北野 潤 (国立遺伝学研究所)
木下 哲 (奈良先端大)
工藤 洋 (京都大学)
桑原 知子 (産業技術総合研究所)
幸田 尚 (東京医科歯科大学)
澤村 京一 (筑波大学)
高橋 文 (国立遺伝学研究所)
高橋 一男 (岡山大学)
田中 健太 (筑波大学)
玉田 洋介 (基礎生物学研究所)
長谷部 光泰 (基礎生物学研究所)





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)

- 2011年11月16日～19日
The 2nd NIBB-EMBL PhD Mini-Symposium 2011 and
The 13th International EMBL PhD 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

NIBB- EMBL PhD 学生交流プログラム

The 2nd NIBB-EMBL PhD Mini-Symposium 2011 and The 13th International EMBL PhD Symposium "The Rhythm of Life: Cycles in Biology"

開催期間：2011年11月16日～19日
会場：EMBL Heidelberg (ドイツ)

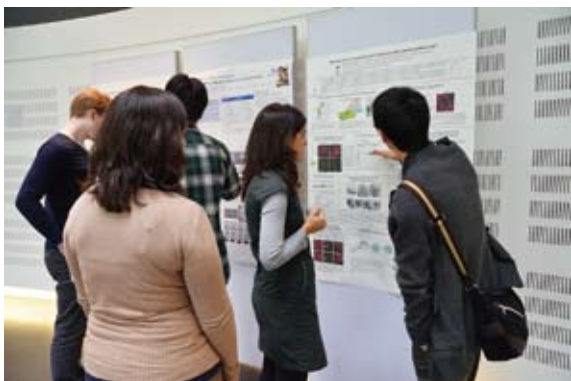
参加者

大学院生

大原 裕也 (基礎生物学研究所)
柴田 美智太郎 (基礎生物学研究所)
石 東博 (基礎生物学研究所)
徳江 萌 (基礎生物学研究所)
中田 未友希 (基礎生物学研究所)
養老 瑛美子 (基礎生物学研究所)
Wanglar Chimwar (基礎生物学研究所)
池上 啓介 (名古屋大学)
石田 快 (名古屋大学)
今井 早希 (名古屋大学)
村中 智明 (京都大学)

教員

鎌田 芳彰 (基礎生物学研究所)



参加報告

大学院生 中田 未友希
(植物器官形成研究部門)

EMBL への大学院生派遣で私は、シンポジウムに参加している同世代の研究者と交流したり、EMBL の施設見学をさせていただいたり、Marcus Heisler 博士の研究室でセミナーをさせていただいたり、たくさんの良い経験をさせていただきました。

EMBL ではたくさんのシンポジウム・トレーニングコースなどが開催されており、今回のシンポジウムでも様々な国からアクティブな若手研究者が多く参加しているようで、とてもオープンな雰囲気を感じました。

EMBL は所属している研究者もヨーロッパ中から集まっている、世界的にも屈指の研究機関です。顕微鏡や画像解析などのイメージング部門、次世代シーケンサーや qRT-PCR などのシーケンス部門、EMBL 内で物品を購入できる調達部門等が完備され、さすが世界でもトップクラスとうなずける充実具合でした。また、福利厚生が充実している点も印象的でした。

私の研究分野である植物発生学で先駆的な研究をしている Marcus Heisler 博士が EMBL に所属しておられたので、個人的にメールでディスカッションをお願いしたところ、研究室メンバー向けに発表しませんか、とご提案いただき、セミナー形式で発表させていただけることになりました。英語で発表するのは何度経験しても慣れないもので、ちゃんと理解していただけるか不安だったのですが、大いに興味を持って聞いていただけたようでほっとしました。さらに、私の考えに賛同していただけたこともあり、自分の研究内容に自信を持つことができました。

今回の大学院生派遣のおかげで、EMBL やヨーロッパの研究者と話すことができ、研究環境の実際を知ることができました。この経験を今後の研究に是非活かしていきたいと思います。





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
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2010年に基生研に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

第1回 NIBB - プリンストン大学 合同会議 Proteomics, Metabolomics, and Beyond

開催期間：2011年11月1日～2日
会場：岡崎コンファレンスセンター

オーガナイザー：Broach, James (Princeton Univ.)
Rabinowitz, Joshua (Princeton Univ.)
吉田 松生 (基礎生物学研究所)
重信 秀治 (基礎生物学研究所)
小林 悟 (基礎生物学研究所)

招待講演者

Broach, James (Princeton Univ., USA)
Cristea, Ileana (Princeton Univ., USA)
Gitai, Zemer (Princeton Univ., USA)
今村 博臣 (京都大学)
重信 秀治 (基礎生物学研究所)
田口 良 (中部大学)
田中 実 (基礎生物学研究所)
松林 嘉克 (基礎生物学研究所)
矢尾 育子 (関西医科大学)

講演者

北館 祐 (基礎生物学研究所)
佐藤 昌直 (基礎生物学研究所)
Cui, Songkui (基礎生物学研究所)



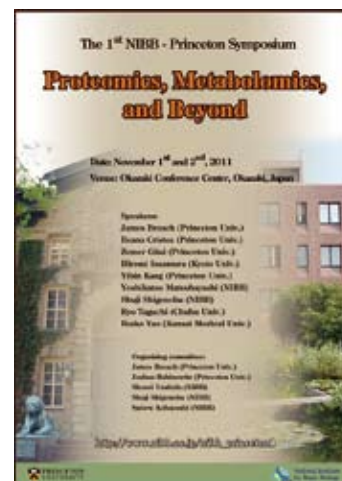
開催報告

オーガナイザー 吉田 松生
(生殖細胞研究部門)

第1回 NIBB-Princeton 大学連携シンポジウム “Proteomics, Metabolomics, and Beyond” が、2011年11月1日(火)～2日(水)に岡崎コンファレンスセンターにて開催された。このシンポジウムは、2010年に締結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くもので、基礎生物学研究所とプリンストン大学の Department of Molecular Biology が中心となって、学術交流と研究の推進を目指している。第1回のシンポジウムは、当初2011年6月に開催予定であったが、東日本大震災のため止む無く延期となっていた。今回、アメリカ東海岸の季節外れの豪雪のためプリンストン大学からの参加者の足が乱れたが、3名の参加を得て、念願の開催に至った。

本シンポジウムでは、プロテオミクス、メタボロミクスを中心とした「オミックス」のアプローチによる新しい方法論を用いて、さまざまな生物現象を解析しているユニークな研究が一堂に介した。酵母を用いた細胞外栄養環境と細胞内代謝との関連、バクテリアの代謝酵素分布の構造的基盤と細胞骨格の起源、脂質やタンパク質の空間的分布の網羅的解析 (イメージングマススペクトロメトリー)、タンパク修飾された植物ホルモンの同定と作用機構、細胞内における ATP のリアルタイムイメージングなど最新の研究についての講演は、生物学が新たな局面を迎えていることを実感させるものであった。さらに、ショートトークおよびポスター発表では、基礎生物学研究所で進行している研究について活発な議論が行なわれた。参加者一人一人の考えや興味をお互いに理解して、今後の交流と発展が楽しいシンポジウムであった。プリンストン大学や日本国内からの参加者は、シンポジウムののち基礎生物学研究所の施設・研究室見学を通して更に交流を深めた。

最後に、すべての参加者と、本シンポジウムの運営にあたった国際連携およびオーガナイザー研究室の方々に感謝する。



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)

NIBB-TLL 合同会議

2011年11月21日～22日

NIBB-TLL-MPIPZ 合同会議

Cell Cycle and Development (TLL, Singapore)

NIBB-TLL 合同プラクティカルコース

2011年11月14日～21日

第1回 NIBB-TLL Joint International Practical Course Developmental Genetics of Medaka IV (岡崎)

第3回 NIBB-TLL-MPIZ 合同会議

Cell Cycle and Development

開催期間：2011年11月21日～22日

会場：Auditorium Temasek Life Sciences Laboratory
(シンガポール)

オーガナイザー：Frederic Berger (TLL)
Karuna Sampath (TLL)
Toshie Kai (TLL)
Toshiro Ito (TLL)

Sessions

- 1 : Reproduction & Development
- 2 : Signaling
- 3 : Cell Division & Development
- 4 : Differentiation

招待講演者

Balasubramanian, Mohan (TLL, Singapore)
Berger, Fred (TLL, Singapore)
Coupland, George (MPIZ, Germany)
Nishii, Ichiro (TLL, Singapore)
Ingham, Philip (IMCB, Singapore)
Ito, Yoshiaki (NUS, Singapore)
Ito, Toshiro (TLL, Singapore)
Kai, Toshie (TLL, Singapore)
Kaldis, Philip (IMCB, Singapore)
Rorth, Pernille (IMCB, Singapore)
Sampath, Karuna (TLL, Singapore)
Simon, Ruediger (Heinrich-Heine Universität, Germany)
Turck, Franziska (MPIZ, Germany)
Yu, Cai (TLL, Singapore)
幾井 恵見 (Brooklyn College, USA)
上野 直人 (基礎生物学研究所)
鎌田 芳彰 (基礎生物学研究所)
川口 正代司 (基礎生物学研究所)
五島 剛太 (名古屋大学)
後藤 弘爾 (岡山県農林水産総合センター)
長谷部 光泰 (基礎生物学研究所)
松林 嘉克 (基礎生物学研究所)
吉田 松生 (基礎生物学研究所)



開催報告

オーガナイザー 松林 嘉克
(細胞間シグナル)

基礎生物学研究所 (NIBB) とテマセク生命科学研究所 (TLL) およびマックス・プランク植物育種学研究所 (MPIZ) は、2011年11月21-22日の日程で、3rd NIBB-TLL-MPIZ Joint Symposium 2011 “Cell Cycle and Development” をシンガポールの TLL にて開催した。赤道に近いシンガポールは、冬とはいえ連日気温 30 度、湿度 80% を超える熱気にあふれた都市である。この合同シンポジウムは、日本・シンガポール・ドイツにおける細胞周期や発生および関連する基礎生物学分野の研究者の講演により、分野を超えた国際学術交流の推進を図ろうとするものである。日本からは、基礎生物学研究所からの 6 名の講演者に加え、基礎生物学研究所が日本の基礎生物学研究者コミュニティから公募した 3 名の研究者が参加した。3 題の基調講演 (Prof. Mitsuyasu Hasebe (NIBB)、Prof. Yoshiaki Ito (TLL)、Prof. George Coupland (MPIZ)) を含め、トピックは、細胞周期、細胞分裂、生殖、発生、分化など多岐にわり、研究材料もマウス、シロイヌナズナ、コケ、ゼブラフィッシュ、アフリカツメガエル、酵母、ボルボックスなどバラエティーに富んだものとなった。いずれの発表も研究者の個性が色濃く反映された印象深いものとなっており、分野を超えた活発な質疑応答が予定時間を超えて繰り返された。ポスター発表では、主として若手研究者による十数件の発表があり、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、TLL の施設見学や植物園散策などのアクティビティー、ならびに大変美味なるシンガポール料理に囲まれた懇親会を通して、各研究所からの参加者が個人レベルで親交を深めることもでき、国際共同研究の企画が生まれるなど実りある 2 日間となった。



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 (2009年当時) と岡田清孝 基礎生物学研究所長

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)



マックス・プランク植物育種学研究所 訪問の様子

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)

第3回 2011年11月21日～22日
NIBB-TLL-MPIPZ 合同会議
Cell Cycle and Development (TLL, Singapore)

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)



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)



第三回 NIBB-TLL-MPIPZ 合同
Cell Cycle and Development
(TLL, Singapore) の様子

講演者等の情報は P.115 参照





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6回 NIBB International Practical Course 第1回 NIBB - TLL Joint International Practical Course Developmental Genetics of Medaka IV

開催期間：2011年11月14日～21日

Organizing committee:

東島 眞一 (生理学研究所)

亀井 保博 (基礎生物学研究所)

三谷 啓志 (東京大学)

成瀬 清 (基礎生物学研究所)

Laszlo Orban (TLL)

酒泉 満 (新潟大学)

Karuna Sampath (TLL)

高田 慎治 (基礎生物学研究所)

武田 洋幸 (東京大学)

田中 実 (基礎生物学研究所)

谷口 善仁 (慶應大学)

Christoph Winkler (National Univ. of Singapore)

山下 正兼 (北海道大学)

特別講義

“Characterization of Heat-Cre/LoxP Medaka”

田中 実 (基礎生物学研究所)

“Evolution of Developmental Mechanisms of Vertebrate Muscles”

日下部 りえ (神戸大学)

“Ecological Genetics of Threespine Stickleback”

北野 潤 (国立遺伝学研究所)

“Photoreceptor Degeneration Induced by Splice Factor Deficiency in a Zebrafish Model for Retinitis Pigmentosa”

Christoph Winkler (National University of Singapore, Singapore)

“TILLING”

谷口 善仁 (慶應義塾大学)

“Genetic Study of Quantitative Traits: Craniofacial Morphology in Medaka”

新屋 みのり (国立遺伝学研究所)

“ENU Mutagenesis”

出口 友則 (産業技術総合研究所)

実習

Transgenic Medaka (BAC homologous recombination and transposon mediated gene transfer)

木村 哲晃 (基礎生物学研究所)

竹花 佑介 (基礎生物学研究所)

Cryopreservation of sperm and artificial insemination

笹土 隆雄 (基礎生物学研究所)

Local gene induction with infrared laser-evoked gene operator (IR-LEGO) method

亀井 保博 (基礎生物学研究所)

Forward genetics approaches with ENU mutagenesis (Demonstration)

出口 友則 (産業技術総合研究所)

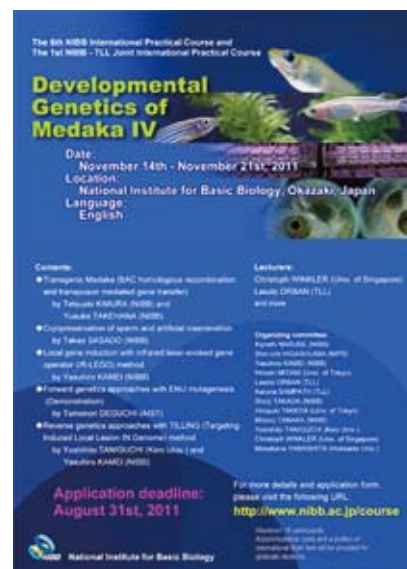
Reverse genetics approaches with TILLING (Targeting Induced Local Lesion IN Genome) method

谷口 善仁 (慶應義塾大学)

亀井 保博 (基礎生物学研究所)

受講生

日本 (4名)、台湾 (2名)、香港 (1名)、韓国 (1名)、中国 (1名)、シンガポール (1名)、ノルウェー (1名)、カナダ (1名)、アメリカ (1名)、イタリア (1名)、インド (1名)



第6回 プラクティカルコース開催報告

オーガナイザー 成瀬 清

(バイオリソース研究室)

2011年11月14日 - 21日の日程で第6回国際プラクティカルコース「Developmental Genetics of Medaka IV」が開催された。今回のコースは Temasek Life Science Institute (シンガポール) との合同実習コース “The 1st NIBB - TLL Joint International Practical Course” としての開催でもあった。シンガポールからは C. Winkler 准教授が参加され、招待講演をおこなった。国内からは田中実 (基礎生物学研究所)、日下部リエ (神戸大学)、北野純 (国立遺伝学研究所)、谷口善仁 (慶応大学)、新屋みのり (国立遺伝学研究所)、出口友則 (産業技術総合研究所) の6名の講師の方に実習と講演を担当していただいた。今回のコースではノルウェー、カナダ、韓国、イタリア、米国、インド、シンガポール、中国、日本の9カ国より16名の受講生が参加した。BACクローンを用いたトランスジェニックメダカの作製、凍結精子の作成と凍結精子を用いた人工授精、IR-LEGO (赤

外線レーザー) による局所的遺伝子発現制御系システム、ENU 処理による変異体作成 (ENU 処理のデモンストレーション)、High resolution melting (HRM) 法を用いた TILLING ライブラリースクリーニングによる逆遺伝学的アプローチを実習として学ぶとともに、講師の方々のセミナーを毎日受講するというかなりハードな日程となった。一方で日曜日には、受講者全員で東山動植物園「世界のメダカ館」を訪問し、バックヤードを含む施設見学を行うなど実習以外についても充実したコースであった。次回のコースは2012年7月22日 - 31日の日程でシンガポールにおいて行うことが決定された。



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。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。

ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース 2011 秋 「次世代 DNA シークエンサーデータ解析入門」

開催期間：2011 年9月8日～9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）
山口 勝司（基礎生物学研究所 生物機能解析センター）

内容

次世代シーケンサーのデータ解析概論：次世代 DNA シークエ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。

UNIX 入門・プログラミング入門：次世代 DNA シークエ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。

次世代シーケンサーの基本データフォーマット：fastq, GFF, BAM, bed など次世代シーケンサーデータで頻用されるフォーマットを理解する。

次世代シーケンサーの基本ツール：基本フォーマットを処理するための基本ツール (samtools, bedtools 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 IGV などのツールを使って可視化する。

実践演習：実データを使って実戦的な演習を行う。

受講生

15 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 2012 春 「トランスクリプトームデータ解析入門」

開催期間：2012 年3月 22 日～ 23 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）
佐藤 昌直（基礎生物学研究所 発生遺伝学研究部門）
山口 勝司（基礎生物学研究所 生物機能解析センター）

内容

トランスクリプトームデータ解析概論：次世代 DNA シークエンサーやマイクロアレイを用いたトランスクリプトーム研究を概観し、そのデータ解析手法の現状と問題点を概説する。そして、これらのデータ解析のために、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。

統計学入門・R 入門：トランスクリプトームデータを解析するためには、統計学的な考え方、それに基づいた実験デザイン法を身に付けることが必須である。また、種々の統計解析をサポートしたプログラミング言語 R の最小限の使い方を習得する。

RNA-seq の解析パイプライン：次世代シーケンサーから得られるシーケンサーデータを発現データにまで変換するパイプラインを理解する。リファレンスゲノムへのマッピングと、遺伝子モデルに基づいたカウントの方法の実際を学ぶ。

マッピングデータの基本フォーマットと基本ツール：次世代シーケンシングデータのマッピングデータは SAM/BAM と呼ばれる業界標準フォーマットで保存される。RNA-seq のマッピングデータを最大限に活用するために、SAM/BAM ファイルの操作法や可視化法を学ぶ。samtools と IGV というソフトウェアを紹介する。

発現データ解析 I：発現変動のある遺伝子を同定することはトランスクリプトーム解析の主要な目的である。Normalization と differential expression analysis の原理と解析法について学ぶ。

発現データ解析 II：トランスクリプトームのような大規模データから特徴を抽出し、人間が見て仮説を立てられるようにするための概念・方法を学ぶ。遺伝子発現解析における多変量解析は、データセット内の挙動の似ているものをまとめて大規模データをより低い次元のデータに縮約し、それを可視化し、実験者の理解を促す手法である。多変量解析の代表的なものの原理と解析法の実際について学ぶ。

実践演習：実データを使って実戦的な演習を行う。

受講生

17 人（応募総数 54 人）

ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース 2011 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。2011年度は、「次世代 DNA シーケンサーデータ解析入門」と「トランスクリプトームデータ解析入門」の2つの講座を開講した。

「次世代 DNA シーケンサーデータ解析入門」(2011年9月8日～9日)には15名が参加した。オーガナイザーの重信准教授のほか、内山助教、山口技術職員が、①次世代シーケンサーのデータ解析概論、②UNIX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。次世代シーケンシングデータ解析には様々なフォーマットやツールが乱立しているが、汎用性と応用性の高いものを吟味して選択した。

「トランスクリプトームデータ解析入門」(2012年3

月22日～23日)は今年度はじめて開催した新講座である。次世代シーケンサーを用いたRNA-seqや遺伝子発現マイクロアレイが研究者に浸透してきた現在の研究現場の状況を反映してか、定員を大幅に超える申込があり、書類選考の結果19名が参加した。講師は、オーガナイザーのほか、内山助教、佐藤昌直助教(発生遺伝研究部門)、山口技術職員が担当、1)トランスクリプトームデータ解析概論、2)統計学入門、3)R入門、4)RNA-seqの解析パイプライン、4)マッピングデータの基本フォーマットと基本ツール、5)発現データ解析のトピックをレクチャーし、最後に実戦演習の時間を設けた。

2コースともに1日目の夕方は懇親会を開催し参加者どうしの情報交換の場とした。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を掲載し自習の便を図った。本コースは、実験生物学者を対象にしている点と特定のコンピュータプログラムの使い方のハウツーではなく基礎力習得に重きを置く点で他に例がなく、受講生には好評を得ている。



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。

第6回 バイオイメーjingフォーム (第2回 画像科学シンポジウム)

「画像科学の融合をめざして～生物・物理・天文学のイメーjingサイエンス」

開催期間：2012年3月5日～6日
会場：岡崎コンファレンスセンター

Organizing Committee:

亀井 保博(基礎生物学研究所)
上野 直人(自然科学研究機構 新分野創成センター・基礎生物学研究所)
野中 茂紀(基礎生物学研究所)
長山 好夫(自然科学研究機構 新分野創成センター・核融合科学研究所)
家 正則(自然科学研究機構 新分野創成センター・国立天文台)
木森 義隆(自然科学研究機構 新分野創成センター)
岩間 尚文(大同大学)

特別講師

三浦 耕太(欧州分子生物学研究所 分子・細胞イメーjingセンター)
大綱 英生(ユタ大学 神経生物学 解剖学科)
斎藤 直樹(カリフォルニア大学 デイヴィス校 数学科)
黒野 泰隆(国立天文台 ALMA 推進室)

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
シグマ光機株式会社
東レエンジニアリング株式会社
株式会社日立ハイテクノロジーズ
カールツァイスマイクロコピー株式会社
株式会社ニコンインステック

講演者 38名(所外 33名(うち海外3名)、所内1名、企業4名)
参加者 103名

第6回目のバイオイメーjingフォームは自然科学研究機構新分野創成センター(イメーjingサイエンス領域)との合同研究会として開催された。



第6回 バイオイメーjingフォーム 開催報告

オーガナイザー 亀井 保博
(生物機能解析センター 光学解析室)

バイオイメーjingフォームはクローズドな研究会として始まった。研究者同士はもちろん、顕微鏡をはじめとするイメーjing関連企業の研究者とも深く議論するためであったと理解している。今回は初めてオープンな研究会として開催し、非常に広い学問領域の研究者にも参加して頂くためにも新分野創成センターと共催し、広く参加者を募った。テーマは、「画像科学の融合をめざして」。生物学だけでなく、核物理分野、天文学分野、そして、数学や画像定量分野の研究者が一堂に会し、イメーjing分野の横断的な連携を探る会をめざしてプログラムを組んだ。初日は物理系の定量化を目的としたイメーjing手法や、天文学におけるイメーjingや補償光学に加え、生物系のプロジェクト研究の演題など、2日目は生物系の電子顕微鏡の新技术と諸問題、光学顕微鏡の新技术と定量化、そして、画像解析手法などの演題で議論が行われた。会の最後には総合討論の時間を設け、これからのイメーjingには何が求められるのかを議論した。懇親会や総合討論では非常に活発に議論がなされ、広い学問領域の研究者が集い議論することで新たなイメーjing領域が生まれる可能性が見えた研究会であったと思う。できれば新たな共同研究やプロジェクトが生まれることを期待したい。

最後になりましたが、本会を開催するに当たり多大なご協力を頂いた核融合科学研究所長山好夫先生と新分野創成センター木森義隆先生に御礼申し上げます。

NIBB Internship Program

NIBB Internship Program は、基礎生物学研究所を海外の学生にも広く知ってもらい、将来の研究交流の核となる人材を育てようという幅広い意図のもとに、体験入学の海外版を引き継ぐ形で2009年から始まったプログラムです。同時に総合研究大学院大学の大学院生の国際化も意図しており、このプログラムによって大学院生はさまざまな文化習慣を持ったインターン生と知り合う機会を得ています。

このプログラムでは、基礎生物学研究所で研究をおこなってみたいと思う応募者が希望研究室を記し、希望理由や推薦状などとともに応募します。その申請書にもとづいて選抜された応募者は、一定期間研究室に滞在し研究室が独自に設定した研究を体験します。総合研究大学院大学のサポートにより、往復の旅費とロジック利用の滞在費が補助されます。

2011年度は17名の応募があり、9名のインターン生が選抜されました。所属大学は7ヶ国（台湾、オーストラリア、インド、米国、シンガポール、エジプト、イラン）に渡り、研究室メンバーの一員として1週間から1ヶ月ほどの研究生活を送りました。さらにそのうちの1名は総合研究大学院大学に大学院生として入学予定です。



大学生のための夏の実習

大学生のための夏の実習は、大学生向けのアウトリーチ活動として2011年より開始されました。2泊3日の日程で、公募により集まった大学生（1年～4年生）が、基礎生物学研究所の教員の指導の下で実習に取り組み、最終日には成果発表を行います。2011年度は13コースの実習が行われ、全国から41名からの応募があり、38名が参加しました。

2011年度 実習内容

メダカの性から学ぶ表現型と遺伝子型
成瀬清（バイオリソース研究室）

神経細胞を顕微鏡で観る
椎名伸之（神経細胞生物学研究室）

ミジンコの捕食者に誘導される防御形態の観察
渡辺英治（神経生理学研究室）＋ 井口研メンバー

アサリの模様と同じ形の植物を探せ！
川口正代司（共生システム研究部門）

はじめての電子顕微鏡観察
児玉隆治（構造多様性研究室）

コンピュータでゲノム情報を解析する
内山郁夫（ゲノム情報研究室）

メダカ変異体をつくる～シーケンシングによる変異の同定～
亀井保博（光学解析室）

酵母を用いた生化学実習
鎌田芳彰（多様性生物学研究室）

生き物の設計図ゲノムの上を動く遺伝子
梅根一夫（多様性生物学研究室）

多様な花色と遺伝子発現
星野 敦（多様性生物学研究室）



細胞核が分裂する様子を観察してみよう
定塚勝樹（多様性生物学研究室）

FISH法で観察する動物細胞染色体
渡邊孝明（多様性生物学研究室）

科学映像を作ろう（科学コミュニケーション入門）
倉田智子（広報室）

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。

2011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 「卵の中で何がおこっているのか？」
小林 悟

甲山中学校 「切っても増えるコケ植物の不思議」
日渡 祐二

額田中学校 「遺伝子と脳の話」 渡我部 昭哉

南中学校 「生物の右と左が決まるしくみ」 野中 茂紀

竜海中学校 「動物の性と環境ホルモン」 宮川 信一

東海中学校 「親から子へ命をつなぐ生殖細胞」 原 健士朗

城北中学校 「メダカに学ぶ生命の不思議 - 遺伝・遺伝子・ゲノム -」 成瀬 清



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。

2011年度

豊田市立猿投中学校 1名 岡崎市立常磐中学校 2名

岡崎市立竜海中学校 1名 岡崎市立額田中学校 1名

豊田市立高岡中学校 1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。岡崎南口ー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。

2011年度

「ほ乳類の初期発生を考える」 藤森 俊彦

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への協力

2011年度

進路オリエンテーション講演

「なぜ研究者になったのか？」 小林 悟

授業 「脳の細胞活動とは何か」 松崎 政紀

「光合成のダイナミックな姿 - 最先端を少し紹介しよう。そして、研究とは何か？」 皆川 純

「精子を作り続ける謎」 吉田 松生

愛知県全域特別講演会 小林 悟

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

2011年度

特別講演 「生殖細胞と性を支配するメカニズムを知る」

小林 悟

サイエンスパートナーシッププログラム

実習 「メダカを用いた生物学実習」 成瀬 清

愛知県立時習館高等学校 スーパーサイエンスハイスクールへの協力

2011年度

授業 「生き物が命をつなぐメカニズム」 小林 悟

高校生物教員向け実験講座

2011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





一般向け講演会

「動物の形・模様をめぐるミステリー」

2012年1月28日（岡崎コンファレンスセンター）



第11回 自然科学研究機構シンポジウム

“宇宙と生命 —宇宙に仲間はあるのかⅡ—”

2011年6月12日（ナディアパーク）



あいち科学技術教育推進協議会 科学三昧 in 愛知への協力および展示

2011年12月27日（岡崎コンファレンスセンター）



第12回 自然科学研究機構シンポジウム

“知的生命の可能性 —宇宙に仲間はあるのかⅢ—”

2012年3月20日（東京国際フォーラム）

（中継会場：岡崎コンファレンスセンター）



大学共同利用機関シンポジウム 2011

“万物は流転する”

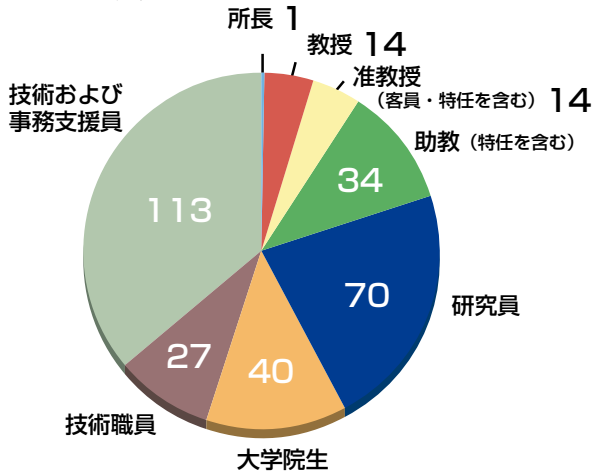
2011年11月26日（ベルサール秋葉原）



研究所の現況

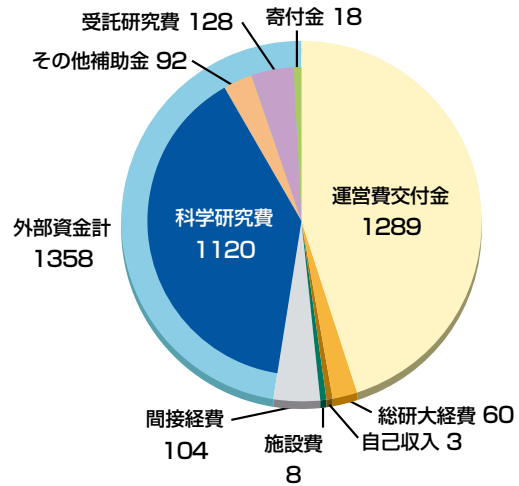
研究所で働く人たち (2012年5月1日現在)

total 313人



研究所の財政規模 (2011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





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。



(2012年7月1日現在)

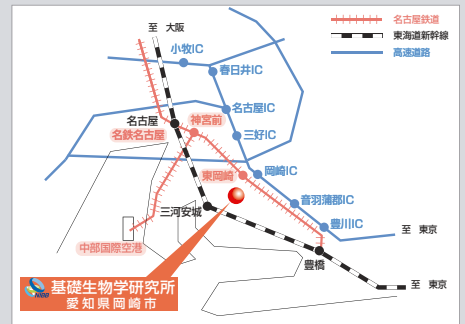
岡崎統合事務センター

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	技術課、アイソトープ実験センター	
	井口 泰泉	58 - 59, 70	教授	分子環境生物学研究部門、モデル生物研究センター	
	石川 雅樹	46 - 47	助教	生物進化研究部門	
	上野 直人	24 - 25	教授	形態形成研究部門	
	内山 郁夫	62, 66	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	技術課、分子発生学研究部門	
	大澤 園子	40, 81	技術係長	技術課、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	技術課、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	
	荻野 由紀子	58 - 59	助教	分子環境生物学研究部門	
か 行	勝 義直	58 - 59	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	技術課、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	65, 68	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, 83	准教授	情報・戦略室、構造多様性研究室、アイソトープ実験センター	
	小林 悟	26 - 27, 64	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	63, 81	技術班長	技術課、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	技術課、高次細胞機構研究部門	
さ 行	齋田 美佐子	65, 81	技術職員	技術課、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	技術課、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	64, 67	特任准教授	生物機能情報分析室	
	篠原 秀文	18 - 19	助教	細胞間シグナル研究部門	
	定塚 勝樹	57	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	
	た 行	高木 知世	24, 81	技術職員	技術課、形態形成研究部門
		高瀬 (水口) 洋子	32, 81	技術職員	技術課、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、岡崎統合バイオサイエンスセンター
		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	技術課、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	技術課、共生システム研究部門	
田中 実		34 - 35, 70	准教授	生殖遺伝学研究室、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

な 行	玉田 洋介	46 - 47	助教	生物進化研究部門	
	梅根 一夫	56, 71	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	
	中村 貴宣	66, 81	技術職員	技術課、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, 70, 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、IBBP センター	
	西出 浩世	66, 81	技術職員	技術課、情報管理解析室	
	西村 幹夫	16 - 17, 76	教授	高次細胞機構研究部門、情報・戦略室	
	野口 裕司	70, 81	技術職員	技術課、モデル生物研究センター	
	野田 千代	26, 81	技術職員	技術課、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	63	准教授	時空間制御研究室	
は 行	長谷部 光泰	46 - 47, 83	教授	生物進化研究部門、アイソトープ実験センター	
	濱田 義雄	22, 71	助教	細胞社会学研究室、モデル生物研究センター	
	林 晃司	70, 81	技術主任	技術課、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	65, 81	技術係長	技術課、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	
	藤森 俊彦	30 - 31, 70, 77	教授	初期発生研究部門、広報室、モデル生物研究センター	
	古川 和彦	80 - 81	技術課長	技術課	
	星野 敦	55, 71	助教	多様性生物学研究室、モデル生物研究センター	
	ま 行	牧野 由美子	64, 81	技術主任	技術課、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	技術課、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	
三井 優輔		28 - 29	助教	分子発生学研究部門	
水谷 健		58, 81	技術係長	技術課、分子環境生物学研究部門	
皆川 純		60 - 61	教授	環境光生物学研究部門	
宮川 信一		58 - 59	助教	分子環境生物学研究部門	
三輪 朋樹		66, 81	技術班長	技術課、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		64, 81	技術係長	技術課、生物機能解析センター	
諸岡 直樹		71, 81	技術主任	技術課、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	64, 81	技術主任	技術課、生物機能解析センター
		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	和氣 弘明	42 - 43	助教	光脳回路研究部門	
	渡我部 昭哉	40 - 41	准教授	脳生物学研究部門	
	渡辺 英治	44, 70	准教授	神経生理学研究室、モデル生物研究センター	



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 2012
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

