



大学共同利用機関法人 自然科学研究機構

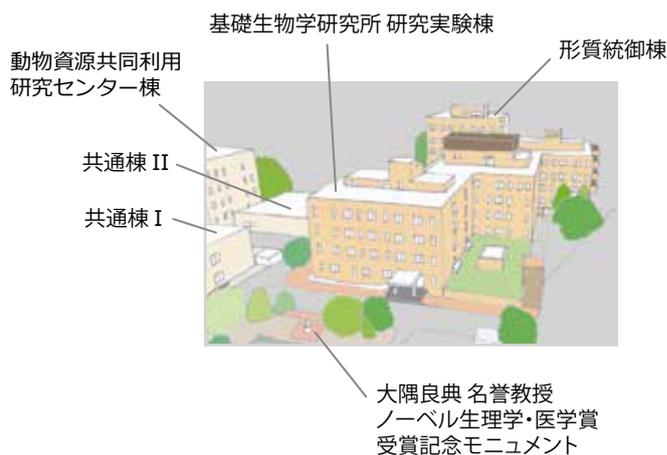
# 基礎生物学研究所 要覧 2020

## National Institute for Basic Biology



# Contents

002	所長あいさつ
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
014	細胞動態研究部門（上田研）
016	定量生物学研究部門（青木研）
018	クロマチン制御研究部門（中山研）
020	神経細胞生物学研究室（椎名研）
022	幹細胞生物学研究室（坪内研）
024	オルガネラ制御研究室（真野研）
026	形態形成研究部門（上野研）
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	再生生物学研究室（所長研）
036	神経行動学研究部門（東島研）
038	神経生理学研究室（渡辺研）
040	生物進化研究部門（長谷部研）
042	共生システム研究部門（川口研）
044	進化発生研究部門（新美研）
046	進化ゲノミクス研究室（重信研）
048	バイオリソース研究室（成瀬研）
050	構造多様性研究室（児玉研）
051	多様性生物学研究室
068	環境光生物学研究部門（皆川研）
070	植物環境応答研究部門（森田研）
072	ゲノム情報研究室（内山研）
073	時空間制御研究室（野中研）
074	生命熱動態研究室（亀井研）
076	生物機能解析センター 生物機能情報分析室
077	生物機能解析センター 光学解析室
078	生物機能解析センター 情報管理解析室
079	新規モデル生物開発センター
080	新規モデル生物開発センター 鈴木グループ
082	モデル生物研究センター
084	ナショナルバイオリソースプロジェクト
086	大学連携バイオバックアッププロジェクト
088	先端バイオイメージング支援プラットフォーム
089	研究力強化戦略室 共同利用グループ
090	研究力強化戦略室 企画・評価グループ
091	研究力強化戦略室 国内国際連携グループ
092	研究力強化戦略室 若手研究者支援グループ
093	研究力強化戦略室 男女共同参画推進グループ
094	研究力強化戦略室 広報室
095	研究力強化戦略室 産学連携グループ
096	受付・事務室
097	安全衛生管理室
098	技術課
100	岡崎共通研究施設
102	基礎生物学研究所・生理学研究所 共通施設
104	岡崎共通施設
106	総合研究大学院大学 基礎生物学専攻
117	大学院教育協力（特別共同利用研究員）
118	共同利用研究
123	受賞
124	プレスリリース一覧
125	基礎生物学研究所コンファレンス
126	EMBL との連携活動
128	プリンストン大学との連携活動
130	COS Heidelberg との連携活動
131	テマセク生命科学研究所との連携活動
132	Global Bioimaging (GBI) プロジェクト
133	インターナショナルプラクティカルコース
134	ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース
136	生物画像データ解析トレーニングコース
137	新規モデル生物開発センター トレーニングコース
138	NIBB Internship Program・大学生のための夏の実習
140	基礎生物学研究所 一般公開
142	社会との連携
145	研究所の現況
146	自然科学研究機構 岡崎統合事務センター
147	研究教育職員・技術職員 INDEX
	交通案内





大学共同利用機関法人 自然科学研究機構

# 基礎生物学研究所 要覧 2020

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



## わくわく感のある 生物学の醸成

### 所長あいさつ

博物学から生じた『生物学』は近年のゲノム科学と融合することで、サイエンスの醍醐味を身近に味わえる学問へと大きく変貌を遂げました。すなわち、地球上の生物は、全てが DNA という分子を遺伝物質として進化したことで、地球環境のダイナミックな変化に応じてその姿を変えてきたことがわかり、進化を再現することも、進化の時計を巻き戻すこともできる『生物学』が可能になったのです。さらに、宇宙に人類が進出できるようになると、宇宙環境に適した生物をデザインして宇宙に送り込むことすら可能な時代へとなったのです。

基礎生物学研究所は「生き物研究の世界拠点」として、動物や植物などのモデル生物や新規モデル生物、ひいては非モデル生物を用いて、すべての生物に共通で基本的な仕組み、生物が多様性をもつに至った仕組み、及び生物が環境に適応する仕組みを解き明かす研究を、国内外の研究者と連携して行っています。質の高い実験生物を生育し、高度で精密な解析を可能にするために、「モデル生物研究センター」と「生物機能解析センター」と「新規モデル生物開発センター」を整備し、全国の生物研究者が共同利用・共同研究でフロントのサイエンスを展開できる支援体制を作っています。また、災害などにより研究上貴重な生物遺伝資源が失われることを防ぐ「大学連携バイオバックアッププロジェクト」の中核拠点 (IBBP センター) としての活動もしています。このように基礎生物学研究所は、大学共同利用機関として国内外の大学や研究機関の研究者とともに、わくわく感のある生物学の醸成を行っています。

基礎生物学研究所長 阿形 清和

## 自然科学研究機構

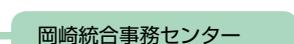
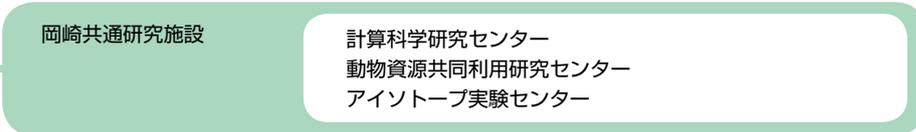
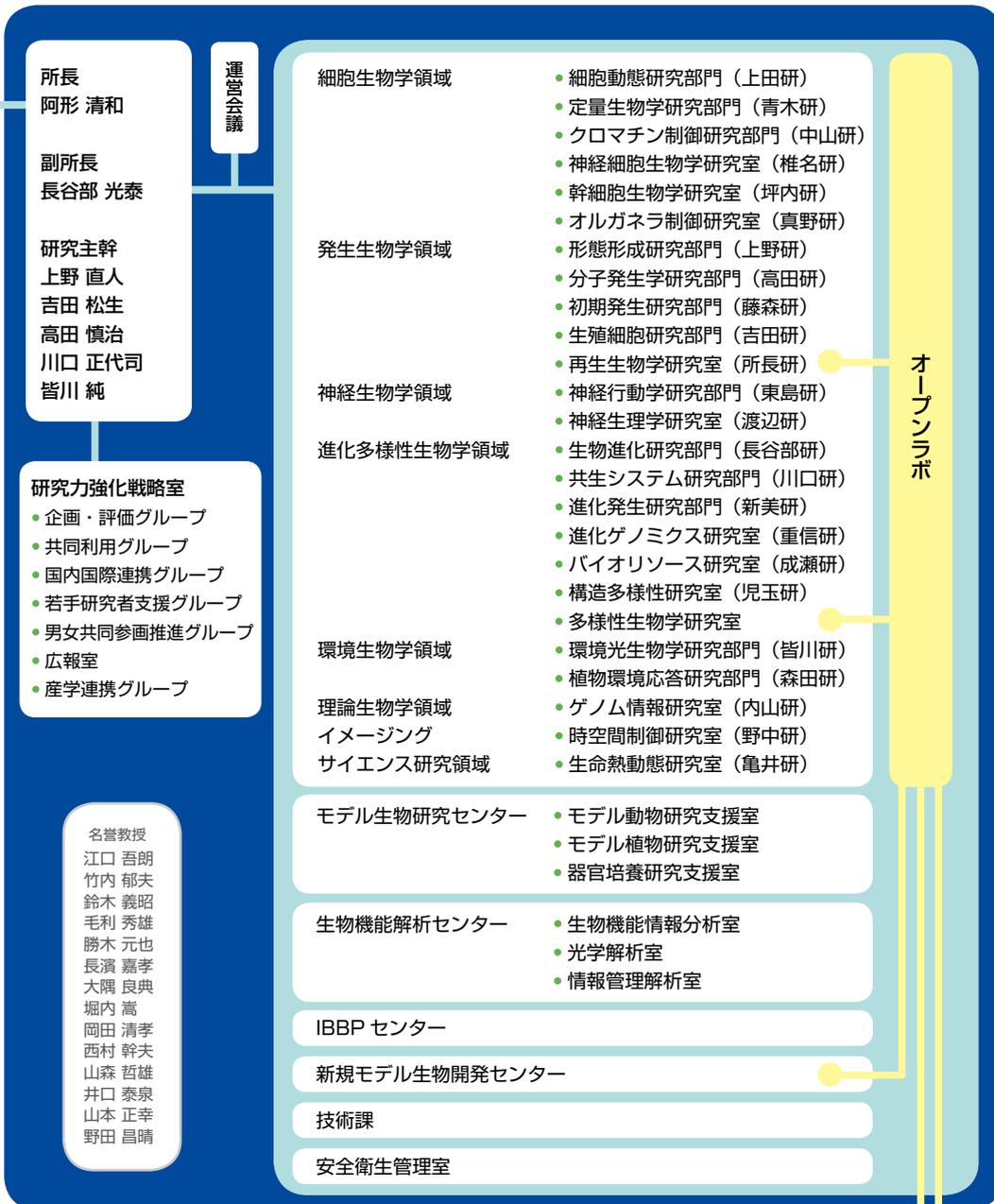
機構長 小森 彰夫

副機構長 常田 佐久  
竹入 康彦  
阿形 清和  
鍋倉 淳一  
川合 眞紀

理事 徳田 次男  
金子 修  
竹入 康彦  
川合 眞紀  
井本 敬二  
斎藤 卓

監事 竹俣 耕一  
二宮 博正

- 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



# 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、基礎生物学の中核拠点として、生命の営みの基本をなす遺伝子の働きや細胞の働きを探ると共に、生物が環境に適応し、そして多様な形と能力を持つに至った仕組みを明らかにすることを旨として研究活動を行ってきました。「生き物研究の世界拠点」として、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、それぞれの研究に適した様々な生物を活用して展開しています。(→ P.14～)

## 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、全国の研究者に最先端の研究機器や個別の大学では実施困難な研究の場を提供し、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機能するのがその特色です。

### 共同利用研究の実施

基礎生物学研究所は大学共同利用機関として、大学等研究機関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共同利用の研究課題を公募しています。2010年度には、共同利用研究をさらに高い水準で支援するために、「生物機能解析センター」(→ P.76) および「モデル生物研究センター」を設置しました。(→ P.82) 2012年度には、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」が設置され、2013年度より「生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究」の公募を開始しました。(→ P.86) また、2014年度には「新規モデル生物開発センター」を設置し、「モデル生物・技術開発共同利用研究」を通じて新規モデル生物の確立を目指した共同研究を進めています。

大型スペクトログラフは、世界最大の超大型分光照射装置であり、「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。その他、「重点共同利用研究」「統合ゲノミクス共同利用研究」「統合イメージング共同利用研究」「個別共同利用研究」「研究会」「トレーニングコース」などを実施しています。(→ P.118)

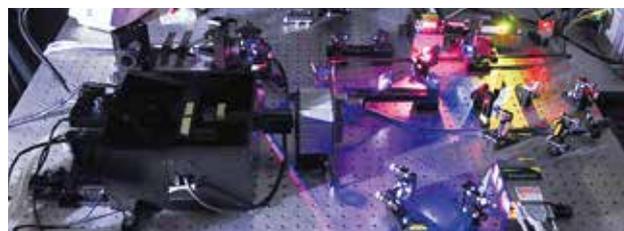
### ナショナルバイオリソース

ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) 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 (動物、植物等) 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おり、国内外にリソースの提供を行っています。また、「アサガオ」「ゼブラフィッシュ」の分担機関を担当しています。(→ P.84)

## 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、欧州を中心とした20以上の国の出資により運営されている世界を先導する研究所のひとつです。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との学術交流協定に基づき、研究者や大学院生の相互訪問などの人的交流やイメージングに関する技術交流を行っています。(→ P.126)



2010年に締結された自然科学研究機構と米国プリンストン大学との学術交流協定に基づき、定量・イメージング生物学に関する共同研究を行っています。(→ P.128)

ドイツ、ハイデルベルグ大 Centre for Organismal studies (COS) Heidelberg と生物の環境適応に関する共同研究を推進するために、2019年9月に同センターと学術交流協定を締結しました。刺胞動物の光応答メカニズムについての共同研究を行っています。(→ P.130)

### 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、基礎生物学分野の先端研究の議論および国際交流の貴重な機会となっています。2019年度には第67回 NIBB Conference “Quest for Orthologs” が開催されました。(→ P.125)

## インターナショナルプラクティカルコース

基礎生物学研究所が中心となって企画する国際実習コースで、国内外の研究者により編成された講師チームが最新研究技術を指導します。2018年9月には第10回 NIBB International Practical Course "Genome Editing and Imaging of Fish and Amphibians" を開催しました。(→ P.133)



## NIBB Internship Program

基礎生物学研究所を海外の学生にも広く知ってもらい、将来の国際的な研究交流の核となる人材を育てることを目的として、海外の大学生・院生を対象に、研究体験の機会を提供するプログラムを開催しています。(→ P.138)

## 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。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して、また博士後期課程編入により大学院生を募集しています。(→ P.106 ~)

### 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.117)

### トレーニングコースの開催による若手育成

若手研究者を中心に、基礎生物学に不可欠な研究手技を数日間にわたって講習するもので、以下の2コースを定期的に開催しており、毎回、多くの受講希望者の応募があります。

### 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者に向けて、ゲノム情報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・考え方を講習する国内向けのトレーニングコースです。(→ P.134)

## 生物画像データ解析トレーニングコース

顕微鏡画像に代表される生物画像から定量的解析を行うとともに、生命現象の背景にある原理を読み解くために必要なデータ解析についてのトレーニングコースを2013年度より開催しています。生物学者と画像研究者との共同研究を生み出す場としても機能しつつあります。(→ P.136)

## 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年度より実施しています。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.138)

## 新分野の創出

基礎生物学研究所は、「新規モデル生物開発センター」を中心として、新規モデル生物の整備を進め、非モデル生物の未解明な生命現象の解明を通じて、生物学における新分野開拓を目指しています。(→ P.79) また、基礎生物学研究所は自然科学研究機構アストロバイオロジーセンターおよび自然科学研究機構新分野創成センターとの連携により、分野間連携による新規学問領域の創出を目指しています。



## 社会との連携

基礎生物学研究所は次世代の科学者育成の観点から、出前授業やスーパーサイエンスハイスクール活動支援等を通じて、学校教育への協力を行なっています。また、自然科学研究機構シンポジウムや大学共同利用機関シンポジウム、生物の発生過程のインターネット生中継などの機会を通じて、社会との双方向の交流を行なっています。(→ P.140)



# 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。



山手地区

## 2001年4月

情報生物学研究センター 設置。

## 2004年1月

生物学が取り組むべき新たな研究分野の国際的コミュニティー形成を支援する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。2014年度末までに5回の合同シンポジウムを開催し交流を行った。

## 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。2016年度末まで研究拠点として活動。

## 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を締結。

## 2012年7月

災害に強い生命科学研究の実現のために、生物遺伝資源のバックアップ体制を構築する「大学連携バイオバックアッププロジェクト (IBBP)」を国内7つの大学との連携により開始。プロジェクトの中核拠点として IBBP センターを設置。

## 2013年10月

山本正幸 第8代所長就任。

## 2013年10月

研究力強化戦略室を設置。

## 2014年2月

新規モデル生物開発センターを設置。

## 2016年12月

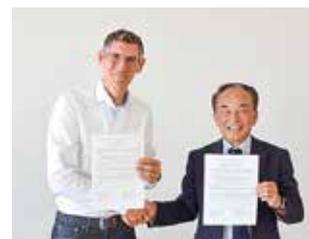
大隅良典名誉教授 ノーベル生理学・医学賞受賞。

## 2019年4月

阿形清和 第9代所長就任。

## 2019年7月

基礎生物学研究所とハイデルベルグ大 Centre for Organismal Studies (COS) Heidelberg との間で学術交流協定を締結。



協定式にて

## 2019年12月

基礎生物学研究所と北海道大学低温科学研究所との間で連携協定を締結

## 2020年5月

基礎生物学研究所と熊本大学発生医学研究所との間で連携協定を締結

## 2020年11月

基礎生物学研究所と徳島大学先端酵素学研究所との間で連携協定を締結

# 運営

## 運営会議委員 (2020 年度)

任期：2019年4月1日～2021年3月31日

◎議長 ○副議長

### 所外委員

北野 潤	情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 教授
黒岩 麻里	北海道大学大学院 理学研究院 教授
河内 孝之	京都大学大学院 生命科学研究科 教授
佐竹 暁子	九州大学 理学研究院 教授
塩見 美喜子	東京大学大学院 理学研究科 教授
杉本 亜砂子	東北大学大学院 生命科学研究科 教授
花嶋 かりな	早稲田大学 教育・総合科学学術院 准教授
○平岡 泰	大阪大学大学院 生命機能研究科 教授
山本 卓	広島大学大学院 理学研究科 教授
吉村 崇	名古屋大学大学院 生命農学研究科 教授

### 所内委員

青木 一洋	定量生物学研究部門 教授
上田 貴志	細胞動態研究部門 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
高田 慎治	分子発生学研究部門 教授
新美 輝幸	進化発生研究部門 教授
長谷部 光泰	生物進化研究部門 教授
東島 眞一	神経行動学研究部門 教授
藤森 俊彦	初期発生研究部門 教授
皆川 純	環境光生物学研究部門 教授
吉田 松生	生殖細胞研究部門 教授



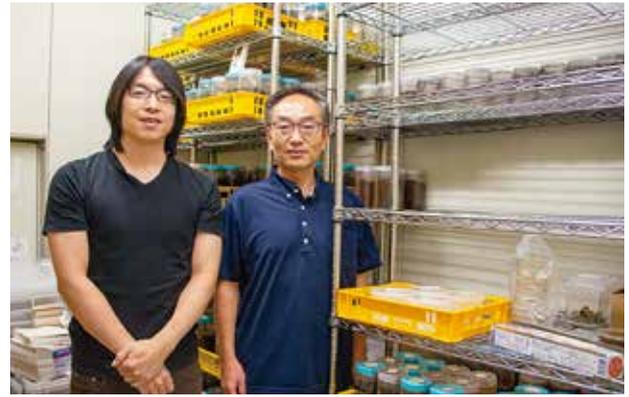
## カブトムシの角にオスとメスとの違いが現れる時期の特定に成功

カブトムシのオスは立派な角を持ちますが、その角を作るための遺伝子が働き始める時期の詳細は不明でした。今回、基礎生物学研究所 進化発生研究部門の森田慎一研究員と新美輝幸教授らは、土を使わずに試験管内でカブトムシ幼虫を観察する方法を確立し、角形成に重要な前蛹と呼ばれる時期に見られる特徴的な行動として「首振り行動」を見出しました。また、カブトムシの性を決める遺伝子 *transformer* を特定しました。メスの幼虫において、この遺伝子の機能を完全に抑制すると、メス化が阻害されオスと同様に角が形成されます。この現象と試験管内観察法を利用して、角が形成されると予測される前蛹期前後の様々な時期で *transformer* 遺伝子の機能を阻害し、角の性差が現れる時期（メスにオスのような角がはじめて形成される時期）を特定しました。今回特定した角の性差が現れる時期は、角形成に關与する複数の遺伝子がダイナミックに働き始める時期と予測され、角形成の鍵となる遺伝子を探索する上で重要な知見をもたらすものです。本研究成果は *PLoS Genetics* に2019年4月10日付けで掲載されました。

角をもつ昆虫の中でも、コガネムシ科には雄のみに立派な角をもつ種が多数存在します。角は、エサ場の確保やメス獲得のための武器としての機能を果たしています。このような角は、幼虫と蛹の間の『前蛹』と呼ばれる時期に、初めて角原基（成虫の角のもととなる幼虫期の細胞群）として形成され、性差が現れます。しかしながら前蛹期間の角原基の形成過程において、角に性差をもたらす遺伝子が働くタイミングは全く不明でした。

角の性差が現れる時期は、前蛹期であることが推測できますが、この時期にカブトムシの幼虫は土中で生活するため、正確な前蛹期開始期の特定が困難でした。そこで、カブトムシの終齢幼虫を土を使わずにプラスチック試験管内で飼育し、タイムラプス撮影法を用いて観察する方法を開発しました。その結果、前蛹期の開始に特徴的な行動として「首振り行動」を発見することに成功しました。この行動を指標に前蛹開始期を特定することが初めて可能になり、詳細なカブトムシの前蛹期間（メスでは  $129 \pm 4.3$  時間、オスでは  $131 \pm 4.7$  時間）がわかりました。この前蛹開始期を0時間として、12時間ごとに120時間までの雌雄の角原基を幼虫から摘出し、形態的な角原基の比較を行ったところ、前蛹36時間にて角原基に雌雄差が認められました。したがって、角の性差をもたらす遺伝子が働くタイミングは少なくとも前蛹36時間よりも前であることが推測されます。

より正確な角形成プログラム開始時期を特定するために、カブトムシの性決定のスイッチとなる遺伝子の同定を試みまし



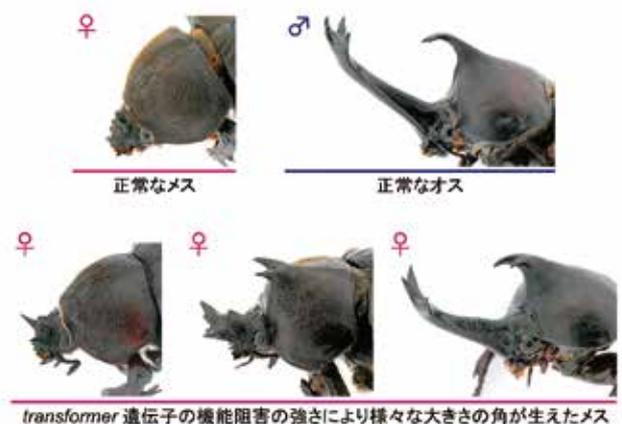
森田慎一研究員と新美輝幸教授

Shinichi Morita, Toshiya Ando, Akiteru Maeno, Mutsuki Mase, Takeshi Mizutani, Shuji Shigenobu, Teruyuki Niimi

"Precise staging of beetle horn formation in *Trypoxylus dichotomus* reveals the pleiotropic roles of *doublesex* depending on the spatiotemporal developmental contexts"

*PLOS Genetics* 15, e1008063 (2019)

た。その結果、*transformer*（トランスフォーマー）遺伝子が、カブトムシの性を決める遺伝子として働いていることがわかりました。メスの幼虫の *transformer* 遺伝子の機能を抑制すると、メス化が阻害され、オスと同様の角が形成されました。



カブトムシの性決定遺伝子 *transformer* の機能を抑制するとメス化が阻害され、メスにオスと同様に角が形成された。

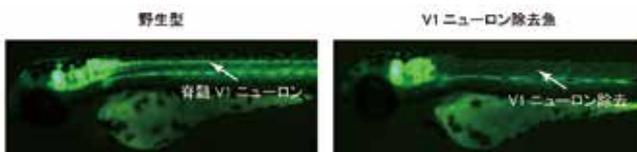
メスの幼虫を用いて、角原基が形成され始める前蛹期の直前もしくは前蛹初期の様々な時期でこの遺伝子の機能を阻害し、オスと同様の角が形成されるタイミングを調べました。その結果、前蛹開始の7時間前にこの遺伝子の機能を阻害したメス個体において、オスと同様の角が形成されました。カブトムシの機能阻害の効果は処理後36時間に現れることから、角の性差をもたらす遺伝子が働くタイミングは、前蛹開始の29時間後（-7時間 +36時間）であることを明らかにしました。

## 魚類が高速遊泳をするときに遅筋の活動を抑える神経機構を特定

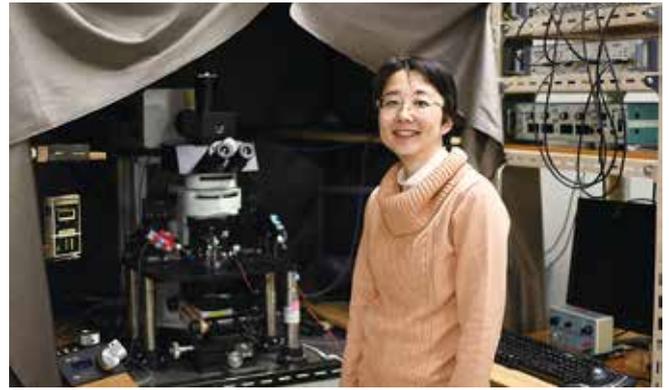
脊椎動物の高速運動時には、速筋線維による素早い筋収縮を可能にするために、遅筋線維の活動を弱めることがあります。しかしその際、どのような制御が神経系により行われているかは分かっていませんでした。今回、基礎生物学研究所 神経行動学研究部門の木村有希子助教、東島眞一教授は熱帯魚であるゼブラフィッシュを材料に用いて、この問題の解明に取り組みました。その結果、ゼブラフィッシュ幼魚の高速遊泳時には、脊髄に存在する抑制性ニューロン的一种である V1 ニューロンが、遅筋を制御する運動ニューロンの活動を抑制し、それによって遅筋の活動が抑制されることが明らかにされました。V1 ニューロンは転写因子 En1 の発現によって同定されるニューロンで、脊椎動物全般に存在します。本研究は、哺乳類など他の脊椎動物の高速運動における脊髄神経回路による筋活動の制御機構の研究にも役立つことが期待されます。本研究成果は *Nature Communications* 誌に、2019 年 5 月 22 日付で掲載されました。

本研究では、高速運動時の遅筋の活動抑制を制御するニューロンとして、脊髄の抑制性介在ニューロン的一种である V1 ニューロンに注目しました。V1 ニューロンは転写因子 En1 の発現で同定されるニューロンです。研究グループは V1 ニューロンが遅筋を制御する運動ニューロンの発火を高速運動時に抑制し、その結果遅筋の活動を高速運動時に低下させる役割を持つとの仮説を立て、ゼブラフィッシュ幼魚を使って、これを検証しました。

研究グループは脊髄 V1 ニューロンを遺伝学的に除去した遺伝子組み換えゼブラフィッシュを作成しました。この V1 ニューロン除去魚で、遅筋に投射する運動ニューロンの発火パターンを調べました。野生型の魚では、遅筋に投射する運動ニューロンは高速遊泳では活動せず、低速遊泳のみで活動します。一方、V1 ニューロンを除去した魚では、遅筋に投射する運動ニューロンが、高速遊泳の起こる状況でも活動するようになりました。この結果は、遅筋に投射する運動ニューロンが高速遊泳時に発火を停止するために V1 ニューロンが必要であることを示唆しています。



野生型魚と V1 ニューロン除去魚



木村有希子助教

Yukiko Kimura, Shin-ichi Higashijima

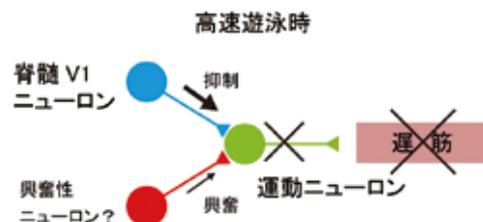
“Regulation of locomotor speed and selection of active sets of neurons by V1 neurons”

*Nature Communications* 10, 2268 (2019)

また、遅筋に投射する運動ニューロンが遊泳中に受ける入力を調べると、野生型の魚では、高速遊泳時に強い抑制性入力を受けていますが、V1 ニューロンを除去した魚では、高速遊泳が起こる状況で受ける抑制性入力が増減することがわかりました。以上の結果から、V1 ニューロンは高速遊泳時に遅筋に投射する運動ニューロンを抑制し、その活動を停止させていると考えられます。

さらに、V1 ニューロン除去がゼブラフィッシュ幼魚の遊泳における筋肉の活動に及ぼす影響を調べるために、速筋と遅筋が遊泳中に受ける入力を調べました。その結果、野生型では高速遊泳時には主に速筋が強い入力を受け、遅筋は弱い入力しか受けませんが、V1 ニューロンを除去した魚では、速筋と遅筋が同時に強い入力を受けるようになっていました。V1 ニューロンの除去により、遅筋に投射する運動ニューロンが高速遊泳が起こる状況でも活動することになり、速筋と遅筋が同時に活動するようになっていたと考えられます。

これらの結果より、脊髄 V1 ニューロンは、高速遊泳時に遅筋に投射する運動ニューロンの活動を抑制し、高速遊泳時の遅筋の活動を抑制することが明らかになりました。



### V1 ニューロンの高速遊泳における役割

ゼブラフィッシュ幼魚の高速遊泳時には、脊髄 V1 ニューロンは遅筋に投射する運動ニューロンを強く抑制し、興奮性入力を打ち消すことで運動ニューロンの活動を停止させる。その結果、遅筋の活動を抑制する。

## 単独で普通の細胞を直に幹細胞に変えるステミン遺伝子の発見

ヒメツリガネゴケは、葉を切り離して水につけておくだけで、切断面に面した葉細胞が幹細胞である原糸体幹細胞へと変化します。基礎生物学研究所 生物進化研究部門を中心とした研究グループは、このヒメツリガネゴケの高い再生能力に着目し、幹細胞化に関わる遺伝子の探索を行いました。その結果、たった一つの遺伝子が無傷の葉細胞に働かせるだけで、葉細胞を直接幹細胞へと変化させることができることを発見し、この遺伝子をステミン (STEMIN) と名付けました。



通常のヒメツリガネゴケの茎葉体（左上図）とステミン遺伝子を働かせた3日目の茎葉体（右上図）  
ステミン遺伝子を働かせると、葉細胞が直接、原糸体幹細胞に変化して伸び出す。

ヒメツリガネゴケの葉を切断すると、12～24時間後に切り口に面した細胞でステミンタンパク質の量が増え、それらの細胞が幹細胞化しました。また、ステミンとそれに似た2つの遺伝子の計3つの遺伝子を壊すと、幹細胞への変化が遅れることが分かりました。これらのことから、ステミンは葉細胞が幹細胞に変化する時に働く遺伝子であることが分かりました。

次に研究グループは、ステミンがどのようにして葉細胞を幹細胞へと変化させるのか、その仕組みに迫りました。研究グループは、ステミンが転写因子であることに着目して、ステミンによって直接調節される遺伝子について調べました。その結果、ステミンは1,416個の遺伝子を直接調節していることが分かりました。その中には、幹細胞の特徴である細胞分裂を促進する遺伝子などが含まれていました。そして、これらの遺伝子の転写調節領域では、ヒストンの化学修飾により、転写が抑制されていました。ステミンを働かせると、ヒストンの化学修飾が顕著に減少し、幹細胞化に必要な多くの遺伝子が働き出すことが分かりました。

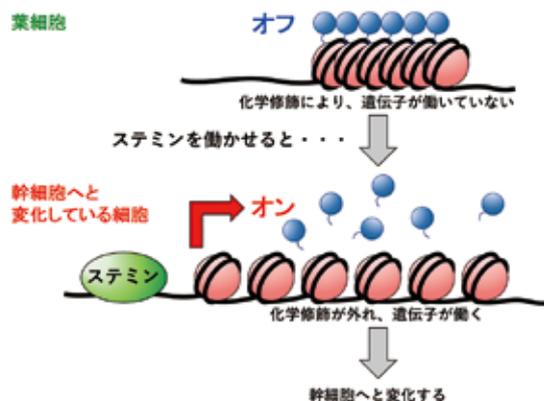
葉細胞では、ヒストンの化学修飾によって幹細胞化に必要な



研究に関する記者会見の様子（左から森下美生大学院生、名古屋大学の佐藤良勝特任准教授、石川雅樹助教）

Masaki Ishikawa, Mio Morishita, Yohei Higuchi, Shunsuke Ichikawa, Takaaki Ishikawa, Tomoaki Nishiyama, Yukiko Kabeya, Yuji Hiwatashi, Tetsuya Kurata, Minoru Kubo, Shuji Shigenobu, Yosuke Tamada, Yoshikatsu Sato, and Mitsuyasu Hasebe

“Physcomitrella STEMIN transcription factor induces stem cell formation with epigenetic reprogramming”  
*Nature Plants* 5, 681-690 (2019)



ステミンによって葉細胞が幹細胞に変化する仕組みのモデル

遺伝子群が強く抑制され、葉細胞の性質が保たれています。葉が切断され、ステミンタンパク質が作られ始めると、特定のDNA配列にステミンが結合し、ヒストンの化学修飾が外れます。その結果、抑制されていた多数の遺伝子が働き始め、それらの遺伝子の働きにより葉細胞が幹細胞へと変化するという、分化した細胞から幹細胞へ変化させる仕組みが明らかになりました。

本研究はJST 戦略的創造研究推進事業 ERATO 分化全能性進化プロジェクト（長谷部光泰 研究総括）において、樋口洋平 博士（現・東京大学 講師）、佐藤良勝グループリーダー（現・名古屋大学 特任准教授）によって開始され、同プロジェクト終了後、基礎生物学研究所 / 総合研究大学院大学の石川雅樹 助教、森下美生 大学院生、長谷部光泰 教授、名古屋大学の佐藤良勝 特任准教授、金沢大学の西山智明 助教らを中心として研究が進展しました。本研究成果は、2019年7月8日付で *Nature Plants* 誌に掲載されました。

## マメ科植物の根粒と側根の発達は共通した遺伝子が制御することを発見

窒素は全ての生物が生命を維持するために必要な成分です。一般に植物は硝酸塩やアンモニアといった窒素栄養素を土壌から吸収します。一方、マメ科植物は、根粒と呼ばれる特殊な器官に窒素固定細菌を共生させており、ほとんどの生物が利用できない空気中の窒素を栄養素として使うことができます。そのために、マメ科植物は窒素栄養素が乏しい痩せた土地でも生育することができます。根粒共生は、植物にとっても、またその恩恵に預かる我々にとっても大変有用な形質ですが、マメ科植物とマメ科に近縁な一部の植物だけで見られる現象です。これまでの研究により、根粒共生に関わる遺伝子についての情報は次第に蓄積されてきていますが、マメ科植物の根粒共生の能力が進化の過程でどのように獲得されてきたのかは、よく分かっていませんでした。

基礎生物学研究所 共生システム研究部門の征矢野敬准教授と理化学研究所 環境資源科学研究センターの林誠チームリーダーは、基礎生物学研究所 川口正代司教授、農業・食品産業技術総合研究機構 下田宜司主任研究員と共同で、根粒共生における根粒の形成過程に、植物が一般的に持つ側根の形成メカニズムの一部が流用されていることを新たに発見しました。マメ科植物モデル植物のミヤコグサを用いて、側根の形成を制御する遺伝子として知られる *ASL18a* 遺伝子が、他の根粒形成遺伝子と協調しながら根粒の発達を制御することを明らかにしました。これは、マメ科植物の根粒共生の能力が、植物に一般的な既存のシステムを上手く取り入れながら獲得されてきたことを示すものです。この成果は2019年11月22日、*Science* 誌に掲載されました。

研究グループはこれまでの研究において、ミヤコグサの根粒形成に NIN 転写因子と呼ばれる遺伝子の機能が重要であることを明らかにしていました。しかし、NIN が具体的にどのように作用しているのかが分かっていませんでした。そこで今回、NIN 転写因子によって働きが調節される遺伝子を探索しました。その結果、NIN の下流で、*ASL18a* と NF-Y という性質の異なる2つの転写因子が協調的に作用して根粒の形成を制御することを新たに発見しました。

さらに研究グループは、NF-Y と *ASL18a* は直接結合する性質を持つことを明らかにしました。そして、根粒ができないはずの *nin* 変異体において、*ASL18a* と NF-Y をミヤコグサの根で同時に働かせることで、根粒を付けさせることに成功しました。このことは、*ASL18a* と NF-Y が一緒に働くことで NIN の代わりをしたことを意味します。

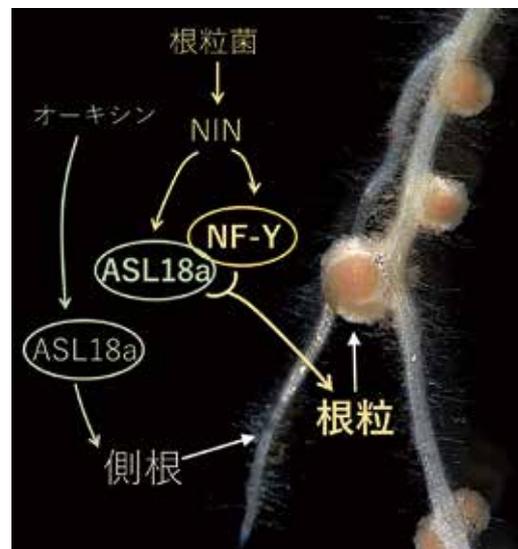


征矢野敬准教授

Takashi Soyano, Yoshikazu Shimoda, Masayoshi Kawaguchi, Makoto Hayashi  
 “A shared gene drives lateral root development and root nodule symbiosis pathways in *Lotus*”  
*Sciences* 366, 1021-10233 (2019)

また、根粒ができるときに NIN が *ASL18a* 遺伝子の特定の場所に結合することで *ASL18a* 遺伝子が働き始めることもわかりました。NIN が結合する特定の場所は、ダイズやインゲンなどのミヤコグサ以外のマメ科植物の *ASL18a* 遺伝子にも共通して見つかりました。しかし、非マメ科植物の *ASL18a* 遺伝子では見つかりませんでした。この NIN が結合する場所をマメ科植物が進化の過程で獲得したことが、*ASL18* の根粒での機能に影響したことが示唆されます。

以上のことから、本来は側根の形成を制御する *ASL18a* 遺伝子が、根粒菌が根に感染すると NIN の指令により働きはじめ、*ASL18a* と NF-Y とが相互作用しながら根粒の発達を制御することがわかりました。



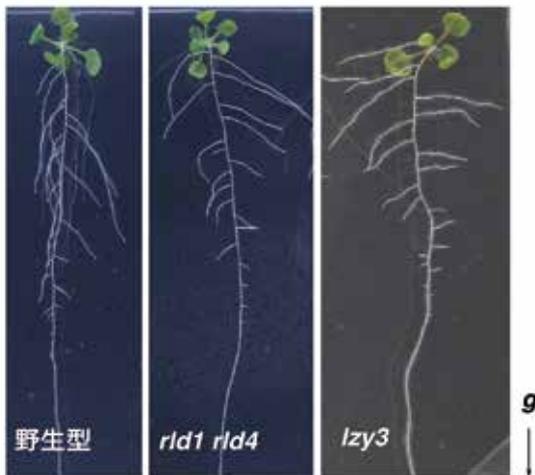
根粒形成と側根の形成は共通の遺伝子 *ASL18a* によって制御される

## 植物の根に重力方向を伝える新しい因子の発見 ～オーキシンを重力側へより多く分配するしくみ～

基礎生物学研究所 植物環境応答研究部門の森田（寺尾）美代教授と西村岳志助教、中村守貴特任研究員、福建農林大学の古谷将彦教授、東京大学の平野良憲助教は、奈良先端科学技術大学院大学の箱嶋敏雄教授、基礎生物学研究所の加藤輝特任助教、立命館大学の深尾陽一郎准教授らとの共同研究により、シロイヌナズナを用いて重力感受細胞において重力方向の情報伝達に関わる新しい因子 RLD を発見しました。

植物の根は地中に向かって、茎は空に向かって成長します。これは植物が重力の方向を感じ取って行う重力屈性と呼ばれる反応です。重力の方向は根や茎の重力感受細胞と呼ばれる特別な細胞で感知されることや、重力方向に反応した植物の屈性がオーキシンの輸送の制御によって行われることなどが知られていますが、重力感受細胞内での重力方向の情報伝達の仕組みの詳細は不明でした。

森田教授らの研究グループはこれまでに、LZY と呼ばれるタンパク質が重力屈性に必要であることを明らかにしてきました。今回、LZY と相互作用するタンパク質として RLD を新たに発見し、RLD もまた重力屈性に関与する重要な因子であること、および RLD がオーキシン輸送の制御に関わることを明らかにしました。そして、LZY が重力の方向に应答して重力感受細胞内での居場所を変化させ、その時に RLD を結合して同じ場所に連れてくることで、オーキシン輸送を制御するという分子機構を提唱しました。本研究の成果は、2020年1月3日に *Nature Communications* 誌に掲載されました。



シロイヌナズナ側根の伸長方向  
野生型に比べて、*rld1 rld4* 二重変異体、*lzy3* 変異体では側根が水平方向に向かう傾向にある。

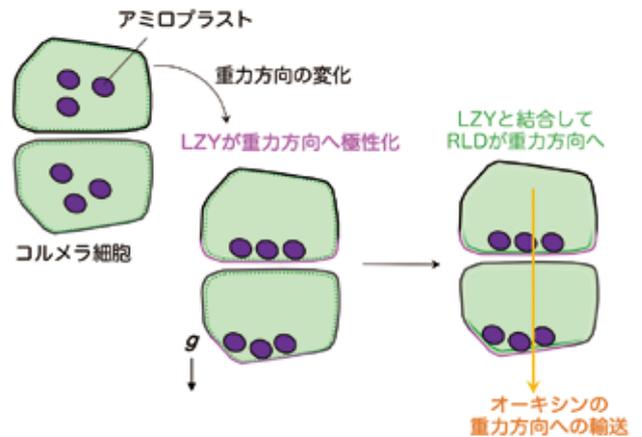
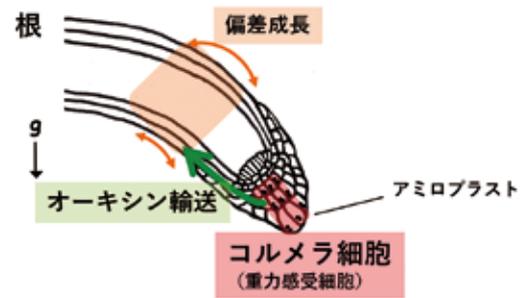


森田（寺尾）美代教授と西村岳志助教

Masahiko Furutani, Yoshinori Hirano, Takeshi Nishimura, Moritaka Nakamura, Masatoshi Taniguchi, Kanako Suzuki, Ryuichiro Oshida, Chiemi Kondo, Song Sun, Kagayaki Kato, Yoichiro Fukao, Toshio Hakoshima, Miyo Terao Morita

“Polar recruitment of RLD by LAZY1-like protein during gravity signaling in root branch angle control”

*Nature Communications* 11, 76 (2020)



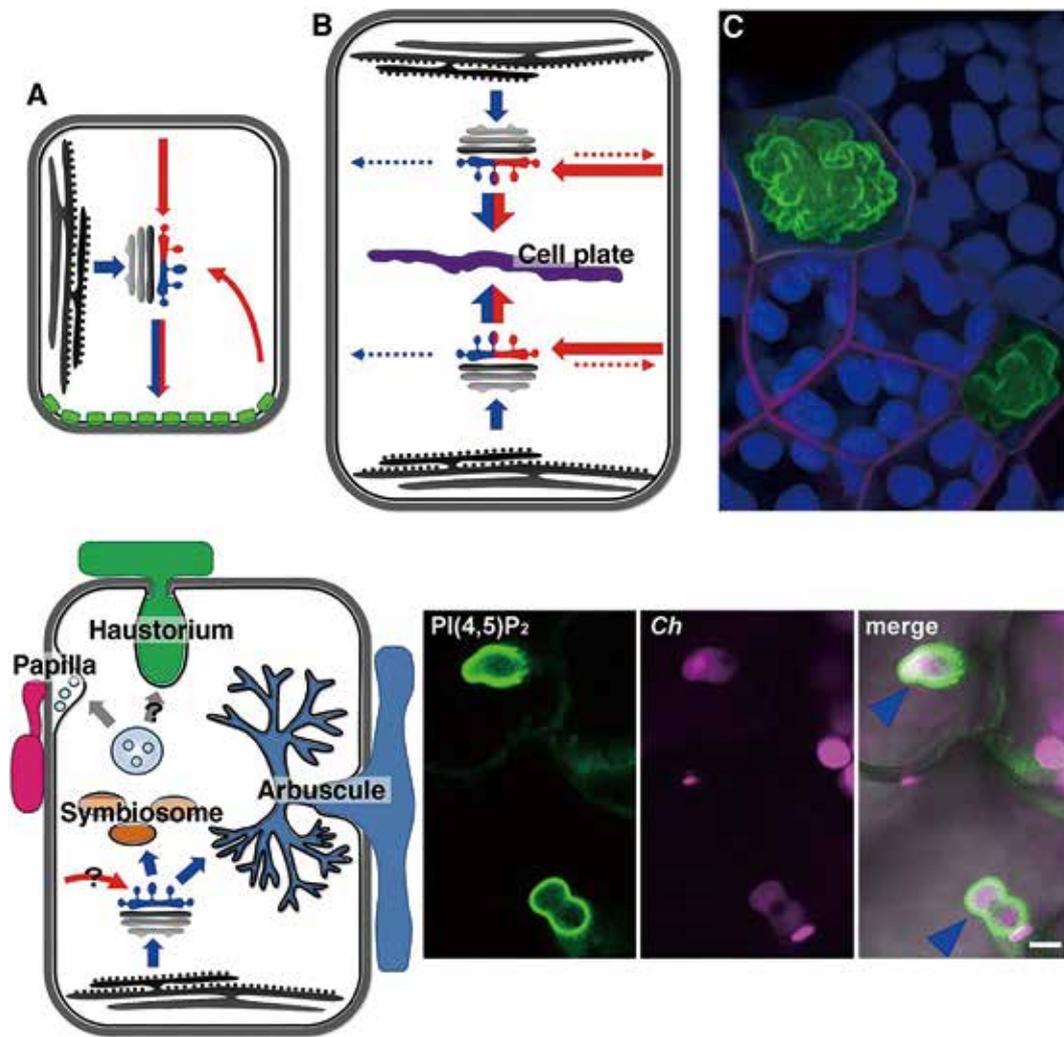
本研究により提唱された、側根コルメラ細胞での重力シグナル伝達機構のモデル図

側根コルメラ細胞では ①アミロプラストの位置情報に基づいて LZY が重力側の細胞膜に偏りを持って局在する、② LZY との結合により、RLD が細胞質から重力側の細胞膜に移動する、③ RLD による制御が PIN 蛋白質の重力側への偏りを生じさせ、④オーキシンを重力側により多く輸送する。

# 植物の膜交通研究から探る

## 細胞内輸送のメカニズムと進化

真核生物の細胞内には、小胞体やゴルジ体など様々なオルガネラがあり、それぞれが独自の機能を果たすことで生命現象が成り立っています。このオルガネラ間では小胞や細管を介した膜交通と呼ばれるメカニズムによって物質が運ばれています。膜交通の基本的なメカニズムは真核生物において広く保存されていますが、個々の系統に注目すると、進化の洗練を受けてそれぞれが独自の膜交通の仕組みを獲得していることが明らかになりつつあります。われわれは、シロイヌナズナとゼニゴケを用いて、植物における膜交通の普遍性と独自性を明らかにするべく研究を行っています。



### Members

教授

上田 貴志

助教

海老根 一生

金澤 建彦

特任助教

南野 尚紀

技術課技術職員

林 晃司

特任研究員

樋渡 琢真

FENG Yihong

総合研究大学院大学

大学院生

八野田 奨

特別共同利用研究員

法月 拓也

(東京大学)

技術支援員

山本 真由子

大原 さとみ

義則 有美

事務支援員

大久保 雅代

植物細胞における分泌およびエキソサイトーシス経路の多様化。(上図)分泌経路は細胞内から細胞膜および細胞外への輸送であり、多くの生物にとって特定の輸送シグナルを必要としないデフォルト輸送経路である。一方、陸上植物ではこの経路で機能する分子群に著しい多様化が見られ、それらが極性輸送 (A) や分裂期の細胞に出現する細胞板への輸送 (B) など、植物に特徴的な様々な現象に関与していることが示されている(文献4より改変)。(C)ゼニゴケ葉状体細胞において、分泌経路ではたらく膜融合実行因子(SNARE)の一種である MpSYP13B (マゼンタ) は細胞膜に局在するのにに対し、ホモログである MpSYP12B (緑) は油体膜に主に局在する。このことは、分泌経路で機能する SNARE 分子の機能が、進化の過程で多様化していることを示している。(下図) 共生菌および病原菌感染部位への輸送にも分泌経路の一部が転用されている (左図)。炭疽病菌侵入部位では、菌が植物細胞膜のリン脂質組成を改変することにより、植物の分泌経路を利用していると考えられる (右図、文献1、4より改変)。

## 植物に特徴的なオルガネラと膜交通

真核細胞の中には、小胞体や液胞など、機能の異なる多様なオルガネラが存在する。膜交通は、小胞や細管状の輸送中間体を介したオルガネラ間の物質輸送システムである。ここでは RAB GTPase、SNARE、被覆複合体などの鍵因子が機能しており、これらの因子の多様化が、オルガネラの多様化と密接に関連していると考えられている。我々の部門では、膜交通とオルガネラ機能の多様化の観点から、植物の膜交通の制御機構の研究を行っている。

液胞は、植物の細胞体積の9割以上を占める巨大なオルガネラで、動物のリソソームと同様に、不要タンパク質の分解を担っている。これに加え、植物の液胞は、タンパク質の貯蔵や膨圧の発生など、植物に特有の機能も有している。このような多様な液胞機能の発現には、液胞ではたらくタンパク質や液胞に貯蔵されるタンパク質を、正確かつ大量に液胞に輸送する仕組みが必要であり、そこでは植物が進化の過程で独自に獲得した膜交通の制御因子が重要な役割を担っている。現在は特に植物固有の液胞輸送経路について、その制御メカニズムの解析を進めている（文献3）。

苔類に特徴的なオルガネラである油体の研究も展開している。油体は、ゼニゴケでは油体細胞と呼ばれる特殊な細胞にのみ形成される。油体への物質輸送を担う膜交通の仕組みと油体細胞の分化機構に注目し、研究を進めている。

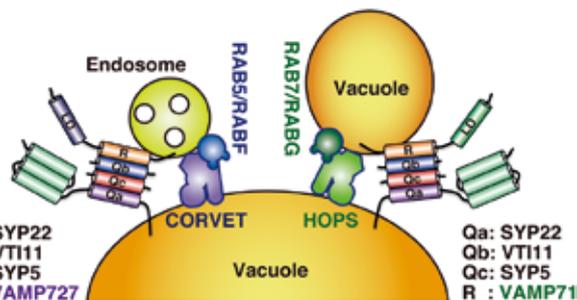


図1. シロイヌナズナの液胞膜で機能する膜融合装置  
シロイヌナズナの液胞膜では VAMP71-SYP22 を介した液胞同士の膜融合のほか、植物固有の膜交通制御因子である VAMP727 と SYP22 を介したエンドソーム-液胞間の膜融合があり、そこでは RAB5-CORVET 複合体が機能する（文献3）。

## 植物膜交通の生理機能

膜交通は、植物の様々な生理機能の発現において重要な役割を担っている。我々はこれまで、シロイヌナズナを用いて植物病原菌の感染や抵抗性の発動における膜交通の役割を解析しており、最近では膜中のリン脂質制御を介した分泌経路

の制御が、植物炭疽病菌の感染に深く関わっていることを明らかにした（文献1）。

配偶子の形成過程では、不要なオルガネラが除去され、配偶子機能の発現に関与する膜成分やタンパク質群が配置される。この過程にも、膜交通が深く関わっている。ゼニゴケは、雄性配偶子として運動性の鞭毛を有する精子を形成する。その精子変態過程では、オートファゴソームやエンドソームなどの分解系オルガネラが多数観察される（文献5）。精子変態過程におけるオルガネラの再構築において、膜交通やオートファジーがどのように関わるのかを明らかにするため、ゼニゴケのオートファジー研究系を構築した（文献2）。これを用いて精子変態時のオルガネラ再構築の分子機構と生理的意義の解明を進めている。

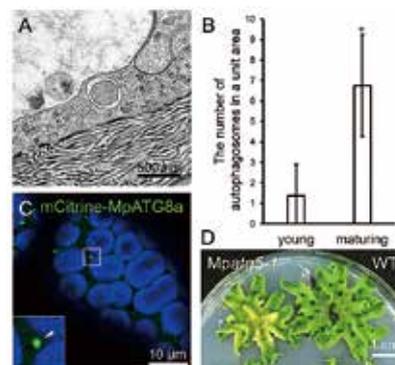


図2. ゼニゴケ精子変態過程における膜交通およびオートファジーの役割解明に向けて  
ゼニゴケ精子変態過程では、オートファゴソームなどの分解系オルガネラが多く観察される（AB; 文献5）。ゼニゴケ葉状体での mCitrine-MpATG8a (緑) を用いたオートファゴソームの可視化(C, 文献2)。オートファジー欠失変異体の葉状体は、黄変する表現型が見られる(D, 文献2)。

## 参考文献

- Shimada, T.L., Betsuyaku, S., Inada, N., Ebine, K., Fujimoto, M., Uemura, T., Takano, Y., Fukuda, H., Nakano, A., and Ueda, T. (2019). Enrichment of phosphatidylinositol 4,5-bisphosphate in extra-invasive hyphal membrane promotes *Colletotrichum* infection of *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell Physiol.* *60*, 1514-1524.
- Norizuki, T., Kanazawa, T., Minamino, N., Tsukaya, H. and Ueda, T. (2019). *Marchantia polymorpha*, a New Model Plant for Autophagy Studies. *Front. Plant Sci.* *10*, 935.
- Takemoto, K., Ebine, K., Askani, J.C., Krüger, F., Ito, E., Goh, T., Schumacher, K., Nakano, A. and Ueda, T. (2018). Distinct sets of tethering complexes, SNARE complexes, and Rab GTPases mediate membrane fusion at the vacuole in *Arabidopsis*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* *115*, E2457-E2466.
- Kanazawa, T., and Ueda, T., (2017). Exocytic trafficking pathways in plants: why and how they are redirected. *New Phytologist* *215*, 952-957.
- Minamino, N., Kanazawa, T., Nishihama, R., Yamato, K.T., Ishizaki, K., Kohchi, T., Nakano, A. and Ueda, T. (2017). Dynamic reorganization of the endomembrane system during spermatogenesis in *Marchantia polymorpha*. *J. Plant Res.* *130*, 433-441.

教授  
上田 貴志

助教  
海老根 一生

助教  
金澤 建彦

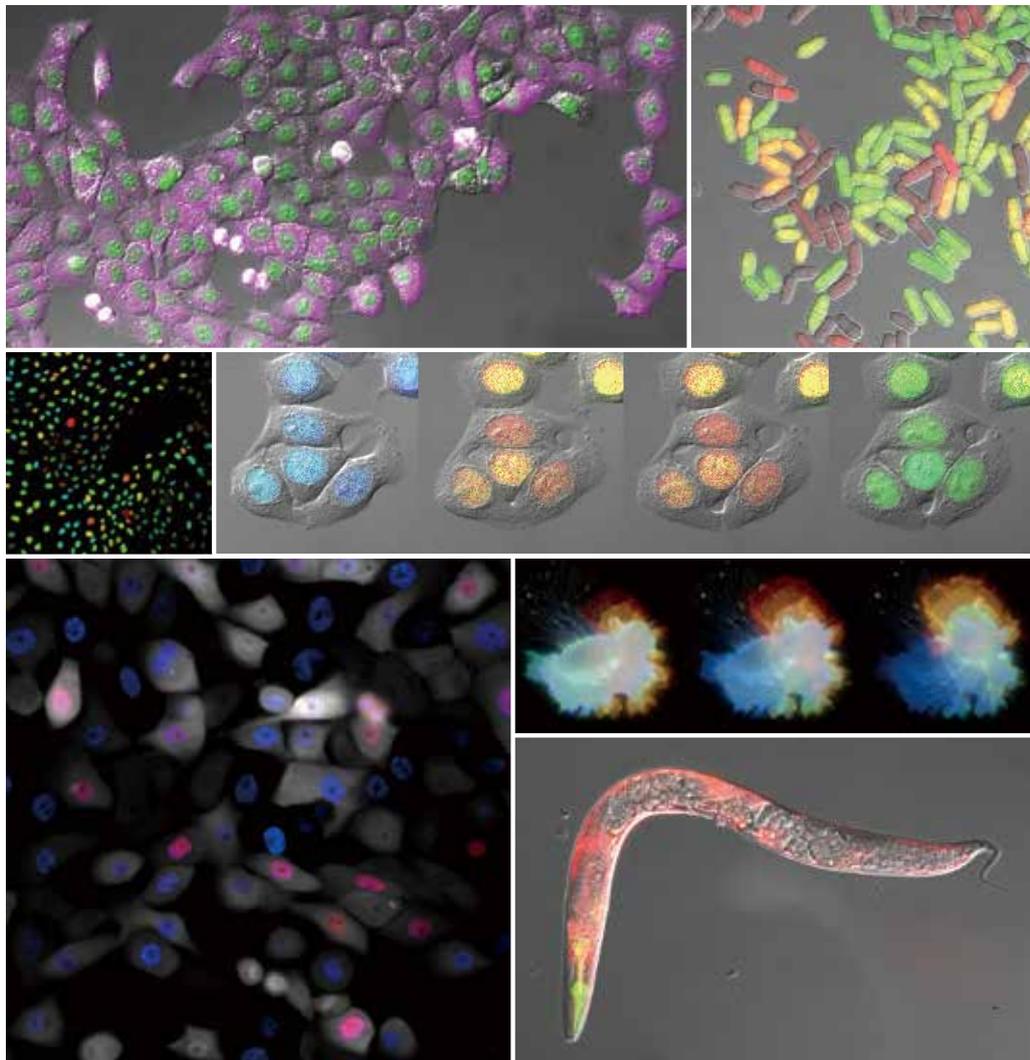
特任助教  
南野 尚紀



# 細胞の情報伝達を定量的に理解し

## 細胞機能进行操作する

細胞は、増殖因子やストレスなど細胞外からの入力情報を感知し、環境の変化に適応するように細胞機能を発現することで恒常性を維持している。しかし、多くの場合、細胞外環境はノイジーで絶えず変化しており、細胞がどのようにして入力情報を処理して表現型を出力しているのか、その分子機構は十分に分かっていない。私たちは、「細胞内情報伝達系」と呼ばれる細胞内の化学反応ネットワークを蛍光イメージングにより可視化し、光や小化合物によって操作するというアプローチを通じて、細胞機能の創発原理を定量的に理解することを目指している。



### Members

教授  
青木 一洋

助教  
近藤 洋平  
後藤 祐平

技術課技術職員  
尾納 隆大

博士研究員  
伊藤 玲奈  
Ellen Reed (IRCC)

日本学術振興会特別研究員  
中村 彰伸

総合研究大学院大学  
大学院生  
谷猪 遼介  
向井 正哉  
山本 啓  
酒井 啓一郎  
鶴岡 樹

技術支援員  
海老根 映美  
後藤 瑤子  
小野田 香織

私たちの研究室で使われている培養細胞、分裂酵母、線虫を使った蛍光イメージング画像の一例。

## 細胞のふるまいを定量的に理解する

細胞は生命の基本ユニットである。細胞は、環境や内的な状態の変化に反応し、適切に表現型に変化させ適応する。それを可能にしているのは、「細胞内情報伝達系」と呼ばれる細胞内の反応ネットワークシステムである。このネットワークは、分子と分子の結合や酵素反応といった化学的な素反応がいくつも連鎖して構成されている。

私達は、細胞や組織、個体の維持にとって本質的な機能である、細胞増殖・分化・細胞死の3つの表現型に関連するシグナル伝達系を定量的に理解することを目指している。アナログ的でしなやかな細胞内情報伝達系が、デジタル的で頑強な表現型を創発する原理に迫りたい。以下に、私たちが主として用いている技術を紹介する。

## 可視化

細胞内情報伝達系を生きた細胞内で定量的に可視化するためのバイオセンサーを開発している。細胞内の分子活性の変化を1細胞レベルで経時的に捉えることができる、蛍光共鳴エネルギー移動 (FRET) の原理に基づくバイオセンサー (文献 4,6) (図 1) や、蛍光タンパク質の円順列変異体を用いたバイオセンサー、細胞内局在を指標にしたバイオセンサー (文献 2) を開発している。リン酸化酵素や GPCR といった分子の活性を生きた細胞において可視化することで、生化学的手法では見えてこなかった細胞の中のダイナミックな化学反応をとらえることができる。

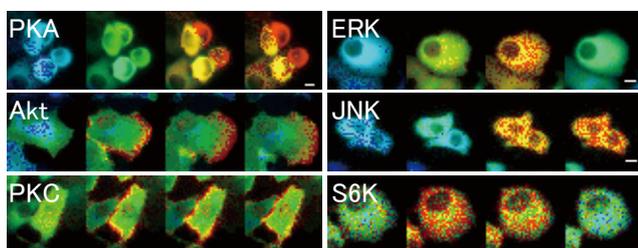


図 1：リガンドで刺激したときの PKA, Akt, PKC, ERK, JNK, S6K 活性を FRET イメージングで可視化した結果

キナーゼ活性を疑似カラーで示している。寒色が低活性、暖色が高活性を示しており、それぞれの色の明るさが FRET バイオセンサーの細胞内の局在を示している。

## 定量化

反応パラメーターを効率良く取得するための技術開発もやっている。蛍光相互相関分光法 (FCCS) を用いた解離定数 (Kd) の測定 (文献 1)、CRISPR/Cas9 遺伝子編集法

による内在性分子の濃度の測定、イメージングによる酵素反応速度定数の測定などを行っている。得られたパラメーターを基に、ボトムアップでシミュレーションモデルを作成し、数値計算により仮説を検証する。また、細胞組織の変形と力の画像データを基に、非侵襲的に組織の硬さを見積もる手法も開発している (文献 3)。

## 操作

細胞内情報伝達系のダイナミックな変化がしばしば細胞機能と密接に関連することが分かってきた。この細胞内情報伝達系のダイナミクスと表現型との因果関係を直接的に検証するためには、細胞内情報伝達系のダイナミクスを構成的に作り出し、期待される結果が得られるかを調べる必要がある。そこで、薬剤や光遺伝学による細胞内情報伝達系の摂動法の開発にも取り組んでいる (文献 5,6)。

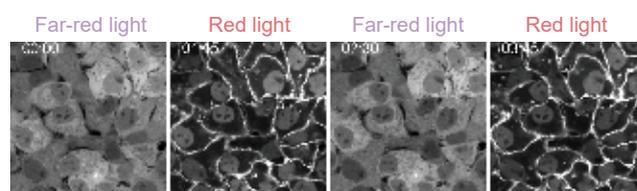


図 2：光による細胞内分子局在の操作の一例

遠赤色 (Far-red) 光では細胞質に局在しているが、赤色 (red) 光照射により分子が形質膜直下へと細胞内局在を変化させることができる。多くの細胞内情報伝達は分子局在の変化を伴うことが知られており、この原理により細胞内情報伝達系を操作することができる。

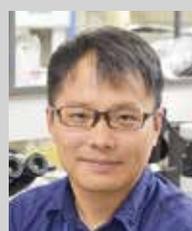
## 参考文献

1. Komatsubara, A.T., Goto, Y., Kondo, Y., Matsuda, M., Aoki, K. (2019). Single-cell quantification of the concentrations and dissociation constants of endogenous proteins. *J. Biol. Chem.* 294, 6062-6072.
2. Miura, H., Kondo, Y., Matsuda, M., Aoki, K. (2018). Cell-to-cell heterogeneity in p38-mediated cross-inhibition of JNK causes stochastic cell death. *Cell Reports* 24, 2658-2668.
3. Kondo, Y., Aoki, K., Ishii, S. (2018). Inverse tissue mechanics of cell monolayer expansion. *PLoS Comput. Biol.* 14, e1006029.
4. Aoki, K., Kondo, Y., Naoki, H., Hiratsuka, T., Itoh, R.E., Matsuda, M. (2017). Propagating Wave of ERK Activation Orients Collective Cell Migration. *Dev. Cell* 43, 305-317.
5. Uda, Y., Goto, Y., Oda, S., Kohchi, T., Matsuda, M., Aoki, K. (2017). Efficient synthesis of phycocyanobilin in mammalian cells for optogenetic control of cell signaling. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 114, 11962-11967.
6. Aoki, K., Kumagai, Y., Sakurai, A., Komatsu, N., Fujita, Y., Shionyu, C., and Matsuda, M. (2013). Stochastic ERK activation induced by noise and cell-cell propagation regulates cell density-dependent proliferation. *Mol. Cell* 52, 529-540.

教授  
青木 一洋

助教  
近藤 洋平

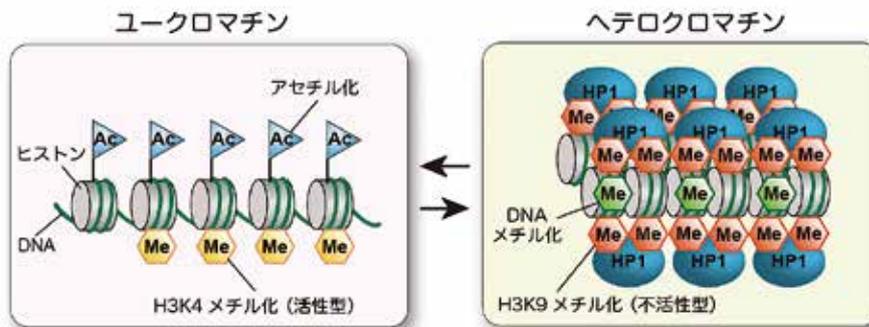
助教  
後藤 祐平



# エピジェネティクスの分子機構

私たちの個体を形作る細胞は、それぞれ全く同じセットのゲノム DNA を持っている。しかし、個々の細胞の働きは多様であり、全ての細胞が同じように DNA を使っていたのでは、このような多様性を生み出すことはできない。このように、DNA の一次配列だけでは説明できない現象は「エピジェネティクス」と呼ばれ、個体の発生や細胞の分化だけでなく、疾患や老化のメカニズム解明の鍵を握ると考えられている。私たちは DNA を取り巻く「クロマチン」という構造に着目し、そのダイナミックな構造変換がどのようにエピジェネティックな現象を調節しているのか、その分子機構の解明を目指している。

## エピジェネティクスの基盤となるクロマチンのダイナミクス



## モデルシステムの解析によりその分子メカニズムの解明を目指す



(上段) ユークロマチン領域 (左) では、転写の活性化に関わるヒストンのアセチル化や、H3K4 メチル化が存在している。一方ヘテロクロマチン領域 (右) では、抑制的に働く H3K9 メチル化や DNA メチル化が存在し、進化的に保存された HP1 タンパク質が結合して高次のクロマチン構造が形成される。  
 (下段) 当研究部門では、分裂酵母、原生生物テトラヒメナ、哺乳類動物細胞などを用いて、クロマチンのダイナミックな構造変化をもたらす分子機構の解明を目指している。

### Members

教授  
中山 潤一

助教  
片岡 研介

特任助教  
林 亜紀

技術課技術職員  
西本 裕希

総合研究大学院大学  
大学院生

Anisa Fitri Rahayu  
Olivera Valentirovic  
中村 凜子  
吉田 啓貴

特別共同利用研究員  
蜂須賀 亜季  
(福井大学)

技術支援員  
吉村 ゆり子  
浅井 友理子

事務支援員  
清原 愛

## 高次クロマチン構造形成の分子機構

真核細胞の染色体には、高度に凝縮したヘテロクロマチンと呼ばれる構造が存在しています。この高次のクロマチン構造は、セントロメアなど、染色体の機能ドメインの形成に寄与するとともに、エピジェネティックな遺伝子発現の制御にも重要な役割を果たしています。分裂酵母を用いた解析から、このヘテロクロマチンの形成に、RNAサイレンシングと呼ばれる現象の関与が明らかにされました。しかし、高等真核生物において、RNAサイレンシングとヘテロクロマチン形成がどのように結びつくのか、まだまだ数多くの謎が残されています。私達の研究部門では、主に分裂酵母を材料にヘテロクロマチン構造の形成メカニズムの解明に取り組んでいます。

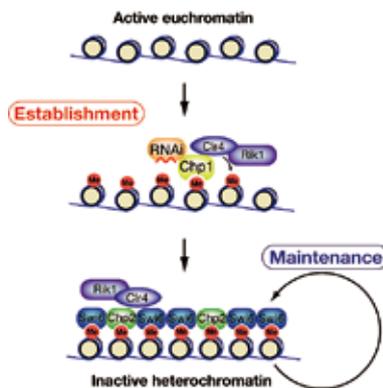


図1. 高次クロマチンの形成機構

## ヒストン修飾酵素の機能解析

クロマチンの大きな構造変化や、遺伝子発現を調節するためには、クロマチンの基本単位であるヌクレオソームの構造を変化させる必要があります。近年の解析から、ヌクレオソームを構成するヒストンが多様な翻訳後修飾を受け、この変化が様々な生命現象と関わることが明らかにされてきました。特にヒストンのメチル化修飾は、安定なエピジェネティックマークとして考えられており、そのメチル化修飾の変化を制御している機構の解明は、エピジェネティックな遺伝子発現制御の理解につながると期待されます。私達の研究部門では、ヒストンのメチル化やアセチル化を制御する、ヒストン修飾酵素の機能解析を進めています。

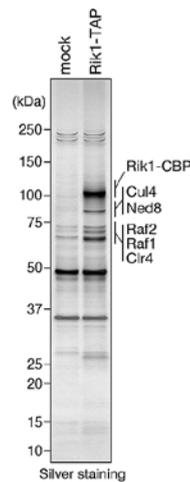


図2. 精製したヒストンメチル化酵素複合体

## ヒストン修飾認識の分子機構

クロモドメイン (CD) は、クロマチンの構造変化に関わる多くのタンパク質に見いだされる、進化的に保存されたモチーフ構造です。ヘテロクロマチンタンパク質 HP1 を中心とする研究によって、CD がメチル化されたヒストンを特異的に認識して結合するモジュールであることが明らかにされました。しかし、近年の解析から、CD によるメチル化ヒストンの認識には、近傍の核酸結合能の寄与や翻訳後修飾が関与することが明らかにされてきました。私達の研究部門では、CD タンパク質がどのようにヘテロクロマチンを標的としているのか、その分子機構の解明を進めています。

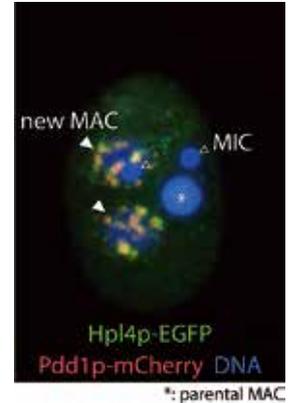


図3. テトラヒメナのHP1様タンパク質の局在解析

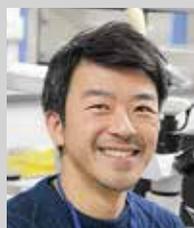
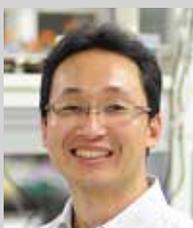
## 参考文献

- Ding, D.Q., Okamasa, K., Katou, Y., Oya, E., Nakayama, J., Chikashige, Y., Shirahige, K., Haraguchi, T., Hiraoka, Y. (2019). Chromosome-associated RNA-protein complexes promote pairing of homologous chromosomes during meiosis in *Schizosaccharomyces pombe*. *Nat. Commun.* 10, 5598.
- Oya, E., Nakagawa, R., Yoshimura, Y., Tanaka, M., Nishibuchi, G., Machida, S., Shirai, A., Ekwall, K., Kurumizaka, H., Tagami, H., Nakayama, J. (2019). H3K14 ubiquitylation promotes H3K9 methylation for heterochromatin assembly. *EMBO Rep.* 20, e48111.
- Oya, E., Durand-Dubief, M., Cohen, A., Maksimov, V., Schurra, C., Nakayama, J., Weisman, R., Arcangioli, B., Ekwall, K. (2019). Leo1 is essential for the dynamic regulation of heterochromatin and gene expression during cellular quiescence. *Epigenetics Chromatin* 12, 45.
- Hiragami-Hamada, K., Nakayama, J. (2019). Do the charges matter? - Balancing the charges of the chromodomain proteins on the nucleosome. *J. Biochem.* 165, 455-458.
- Machida, S., Takizawa, Y., Ishimaru, M., Sugita, Y., Sekine, S., Nakayama, J., Wolf, M., Kurumizaka, H. (2018). Structural basis of heterochromatin formation by human HP1. *Mol. Cell* 69, 385-397.
- Shirai, A., Kawaguchi, T., Shimojo, H., Muramatsu, D., Ishida-Yonetani, M., Nishimura, Y., Kimura, H., Nakayama, J., Shinkai, Y. (2017). Impact of nucleic acid and methylated H3K9 binding activities of Suv39h1 on its heterochromatin assembly. *eLife* 6, e25317.

教授  
中山 潤一

助教  
片岡 研介

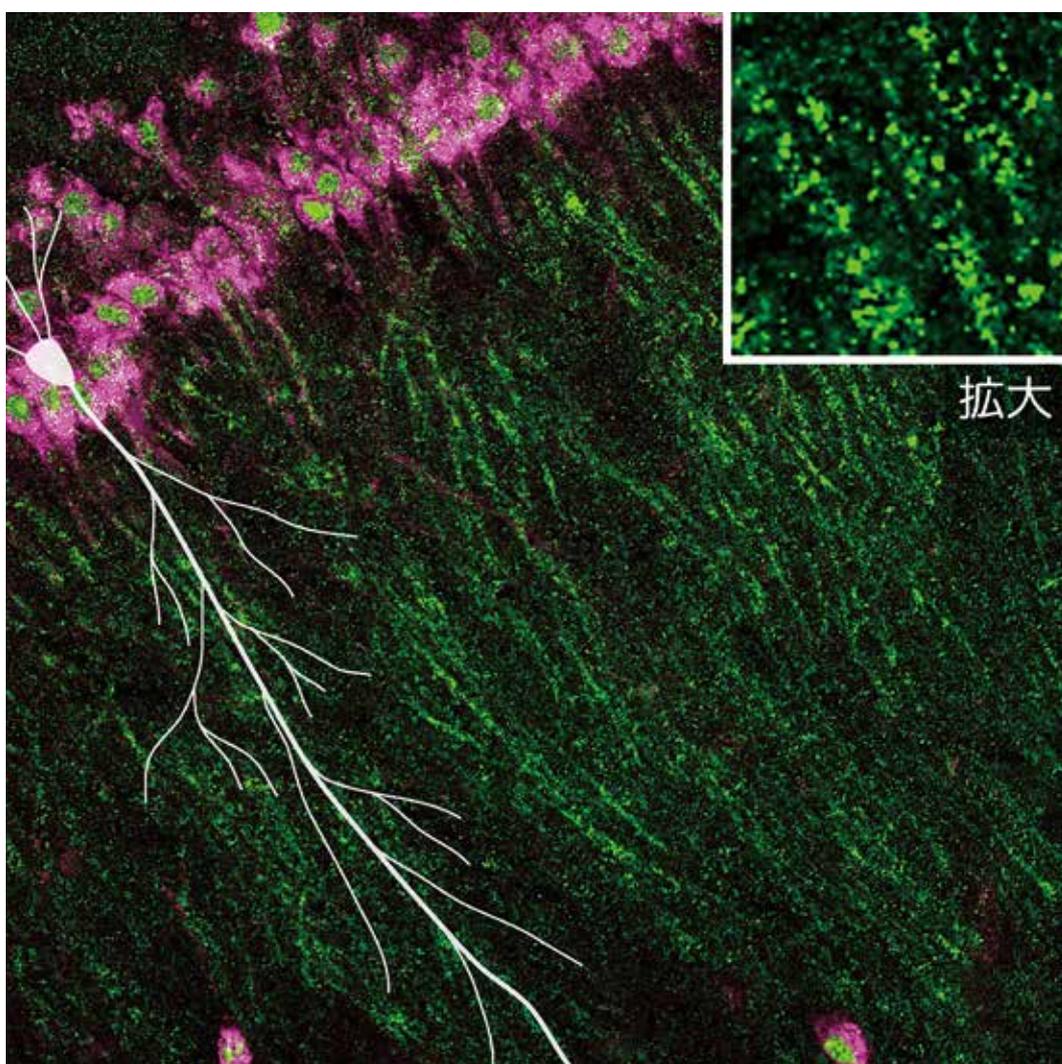
特任助教  
林 亜紀



# mRNA - タンパク質コンデンセートが司る

## 高次脳機能の解明

mRNA は、DNA の遺伝情報をもとにタンパク質を合成するという生命の根幹に不可欠の分子である。脳神経が正しく機能するためには、mRNA を鋳型としたタンパク質合成が時空間的に制御されることがとりわけ重要なことが分かってきた。この制御は、mRNA とそれに結合する様々なタンパク質が液-液相分離を起こしてコンデンセート（RNA 顆粒と呼ばれる細胞小器官）を形成することによって行われている。我々は、RNA 顆粒がどのように形成されてどのような特性を持つのか、さらに神経細胞における RNA 顆粒の働きが、学習・記憶や精神活動などの脳機能にどのような影響を与えるのかについて、マウスをモデル生物として、分子・細胞・個体レベルで明らかにすることを目指している。



### Members

准教授  
椎名 伸之

助教  
中山 啓 (8月31日まで)  
大橋 りえ (1月1日より)

総合研究大学院大学  
大学院生  
山下 映  
堀尾 朋世  
石倉 有唯  
吉田 将

技術支援員  
片山 香織

マウス脳（海馬）神経細胞の RNA 顆粒  
神経細胞の細胞体（赤）から伸びた樹状突起に RNA 顆粒（緑）が輸送され、局在している。模式図（白）は神経の細胞体とそこから伸びた樹状突起。

## RNA 顆粒の形成・ダイナミクスと神経機能

細胞内の様々な小器官は、生体膜に包まれることで区画化されている。しかし近年驚くべきことに、膜に包まれずに区画化する「コンデンセート」と呼ばれる細胞小器官が明らかにされつつある。それらコンデンセートは、液-液相分離 (LLPS) という物理化学的現象によって形成され、特定の分子が高濃度で集積しつつ、細胞質 (核内コンデンセートの場合は核質) との間で分子が行き来する平衡状態を保つ。「RNA 顆粒」は LLPS によって細胞質に形成されるコンデンセートであり、特定の RNA 結合タンパク質、mRNA、リボソーム等が濃縮している。RNA 結合タンパク質のうち、天然変性領域 (IDR) を持つものが互いに弱く相互作用することが、LLPS の原動力になっている。さらに RNA 顆粒は単一な液相ではなく、内部に固相の「コア」を含む (図 1, 文献 2)。このコアがニューロン内で過剰に凝集・巨大化してしまうことが神経変性疾患である筋萎縮性側索硬化症 (ALS) や前頭側頭葉変性性認知症 (FTLD) の引き金になると考えられている。我々は、IDR を介した RNA 顆粒の形成およびダイナミクス調節の分子メカニズムを明らかにすると共に、学習、加齢、ストレスなどの内的・外的要因が RNA 顆粒ダイナミクスを変化させる可能性について、またその変化の異常が神経機能の異常につながる可能性について探ろうとしている (図 1, 文献 2, 5)。

FUS RNG105

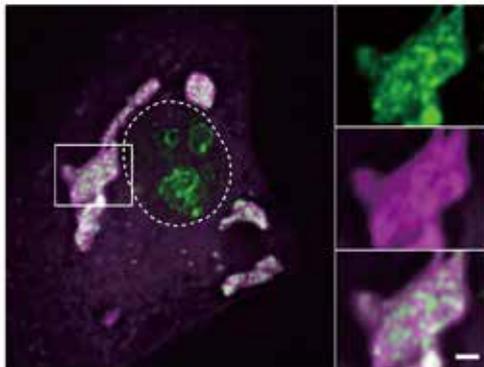


図 1. RNA 顆粒の液相、固相をそれぞれ形成する RNA 結合タンパク質培養細胞内で RNG105 (赤) は RNA 顆粒の液相を形成し、FUS (緑) はその内部に点状の固相を形成する。点線で囲まれた部分は核。細胞質に形成された RNA 顆粒の一部 (四角) の拡大図を右側の写真に示す。上: FUS, 中: RNG105, 下: 重ね合わせ。スケールバー: 2  $\mu$ m。

## 長期記憶形成における RNA 顆粒の役割

ニューロンにおける RNA 顆粒の重要な役割は、mRNA を樹状突起へ輸送し、樹状突起の後シナプス (スパイン) 近傍

において、学習時のシナプス入力に伴って局所的に翻訳を引き起こすことである。この局所的翻訳がシナプス結合の長期的な強化に必要であり、数時間から数年に及ぶ長期記憶の形成に関与すると考えられている。我々は RNA 顆粒の構成因子である RNA 結合タンパク質が、翻訳の時空間制御及び学習・記憶の形成に果たす役割を解明することに取り組んでいる。RNG105 (別名 caprin1) タンパク質は、樹状突起への mRNA 輸送を担う因子である (文献 1, 3)。RNG105 欠損マウスでは、本来樹状突起に局在すべき様々な種類の mRNA の局在が低下し、欠損の程度が軽微な場合は自閉症様行動を引き起こし (文献 4)、重篤な場合は長期記憶の形成が顕著に低下する (図 2, 文献 3)。RNG105 によって輸送される mRNA がどのようなメカニズムで長期記憶に結びつくかは不明な点が多く、今後の重要な課題である (文献 1)。

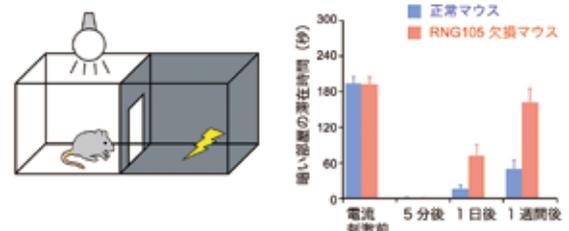


図 2. RNG105 遺伝子欠損による長期記憶の低下

マウスは暗い部屋で電流が流れる不快な経験を一度学習すると、その後電流が流れなくても暗い部屋を避けるようになる。正常マウスは 1 週間後も暗い部屋を避けた。一方、RNG105 欠損マウスは 5 分後には暗い部屋を避けたものの、1 週間後にはほぼ元通り暗い部屋に進入した。

## 参考文献

1. Ohashi, R. and Shiina, N. (2020). Cataloguing and selection of mRNAs localized to dendrites in neurons and regulated by RNA-binding proteins in RNA granules. *Biomolecules* 10, 167.
2. Shiina, N. (2019). Liquid- and solid-like RNA granules form through specific scaffold proteins and combine into biphasic granules. *J. Biol. Chem.* 294, 3532-3548.
3. Nakayama, K.†, Ohashi, R.†, Shinoda, Y., Yamazaki, M., Abe, M., Fujikawa, A., Shigenobu, S., Futatsugi, A., Noda, M., Mikoshiba, K., Furuichi, T., Sakimura, K. and Shiina, N. (equal contribution) (2017). RNG105/caprin1, an RNA granule protein for dendritic mRNA localization, is essential for long-term memory formation. *eLife* 6, e29677.
4. Ohashi, R., Takao, K., Miyakawa, T. and Shiina, N. (2016). Comprehensive behavioral analysis of RNG105 (Caprin1) heterozygous mice: Reduced social interaction and attenuated response to novelty. *Sci. Rep.* 6, 20775.
5. Shiina, N. and Nakayama, K. (2014). RNA granule assembly and disassembly modulated by nuclear factor associated with dsRNA 2 and nuclear factor 45. *J. Biol. Chem.* 289, 21163-21180.

准教授  
椎名 伸之

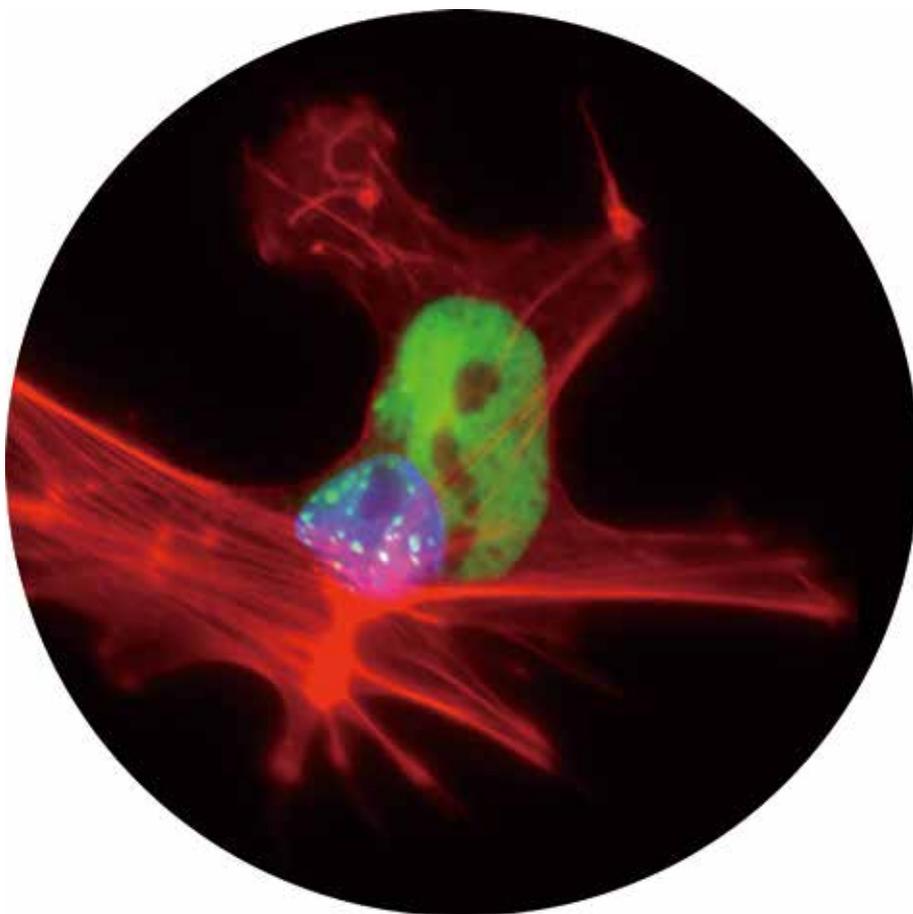
助教  
中山 啓

助教  
大橋 りえ



# 多能性細胞のゲノム恒常性

個体発生初期には、体を構成する全ての細胞種に分化する能力（多能性）を持つユニークな細胞群が一過的に出現する。この時期から樹立された胚性幹（ES）細胞は、染色体構造や細胞周期制御など、いくつかの点で他の細胞と異なっており、多能性の維持と密接な関係があると考えられている。一方で、染色体構造や細胞周期制御は、遺伝情報の維持に中心的役割を果たしている。幹細胞生物学研究室では、ES細胞における染色体構造・細胞周期制御・ゲノム恒常性維持機構の連携を紐解くことで、多能性を司るメカニズムの分子基盤を理解することを目指している。



## Members

准教授  
坪内 知美

特任助教  
倉島 公憲

総合研究大学院大学  
大学院生  
熊崎 泰成  
松本 陽乃

技術支援員  
浅井 友理子  
長沼 麻衣

マウス ES 細胞(右)とヒト B 細胞(左;青く染色されている)の融合細胞(赤は F-Actin; 細胞の境界を示す)。ES 細胞と融合した B 細胞には数日以内に多能性が誘導される。我々の研究室では、この系を使って多能性獲得過程を解析している。

## 多能性細胞の自己複製

多能性幹細胞は、他の細胞種と異なり、DNA複製期と分裂期を殆ど休みなく繰り返し、自己複製している。このような盛んな細胞分裂が、多能性の維持や発生の初期にどのような意義を持つのかは明らかではない。また、多能性幹細胞は他の細胞種とは異なる戦略でゲノム恒常性を維持していることが明らかになりつつある。私たちの研究室では、マウス ES 細胞をモデルに、多能性幹細胞特異的な自己複製機構とその生物学的意義を明らかにすることを目指している。

## ES 細胞と DNA 複製

自己複製に必要な DNA 複製の過程では、様々な要因で DNA 複製が阻害されるとゲノム不安定化につながる。近年の解析から、ES 細胞の DNA 複製装置は他の細胞種と比較して DNA 合成速度が遅いことが知られている (図 1)。しかし、その要因は明らかではない。

そこで私たちは、ES 細胞の複製フォーク速度が遅延する要因を明らかにするために、1. S 期内の異なるステージ、2. 染色体構造、3. 複製装置構成因子の挙動、の3つに着目して解析を進めている。



図 1. ES 細胞と線維芽細胞の DNA 複製フォーク速度  
細胞にヌクレオチド (dNTP) のアナログを一定時間投与することで合成中の DNA に取り込ませ、取り込まれたアナログを可視化することで DNA 複製フォークの進行速度を測定することができる。ES 細胞では線維芽細胞と比較して DNA 複製フォーク速度が遅い。

## 多能性誘導過程における DNA 複製

ES 細胞に線維芽細胞やリンパ細胞などの分化した細胞を融合させると、非 ES 細胞の核内に多能性が誘導されることが知られている。私たちは、この系を使って、ヒト B リンパ細胞に多能性が誘導される過程を調べてきた。この中で、多能性誘導の鍵を握る核内制御が、DNA 複製と密接な関係を持つことがわかった。多能性誘導の結果得られる iPS 細胞では、DNA 複製過程に生じたと思われるゲノム上の傷が見ついている。つまり、多能性誘導過程は、DNA 損傷と生存のバランスの上に成り立っていると考えられる。私たちは、細胞融合の系を使って、多能性誘導過程における DNA 複製の安定性とゲノム恒常性を調べている。このことで多能性細胞

特異的な自己複製機構をよりよく理解すると共に効率の良い多能性誘導とより安全な再生医療への応用に貢献できると考えている。

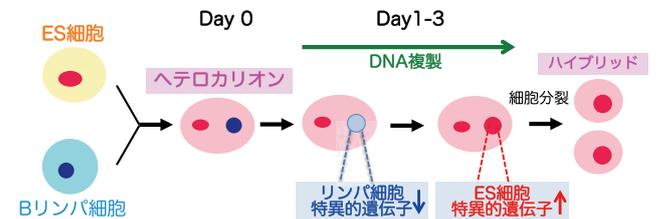


図 2. 細胞融合を使ったリンパ細胞への多能性導入  
細胞融合後数日間はそれぞれの細胞由来の核が単一の細胞内で独立に存在するヘテロカリオンの状態が続き、その後細胞分裂時に二つの核の情報が混ざり合いハイブリッド細胞となる。リンパ細胞特異的遺伝子の抑制、ES 細胞特異的遺伝子の発現はヘテロカリオン内で起こる。

## 参考文献

- Argunhan, B., Leung, W.K., Afshar, N., Terentyev, Y., Vijayalakshmi V. Subramanian, Murayama, Y., Hochwagen, A., Iwasaki, H., Tsubouchi T. and Tsubouchi, H. (2017). Fundamental Cell Cycle Kinases Collaborate to Ensure Timely Destruction of the Synaptonemal Complex. *EMBO 36*, 2488-2509.
- Leung, W.K., Humphryes N., Afshar, N., Argunhan, B., Terentyev, Y., Tsubouchi, T. and Tsubouchi, H. (2015). The Synaptonemal Complex is Assembled by a PolySUMOylation-Driven Feedback Mechanism in Yeast. *J. Cell Biol. 211*, 785-793.
- Tsubouchi, T. and Fisher, A.G. (2013). Reprogramming and the Pluripotent Stem Cell Cycle. *Curr. Top. Dev. Biol. 104*, 223-241.
- Tsubouchi, T., Soza-Ried, J., Brown, K., Piccolo, F.M., Cantone, I., Landeira, D., Bagci, H., Hochegger, H., Merckenschlager, M. and Fisher A.G. (2013). DNA Synthesis Is Required for Reprogramming Mediated by Stem Cell Fusion. *Cell 152*, 873-883.
- Pereira, C.F., Piccolo, F.M., Tsubouchi, T., Sauer, S., Ryan, N.K., Bruno, L., Landeira, D., Santos, J., Banito, A., Gil, J., Koseki, H., Merckenschlager, M. and Fisher, A.G. (2010). ESCs Require PRC2 to Direct the Successful Reprogramming of Differentiated Cells toward Pluripotency. *Cell Stem Cell 6*, 547-556.
- Tsubouchi, T., MacQueen, A.J. and Roeder, G.S. (2008). Initiation of Meiotic Chromosome Synapsis at Centromeres in Budding Yeast. *Genes Dev. 22*, 3217-3226.
- Tsubouchi, T., Zhao, H. and Roeder, G.S. (2006). The Meiosis-Specific Zip4 Protein Regulates Crossover Distribution by Promoting Synaptonemal Complex Formation together with Zip2. *Dev. Cell 10*, 809-819.
- Tsubouchi, T. and Roeder, G.S. (2005). A Synaptonemal Complex Protein Promotes Homology-Independent Centromere Coupling. *Science 308*, 870-873.

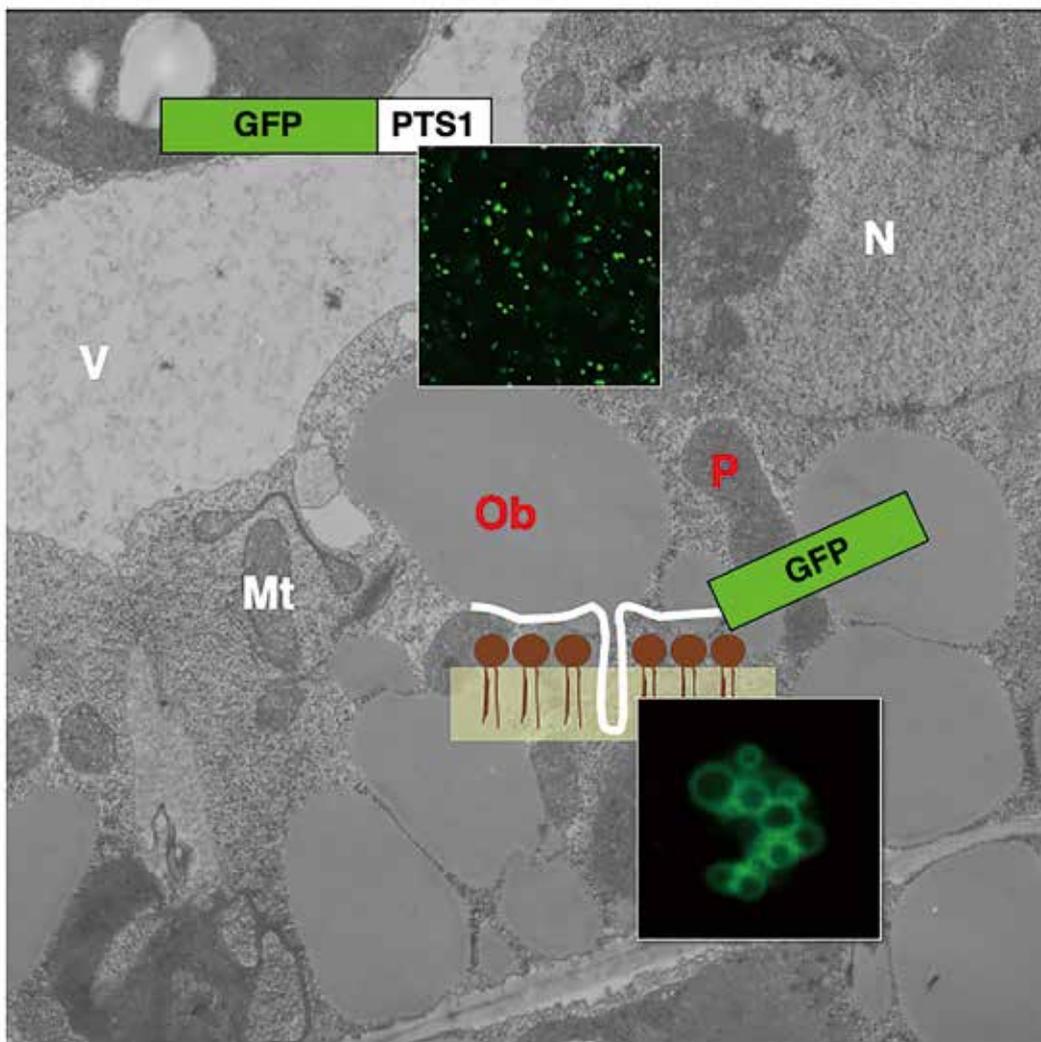
准教授  
坪内 知美

特任助教  
倉島 公憲



# 植物の高次機能を支えるオルガネラ形成と機能発現の仕組み

種子が発芽して成長し、次世代のために再び種子を残し、やがて枯れるという植物の営みには、オルガネラ（細胞小器官）の機能と形態の変動が伴っている。オルガネラは、細胞の成長や分化、植物個体の生育環境に应答して、機能や数、形、大きさを柔軟に変化させる。こうした柔軟なオルガネラの動的変動が、環境と一体化して生きている植物の高次機能を支えている。私たちは、分子から細胞、植物個体まで幅広いレベルから、植物の高次機能を支えているオルガネラ形成や機能発現がどのように制御されているのか、その分子機構の解明を目指している。



## Members

准教授  
真野 昌二

特任助教  
金井 雅武

特別訪問研究員  
神垣 あかね

技術支援員  
曳野 和美  
永田 恭子

事務支援員  
上田 千弦 (ABiS)  
浅井 さな恵 (ABiS)  
中山 朋美 (ABiS)

発芽後のシロイヌナズナ子葉の電子顕微鏡写真。挿入図は GFP にペルオキシソーム輸送シグナル (PTS1: Peroxisome targeting signal 1) を融合させて可視化させたペルオキシソームと、オイルボディ膜のタンパク質であるオレオシンを GFP に融合させて可視化させたオイルボディ。Mt; ミトコンドリア、N; 核、Ob; オイルボディ、P; ペルオキシソーム、V; 液胞。

## 植物ペルオキシソームの形成機構と機能発現

ペルオキシソームは、植物や動物、酵母など真核細胞に存在するオルガネラで、植物では脂肪酸代謝や光呼吸、ジャスモン酸の生合成、活性酸素種の除去など様々な機能をもつ。それらの機能が低下すると、種子の発芽不全、植物体の矮性化、配偶子認識異常などを引き起こすことから、ペルオキシソームの機能が、植物の一生を通じて必要であることが明らかとなっている。ペルオキシソームが正常な機能を発揮するには、遺伝子発現やペルオキシソームへのタンパク質輸送、他のオルガネラとの相互作用、ペルオキシソーム内部でのタンパク質分解およびペルオキシソーム自身の分解による品質管理機構が必要である(図1、文献4, 6)。しかしながら、その分子機構は解明されていない。私たちは、ペルオキシソーム形成と機能発現に関わる因子の同定と、それらの制御機構について研究している。

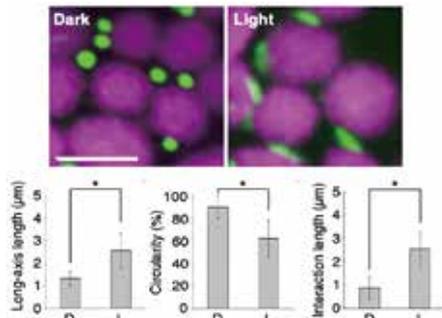


図1. シロイヌナズナのペルオキシソームと葉緑体の相互作用

GFPによってペルオキシソームが可視化された形質転換シロイヌナズナを用いて、暗所(左)と明所(右)における、ペルオキシソーム(緑)と葉緑体(マゼンタ)の相互作用を観察した。暗所ではペルオキシソームは球形となり葉緑体と接する部位が小さい。一方、明所ではペルオキシソームは長くなり葉緑体との接する部位が大きくなる。グラフは左から、ペルオキシソームの長径の長さ、円形度、葉緑体との接する部位の長さ。D: 暗所、L: 明所。写真のバーは10 µm。

## 種子における貯蔵物質の集積機構

種子は、多量の脂質やタンパク質、糖質を蓄積する。このうち、脂質は小胞体由来のオルガネラであるオイルボディに、タンパク質は液胞由来のオルガネラであるプロテインボディに蓄積する。植物は、これらの貯蔵物質を発芽や発芽直後の生長のエネルギーとして利用する。貯蔵物質の蓄積量や組成は、植物によって異なっており、その生合成の制御機構も異なっている。私たちは、様々な植物の種子を用いて、貯蔵物質の合成と蓄積、および分解機構の解明に取り組んでいる(図2、文献1, 5)。



図2. 種子特異的リパーゼの機能を低下させたダイズ種子

ダイズ種子の登熟期に発現するリパーゼSDP1の遺伝子発現を、RNAi法で抑制した種子では、野生型(左)に比べ種皮が裂けるほどに種子が肥大化した(右)。この種子では、油脂含量が増加するだけでなく、脂肪酸組成が変化(ダイズ油の主要な脂肪酸であるリノール酸が減少し、オレイン酸が増加)することが明らかとなった。

## 植物用 Gateway vector の開発

Gateway技術を利用した植物研究に有用な Destination vectorを開発し、国内外の植物研究者に利用してもらっている(文献2, 3)。

## 植物オルガネラ画像データベースの構築

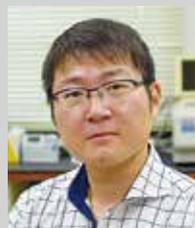
植物オルガネラ研究の基盤整備として、The Plant Organelles Database 3 (PODB3)を運営している。PODB3には、全国の植物研究者から提供された植物オルガネラの静止画や動画、電子顕微鏡写真、実験プロトコルが収集されている。さらに、一般の方向けのサイト「植物オルガネラワールド」も公開している。

## 参考文献

- Kanai, M., Yamada, T., Hayashi, M., Mano, S., and Nishimura, M. (2019). Soybean (*Glycine max* L.) triacylglycerol lipase GmSDP1 regulates the quality and quantity of seed oil. *Sci. Rep.* 9, 8924.
- Mano, S., Nishihama, R., Ishida, S., Hikino, K., Kondo, M., Nishimura, M., Yamato, T.K., Kohchi, K., and Nakagawa, T. (2018). Novel gateway binary vectors for rapid tripartite DNA assembly and promoter analysis with various reporters and tags in the liverwort *Marchantia polymorpha*. *PLOS ONE* 13, e0204964.
- Kamigaki, A., Nito, K., Hikino, K., Goto-Yamada, S., Nishimura, M., Nakagawa, T., and Mano, S. (2016). Gateway vectors for simultaneous detection of multiple protein-protein interactions in plant cells using bimolecular fluorescence complementation. *PLOS ONE* 11, e0160717.
- Kimori, Y., Hikino, K., Nishimura, M., and Mano, S. (2016). Quantifying morphological features of actin cytoskeletal filaments in plant cells based on mathematical morphology. *J. Theor. Biol.* 389, 123-131.
- Kanai, M., Mano, S., Kondo, M., Hayashi, M., and Nishimura, M. (2016). Extension of oil biosynthesis during the mid-phase of seed development enhances oil content in Arabidopsis seeds. *Plant Biotechnol. J.* 14, 1241-1250.
- Oikawa, K., Matsunaga, S., Mano, S., Kondo, M., Yamada, K., Hayashi, M., Kagawa, T., Kadota, A., Sakamoto, W., Higashi, S., Watanabe, M., Mitsui, T., Shigemasa, A., Iino, T., Hosokawa, Y., and Nishimura, M. (2015). Physical interaction between peroxisomes and chloroplasts elucidated by *in situ* laser analysis. *Nature Plants* 1, 15035.

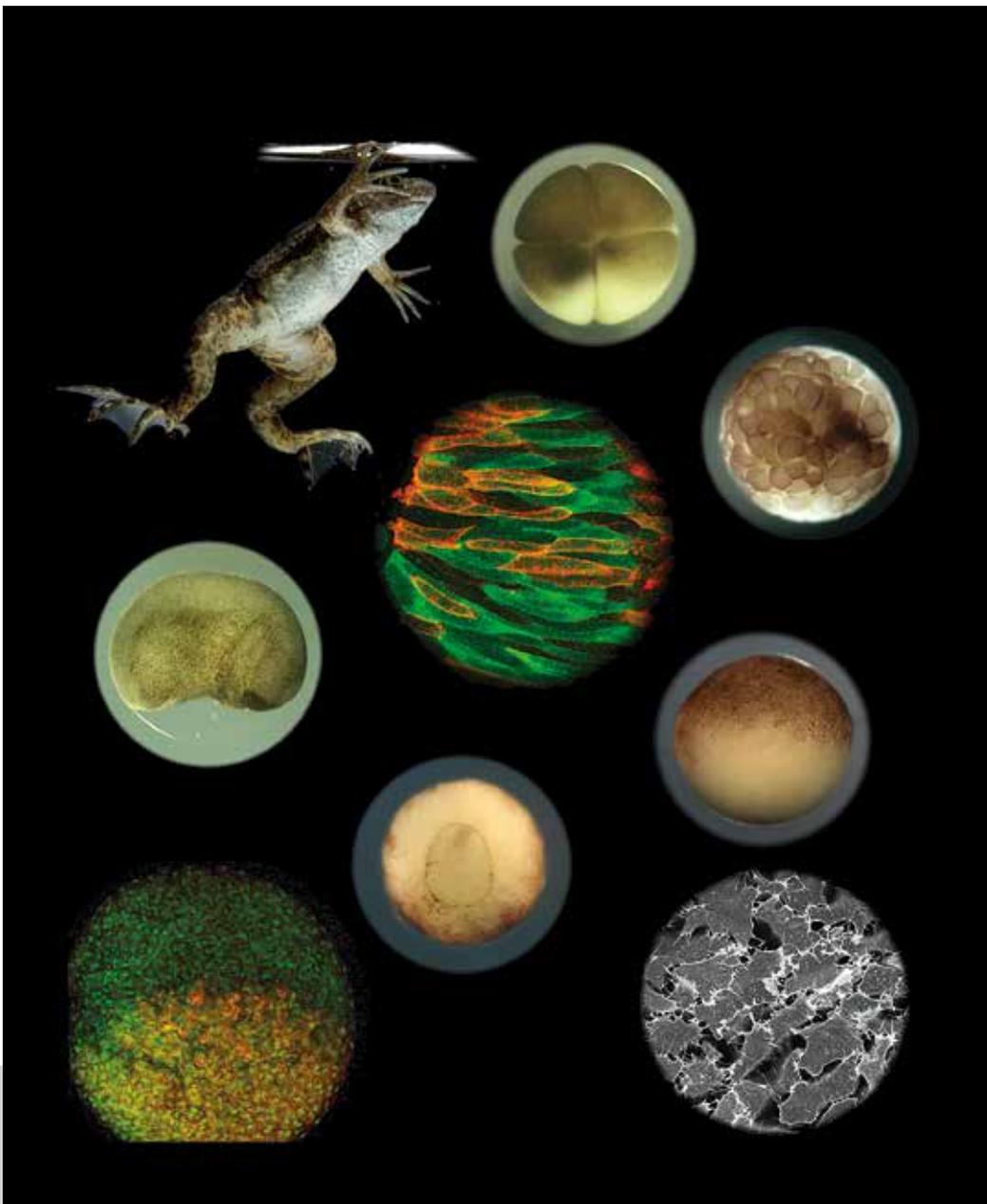
准教授  
真野 昌二

特任助教  
金井 雅武



# 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。細胞分化、細胞運動を制御する細胞間相互作用によって細胞や組織は形や機能を変え、ダイナミックに運動することでさまざまな器官を形成する。同時に、細胞・組織の形態変化・運動によって胚内には様々な力が発生する。私たちはこの過程を発生ダイナミクス（動力学）として理解し、動物種間で比較したり、進化や環境によってどのような影響を受けるのかを探ることにより、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

技術課技術職員  
高木 知世

特任専門員  
山本 隆正  
安江 奈緒子

事務支援員  
三宅 智子  
柘植 豊子 (ABiS)

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

## 生きものの形作りに共通する分子基盤

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、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ます。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タンパク質ばかりでなく、物理的な力も考慮して探ろうとしています。

## 力学応答における Erk2 シグナルの役割

動物の発生過程では、ダイナミックな形態形成運動によって物理的な力が発生します。そのような力を胚の細胞が受容し、応答するメカニズムやその役割は、未だ大きな謎です。私たちは、アフリカツメガエル胚を用い、原腸形成における外胚葉の伸展という力学刺激が、FGF 受容体と、その下流の Erk2 プロテインキナーゼを活性化することを明らかにしました。さらに、このシグナルの活性化により、F-アクチンや細胞接着に関わるタンパク質の局在が変化し、細胞骨格や細胞接着を強化して、胚を頑強にする役割を果たしていることを突き止めました(図1)。このような力学依存的シグナルによる、細胞接着・細胞骨格の動態制御の仕組みを調べることで、細胞の力学応答の分子メカニズム、発生におけるその意義をさらに明らかにしていきたいと考えています。

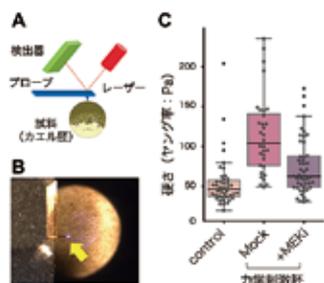


図1. 力学刺激により変化する胚の“硬さ”  
(A) 原子間力顕微鏡による硬さ測定の原理。プローブに試料を押し当て、その変形をレーザーによりモニターする。(B) アフリカツメガエル胚の測定。矢印はプローブ。(C) 外胚葉への伸展刺激は硬さを増加させ、Erk 活性阻害 (MEKi) はその増加を抑制した。

## 脊索形成のメカニズムを探る

脊索という組織は、ヒトを含めた脊索動物にだけ見られる特徴的な構造で、形態形成過程において体づくりの中軸を担う重要な器官です。私たちは、脊索ができる過程を明らかにすることによって、脊索動物の誕生と進化を理解しようとしています。そのために、脊索を持つ祖先的な動物群である頭索動物のナメクジウオ、尾索動物のホヤなどの脊索形成遺伝

子の機能と遺伝子調節ネットワークを解析し、個体発生と進化の両面において、脊索組織の形成の仕組みを明らかにしたいと考えています。

## サンゴの生態と環境応答

サンゴは、細胞内に褐虫藻を共生させ、共生藻から受け取る光合成産物を栄養源としています。したがって、生息地の光環境はサンゴの生存を左右する重要な物理要因の一つであると考えられます。しかし、サンゴが個体レベルで光に対してどのように応答するのかはこれまで明確になっていませんでした。私たちは、サンゴの光応答特性を明らかにするために、遊泳性をもつ幼生を用いて様々な光条件のもとで行動解析を行いました(図2)。その結果、サンゴの幼生が刺激光の減衰、主に短波長成分の減少に応じて遊泳を一時停止することを明らかにしました。また、この反応が明環境への集積の素反応となることが示唆されました。今後、このような光受容・光応答のメカニズムを明らかにし、適応的な意義を明らかにしていきたいと考えています。



図2. 大型スペクトログラフを用いた幼生の行動実験  
様々な波長下での幼生の応答を調べるために大型スペクトログラフを用いて行動観察を行った。各光環境下で撮影した動画から幼生の遊泳速度や遊泳方向を算出した。

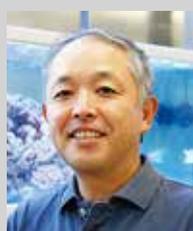
## 参考文献

- Kinoshita, N., Hashimoto, Y., Yasue, N., Suzuki, M., Cristea, I.M., and Ueno, N. (2020). Mechanical Stress Regulates Epithelial Tissue Integrity and Stiffness through the FGFR/Erk2 Signaling Pathway during Embryogenesis. *Cell Rep.* 30, 3875-3888.
- Sakai, Y., Hatta, M., Furukawa, S., Ueno, N., Kawata, M., and Maruyama, S. (2020). Environmental factors explain spawning day deviation from full moon in the scleractinian coral *Acropora*. *Biol. Lett.* 16, 20190760.
- Hashimoto, Y., Kinoshita, N., Greco, T., Federspiel, J., Beltran, P.J., Ueno, N., and Cristea, I.M. (2019). Mechanical Force Induces Phosphorylation-Mediated Signaling that Underlies Tissue Response and Robustness in *Xenopus* Embryos. *Cell Syst.* 8, 226-241.
- Tominaga, H., Satoh, N., Ueno, N., and Takahashi, H. (2018). Enhancer activities of amphioxus *Brachyury* genes in embryos of the ascidian, *Ciona intestinalis*. *Genesis* 56, e23240.
- Hayashi, K., Yamamoto, T.S., and Ueno, N. (2018). Intracellular calcium signal at the leading edge regulates mesodermal sheet migration during *Xenopus* gastrulation. *Sci. Rep.* 8, 2433.

教授  
上野 直人

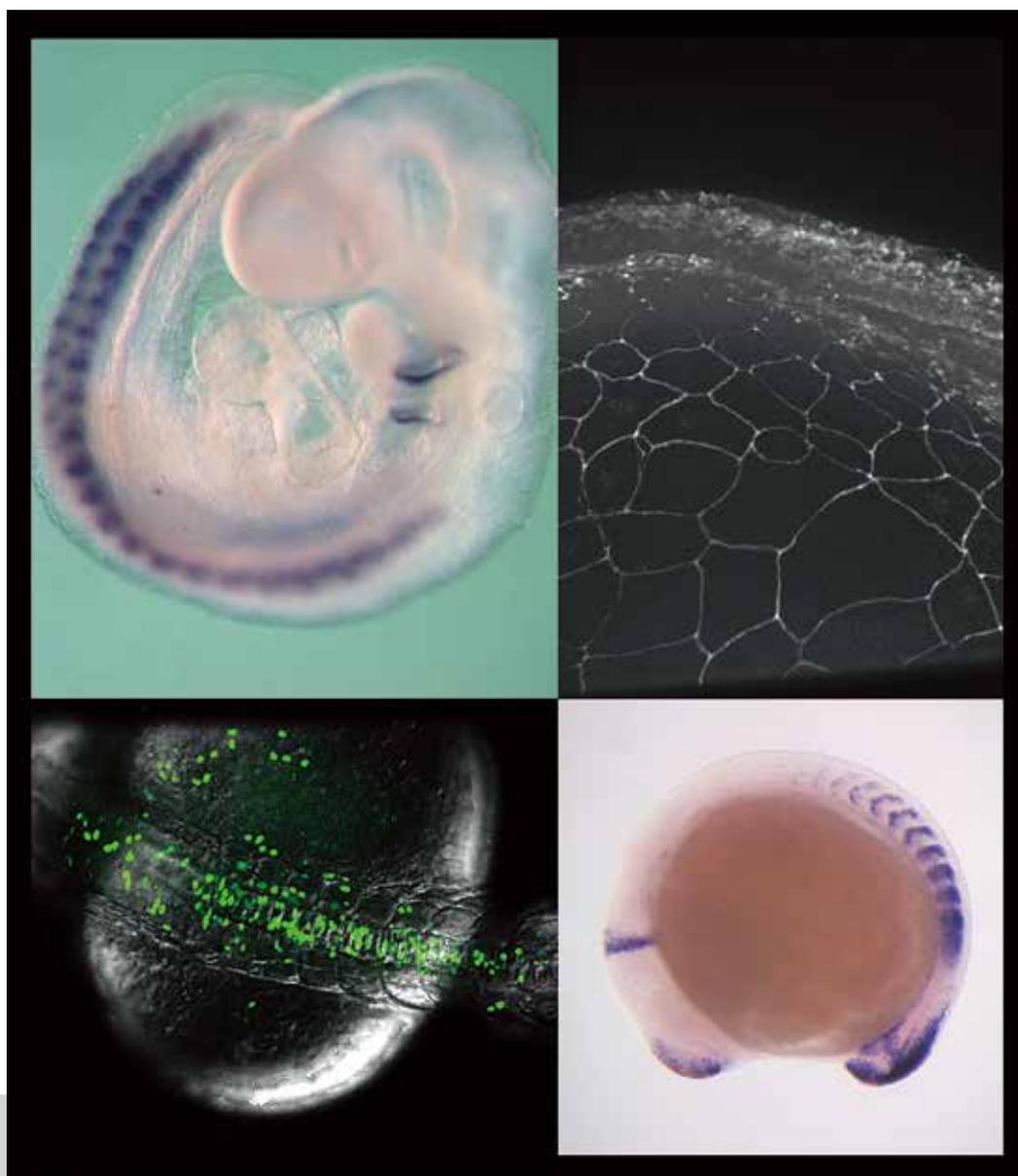
准教授  
木下 典行

助教  
高橋 弘樹



# 分節とシグナルから発生のしくみを理解する

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。私たちは細胞同士の情報伝達がそのような制御の根幹にあると考え、情報が時空間的に広がる仕組みを解き明かそうとしている。それと同時に、体節という発生の過程で一過的に作られる繰り返し構造（分節構造）に焦点を当て、厳密な時間的コントロールのもとで空間的な繰り返し構造が作られていくしくみについても理解しようとしている。



## Members

教授  
高田 慎治

助教  
矢部 泰二郎  
三井 優輔

特任助教  
篠塚 琢磨

技術課技術職員  
内海 秀子

博士研究員  
高田 律子

総合研究大学院大学  
大学院生  
畠山 宙大  
TRAN Thi Hong Nguyen  
鈴木 美奈子

技術支援員  
高代 加代子  
伊藤 由紀子

事務支援員  
野畑 電子

## 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拡散制御の分子機構を研究している。

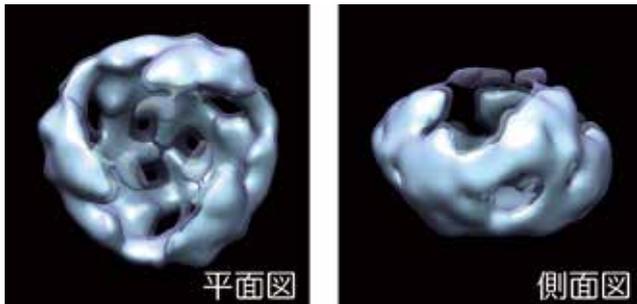


図 1. Wnt タンパク質の3量体構造

細胞外に分泌された Wnt3a タンパク質は3量体を基本構造とする集合体を形成する。この3量体は受容体や Wnt 結合タンパク質である sFRP などとの相互作用により解離し、拡散性の高いヘテロ複合体を形成する。組織内での Wnt の拡散は Wnt の集合体と形成と解離のバランスにより制御されているものと考えられる。

我々は細胞外に分泌された Wnt は不飽和脂肪酸により修飾されていることを発見するとともに、疎水性である脂肪酸をタンパク質の表面から隠すために3量体を最小単位とする集合体を形成していることを明らかにしてきた(図1)。Wnt 3量体は受容体や細胞外に存在する Wnt 結合タンパク質との相互作用により容易に解離する。さらに、解離した Wnt は、Wnt 結合タンパク質 sFRP とヘテロ複合体を形成することにより拡散性が亢進する。このような Wnt タンパク質の性質に対する理解に立脚して、細胞間の情報伝達の制御機構を解き明かして行きたいと考え、生体内における細胞間情報伝達を Wnt の動態から解析しようとしている。

## 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2)。

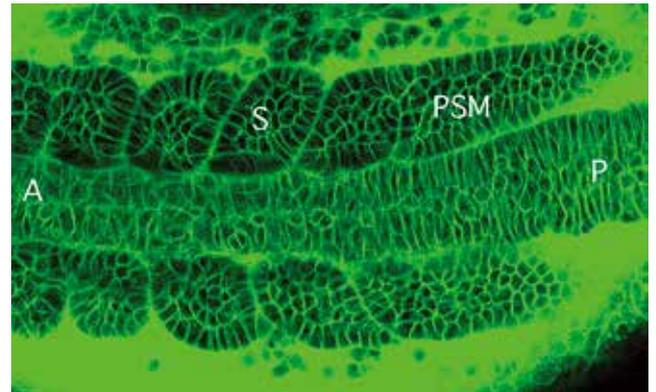


図2 ゼブラフィッシュの体節

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。

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。私たちは、ゼブラフィッシュという小型の熱帯魚を使って、時間的周期性を形態的反復性へと変換するしくみの解明を目指している。

## 参考文献

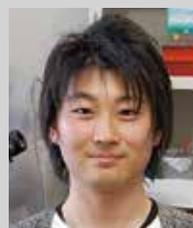
- Shinozuka T., Takada, R., Yoshida, S., Yonemura, S., Takada, S. (2019). Wnt produced by stretched roof-plate cells is required for the promotion of cell proliferation around the central canal of the spinal cord. *Development* 146, dev159343.
- Takada, R., Mii, Y., Krayukhina, E., Maruyama, Y., Mio, K., Sasaki, Y., Shinkawa, T., Pack, C.-G., Sako, Y., Sato, C., Uchiyama, S., Takada, S. (2018). Assembly of protein complexes restricts diffusion of Wnt3a proteins. *Commun. Biol.* 1, 165.
- Mii, Y., Yamamoto, T., Takada, R., Mizumoto, S., Matsuyama, M., Yamada, S., \*Takada, S., and \*Taira, M. (\*Co-corresponding authors) (2017). Roles of two types of heparan sulphate clusters in Wnt8 distribution and signalling in *Xenopus*. *Nat. Commun.* 8, 1973.
- Yabe, T., Hoshijima, K., Yamamoto, T., and Takada, S. (2016). Quadruple zebrafish mutant reveals different roles of Mesp genes in somite segmentation between mouse and zebrafish. *Development* 143, 2842-2852.
- Takada, R., Satomi, Y., Kurata, T., Ueno, N., Norioka, S., Kondoh, H., Takao, T., and Takada, S. (2006). Monounsaturated fatty acid modification of Wnt protein: Its role in Wnt secretion. *Dev. Cell* 11, 791-801.

教授  
高田 慎治

助教  
矢部 泰二郎

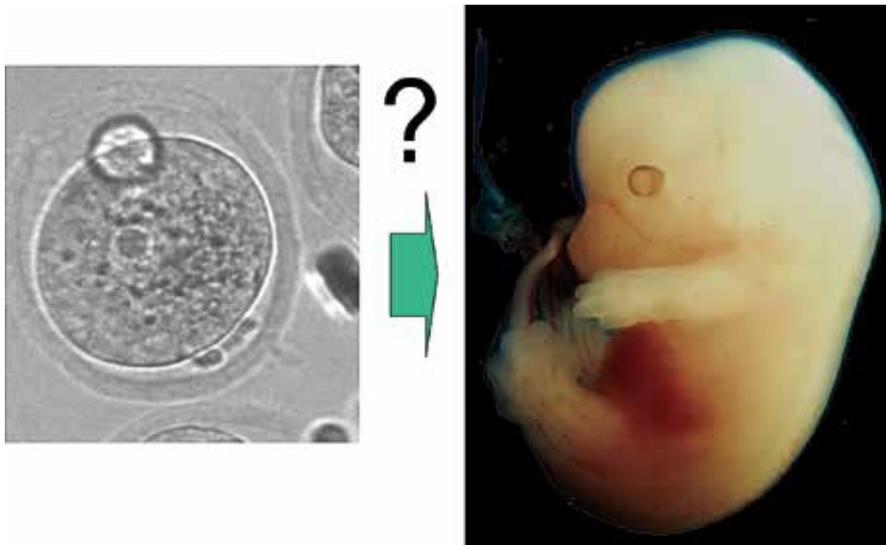
助教  
三井 優輔

特任助教  
篠塚 琢磨

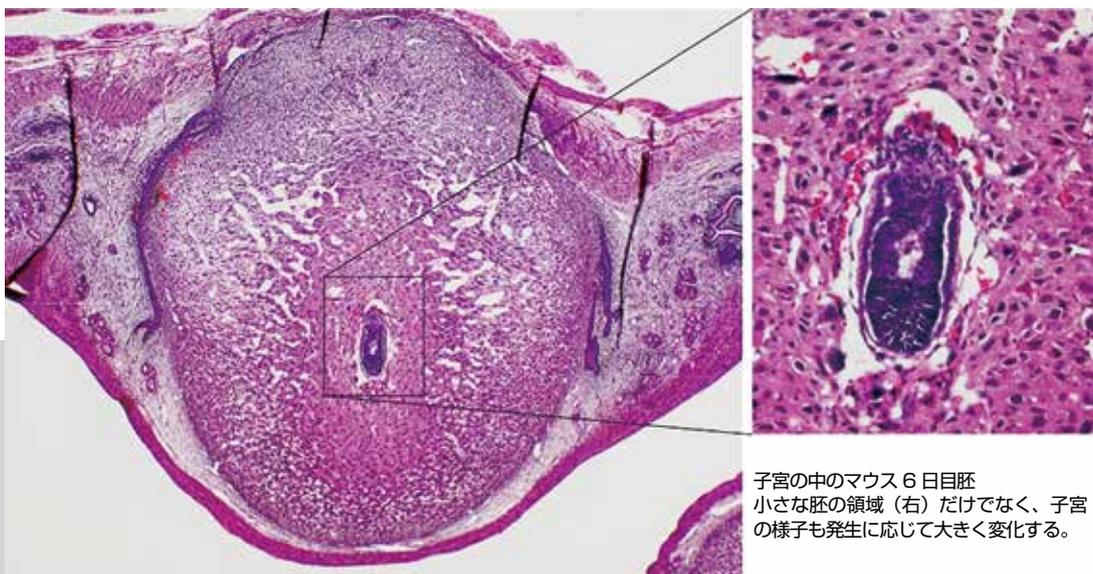


# 細胞の挙動を調べてほ乳類胚を考える

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胚の形ができあがり、様々に分化した細胞が秩序だって配置される。ほ乳類の胚発生は卵管・子宮内で進むのが大きな特徴であるが、この胚発生を支える環境としての卵管および子宮と胚との相互作用も重要である。個々の細胞の振る舞いや胚の細胞の中の変化をじっくり観察しながら、組織間、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。マウス初期胚を主な研究対象とし、胚の中における個々の細胞、遺伝子発現、物理的性質、タンパク質の挙動の解析を通して、ほ乳類における胚発生を考察する。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、顕微鏡技術、更に数理モデリングなどを応用し、発生生物学の基礎的な問題を解決したいと考えている。母親の胎内で発生を進め、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、生き物の持つ高い能力の理解に近づきたい。



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



子宮の中のマウス6日目胚  
小さな胚の領域(右)だけでなく、子宮の様子も発生に応じて大きく変化する。

## Members

教授  
藤森 俊彦

助教  
小山 宏史  
野々村 恵子

技術課技術職員  
岡 早苗

特別訪問研究員  
(名古屋大学特任助教)  
新田 昌輝

博士研究員  
岸 香苗

総合研究大学院大学  
大学院生  
宇佐美 文子  
櫻井 隼  
片桐 沙紀

特別共同利用研究員  
勝田 紘基  
(名古屋大学)

特別実習生  
御子柴 誠也  
(名古屋大学)

技術支援員  
加藤 あづさ  
樋口 陽子  
蟹江 朱美  
中川 真美

## 細胞分化と胚軸形成

受精卵から着床前までの胚の全ての細胞の系譜を胚の連続観察、細胞の追跡によって解析した結果、胚盤胞における胚-非胚軸は細胞系譜に依存せずに関ることが示唆された。分化に重要な遺伝子発現を蛍光タンパク質によって可視化したマウスを作製し、その胚の連続観察を進め個々の細胞での発現の動的挙動を解析すると、着床前においても分化形質や時期によって、細胞の運命の決め方が異なることが明らかになった。細胞同士がどのようにコミュニケーションを取っているか、相互に分化形質をどのように決めていくか、どのようにして胚軸に関する情報が胚の中に形成されるかを明らかにしたい。

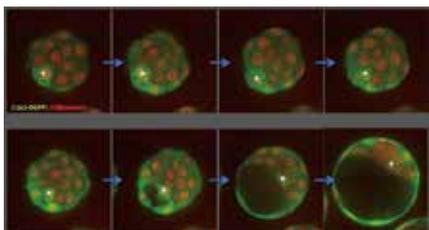


図1. 栄養外胚葉の形成に必要な Cdx2 遺伝子の発現の連続観察

## 卵管の極性形成と、子宮と胚の相互作用

ほ乳類発生は母親の卵管と子宮において進み、それらとの相互作用は発生において必須である。胚を支える環境としての卵管・子宮の形成や機能の解析を進めている。卵管・子宮は一樣な管ではなく、それぞれの領域や胚の発生段階に応じてその果たす役割が異なる。卵巣から放出された卵は卵管の中で受精し初期の胚発生が進む。卵管の内腔面の上皮細胞は管の長軸に沿った明確な細胞極性を有しており、卵管の上流部では多繊毛の動きにより子宮側へ胚は輸送される。組織の極性に沿ってそれぞれの卵管上皮細胞がどのように極性を形成・維持するか、多繊毛の極性はどのように組織内で一致するように制御されているかを解明すべく研究を展開中である。更に胚が着床する場所が子宮の中でどのように決まるか、胚との同調はどのように取られていて、子宮との直接の相互作用にどんな分子機構が関与しているかを解析している。母胎との相互作用を介して、胚は胚軸を決定していくか明らかにしたい。

## 形態形成を実現する機械的な力

発生において、胚や各組織は多様な形態を示す。遺伝子産物は細胞の機械的（力学的）な性質を制御することで、胚や組織の形態を作り出していく。胚発生においては細胞の機械的な性質は時空間的に変化していくが、その全容はほとんど

わかっていない。胚発生時の細胞や組織の動きの顕微鏡画像を用いた定量的な画像解析、および、それに基づいた統計数理的な力の推定等によって細胞の機械的な性質の変化を明らかにしたいと考えている。また、これらの解析結果や力の工学的な計測結果をもとに数理モデリングを行い、胚や組織の形態が実現される仕組みを研究している。マウスの初期胚や卵管上皮のヒダに着目して研究を進めており、これらの多様な形態を実現する機械的な機構や、その際の遺伝子産物の役割を理解することを目指す。

## メカノセンサー分子から紐解く組織の形作り

機械的な力と形態形成の関係については、機械的な力の検出のために細胞に備わった装置（メカノセンサータンパク質）の側面からも研究を進めている。胚の中に生じる機械的な力には様々な種類や大きさがあり、細胞はこれらを区別して応答していると考えられるが、メカノセンサー分子の同定を含めて理解はまだ部分的である。ほ乳類の細胞では近年、細胞膜の伸展により開口する機械感受性チャネル Piezo が見つかった。このメカノセンサータンパク質が組織の形態形成、特に脈管系の形作りにどのように関わっているかを、検出される機械刺激の種類や制御される細胞の振る舞いを中心に調べている。これにより細胞が場の機械的な力の情報を、組織の形作りにどのように利用しているのかを明らかにしたい。

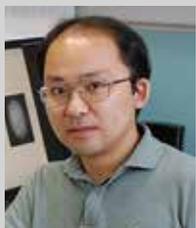
### 参考文献

1. Kamemizu, C., Fujimori, T. (2019). Distinct dormancy progression depending on embryonic regions during mouse embryonic diapause. *Biol. Reprod.* *100*, 1204-1214.
2. Nonomura, K., Lukacs, V., Sweet, D.T., Goddard, L.M., Kanie, A., Whitwam, T., Ranade, S.S., Fujimori, T., Kahn, M.L., Patapoutian, A. (2018). Mechanically activated ion channel PIEZO1 is required for lymphatic valve formation. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* *115*, 12817-12822.
3. Abe, T., Kutsuna, N., Kiyonari, H., Furuta, Y., Fujimori, T. (2018). ROSA26 reporter mouse lines and image analyses reveal distinct region-specific cell behaviors in the visceral endoderm. *Development* *145*, dev165852.
4. Koyama, H., Shi, D., Suzuki, M., Ueno, N., Uemura, T., Fujimori, T. (2016). Mechanical Regulation of Three-Dimensional Epithelial Fold Pattern Formation in the Mouse Oviduct. *Biophys. J.* *111*, 650-665.
5. Toyooka, Y., Oka, S., and Fujimori, T. (2016). Early preimplantation cells expressing Cdx2 exhibit plasticity of specification to TE and ICM lineages through positional changes. *Dev Biol.* *411*, 50-60.
6. Shi, D., Komatsu, K., Hirao, M., Toyooka, Y., Koyama, H., Tissir, F., Goffinet, A.M., Uemura, T., and Fujimori, T. (2014). Celsr1 is required for the generation of polarity at multiple levels of the mouse oviduct. *Development* *141*, 4558-4568.
7. 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.

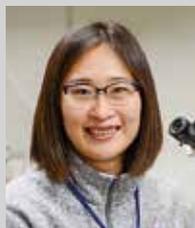
教授  
藤森 俊彦



助教  
小山 宏史

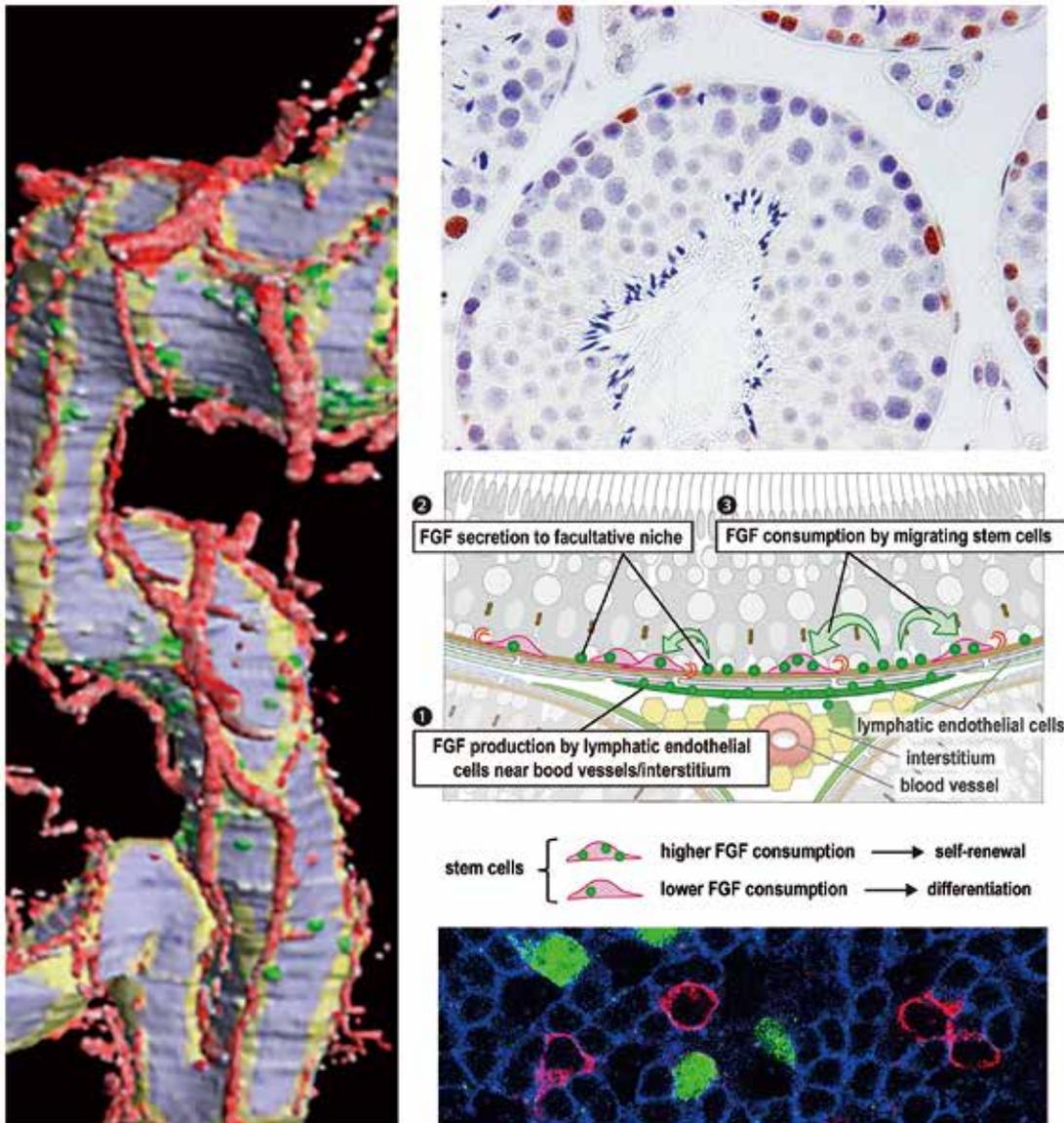


助教  
野々村 恵子



# 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、マウス精子幹細胞の実体と挙動を解明して、この謎に挑戦する。



マウス精巣と精子形成のさまざまなイメージ。  
 (左) 精細管の立体再構成像。緑色の未分化型精原細胞は、血管(赤色)の付近に偏っている。  
 (右上) 分化に向かった未分化型精原細胞の染色像(茶色)。  
 (右中) 精子幹細胞が動き回りながら自己複製因子(FGF)をお互いに奪い合う、という概念図。  
 (右下) 精細管の免疫染色像。異なる色に染まる様々な分化段階の細胞が入り混じっている。  
 図は文献 1、3、7より許諾を得て転載。

## Members

教授

吉田 松生

助教

北舘 祐

中川 俊徳

特任助教

平 誠司 (6月30日まで)

技術課技術職員

水口 洋子

日本学術振興会特別研究員

池田 達郎

研究員

佐藤 俊之

総合研究大学院大学

大学院生

平野 高大

王 哲

特別実習生

馬場口 博誉

(名古屋大学)

技術支援員

今 弥生

丸山 亜裕美

藤田 みや子

西村 千晶

事務支援員

久保木 悠子

## 精子幹細胞とは何か？

精巣で作られる精子は次の世代に命を伝える。それを支える「精子幹細胞」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、脱分化、死）しているのだろうか？

1950年代から1970年代にかけて、ほ乳類の精子形成の形態学的な基盤が確立された。現在われわれは、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手法によって時間スケールを導入し、細胞の挙動を知ることが出来る。これらの定量的データを数理統計的に解析することによって、一見複雑な幹細胞の挙動を生み出す、実にシンプルな原理が明らかになってきた。

## 幹細胞は形の異なる状態を行き来する

従来、幹細胞は一つ一つバラバラの「As細胞」だけだと考えられてきた。我々は、As細胞とともに2つ以上の細胞が繋がった「合胞体」も幹細胞として働くことを見出し、幹細胞はこれらの状態を行き来するモデルを提唱している（文献4）。

## 分化に向かった細胞が逆戻り

幹細胞は、分化に向かうと二度と自己複製しないと考えられてきた。我々は、ある分化段階までは自己複製する潜在能力を維持し、組織が障害を受けると高い頻度で幹細胞に戻ることを発見した（文献6、8）。

## 幹細胞の運命はバラバラ

幹細胞は、非対称分裂によって自己複製する娘細胞と分化する娘細胞を生むと考えられてきた。我々は、精子幹細胞一つ一つはバラバラの運命を辿りながら、集団として自己複製と分化のバランスを完璧にとることを発見した（文献4）。

## 動き回る幹細胞と「開かれたニッチ」

幹細胞は、特定のニッチ領域で自己複製シグナルを受ける例が多く知られている。我々は、精巣にはこのような領域がなく、幹細胞は血管の近くに偏りながらも、分化細胞の間に散らばって活発に動き回っていることを発見した（文献3、4、7）。

## 幹細胞は自己複製因子を競合する

このような「開かれた」ニッチで、幹細胞の数を一定に保つメカニズムは不明であった。我々は、幹細胞が限られた量の自己複製因子（FGF）をお互いに奪い合うことで、自己複製と分化のバランスをとることを発見した（文献1）。さ

らに、同じように分化シグナルに晒されるにも拘わらず、分化する細胞と分化しない細胞を生じる分子メカニズムを発見した（文献2、3）。

## 幹細胞は周期的に分化する

興味深いことに、幹細胞は、8.6日ごとに同調して分化する。しかしこのメカニズムは不明である。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モデルを提唱している（文献5）。

## 幹細胞システムの全体像を理解する

以上のように我々は、様々な手法を動員して精子幹細胞の実像の理解を進めてきた。今後もそれを追い求め、次世代にゲノム情報を伝えるという生殖細胞の根源的なミッションを少しでも深く理解したい。

### 参考文献

1. Kitadate, Y., Jörg, D. J., Tokue, M., Maruyama, A., Ichikawa, R., Tsuchiya, S., Segi-Nishida, E., Nakagawa T., Uchida, A., Kimura-Yoshida, C., Mizuno, S., Sugiyama, F., Azami, T., Ema, M., Noda, C., Kobayashi, S., Matsuo, I., Kanai, Y., Nagasawa, T., Sugimoto, Y., Takahashi S., Simons, B. D., and Yoshida, S. (2019). Competition for mitogens regulates spermatogenic stem cell homeostasis in an open niche. *Cell Stem Cell* 24, 79-92.
2. Tokue, M., Ikami, K., Mizuno, S., Takagi, C., Miyagi, A., Takada, R., Noda, C., Kitadate, Y., Hara, K., Mizuguchi, H., Sato, T., Taketo, M. M., Sugiyama, F., Ogawa, T., Kobayashi, S., Ueno, N., Takahashi, S., Takada, S., and Yoshida, S. (2017). SHISA6 confers resistance to differentiation-promoting Wnt/beta-catenin signaling in mouse spermatogenic stem cells. *Stem Cell Reports* 8, 561-575.
3. Ikami, K., Tokue, M., Sugimoto, R., Noda, C., Kobayashi, S., Hara, K., and Yoshida, S. (2015). Hierarchical differentiation competence in response to retinoic acid ensures stem cell maintenance during mouse spermatogenesis. *Development* 142, 1582-1592.
4. Hara, K., Nakagawa, T., Enomoto, H., Suzuki, M., Yamamoto, M., Simons, B.D., and Yoshida, S. (2014). Mouse spermatogenic stem cells continually interconvert between equipotent singly isolated and syncytial states. *Cell Stem Cell* 14, 658-672.
5. 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. *Mech. Dev.* 128, 610-624.
6. 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.
7. Yoshida, S., Sueno, M., and Nabeshima, Y. (2007). A vasculature-associated niche for undifferentiated spermatogonia in the mouse testis. *Science* 317, 1722-1726.
8. 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.

教授  
吉田 松生

助教  
北館 祐

助教  
中川 俊徳

特任助教  
平 誠司



# 再生原理を解明して、再生できない動物を再生させる

プラナリアやイモリは高い再生能力を有している。しかし、同じプラナリアの間でも再生能力の低いものもあるし、イモリと同じ両生類のカエルは変態後に多くの再生能力を失う。①われわれはプラナリアやイモリを使って再生の原理を理解し、②再生できない動物が再生のどのステップで止まっているのかを明らかにし、③そのステップを人為的に乗り越えることで再生できない動物を再生できるように挑戦している。今までに、尾部断片から頭部を再生できないコガタウズムシをRNA干渉法で頭部再生を惹起し (Nature, 2013)、関節を再生できないカエルで関節の再生を惹起することに成功している (Regeneration, 2016)。



阿形研で扱っている生き物たち

## Members

所長

阿形 清和

特任准教授

(広島大学  
クロスアポイントメント)

鈴木 賢一

博士研究員

寺元 万智子

総合研究大学院大学

大学院生

黒木 義人

杉浦 奈央

保 和人

特別共同利用研究員

石田 美雪

(学習院大学)

特任専門員

坂神 真理

特定契約職員

小林 弘子

事務支援員

西村 紀子

**【上段】**プラナリア (*Dugesia japonica*)。ここでは1匹を(左端写真)、6つの断片に切り(左から二番目の写真、切断直後)、再生24時間後(左から三番目の写真)、再生6日後の写真(右端)。再生6日目には、前方の再生芽(白ぼく見えている所)に小さな眼が再生している。元の頭断片(右端写真の一番上の断片)の眼は元の眼が残っているので大きいのが気づく。このように、プラナリアの再生①ミニチュアとして再生する、②横切りされた断片は頭側と尾側の極性を記憶しており、元の頭側に頭部を、元の尾側に尾を再生する。

**【下段】**左からイベリアトゲイモリ (*Pleurodeles waltl*)、アフリカツメガエル (*Xenopus laevis*)、ネッタイツメガエル (*Xenopus tropicalis*)、右後方には日本産のアカハライモリ (*Cynops pyrrhogaster*)。有尾両生類であるイモリは、変態後にも高い再生能力を保持しているのに対し、無尾両生類のカエルは変態後に多くの再生能力を失うことが知られている。

## 再生できる生き物に再生の原理を学び、再生できない生き物を再生できるようにする

当研究室では、①プラナリアやイモリといった再生できる生き物を用いて『再生の原理』を明らかにし、②再生できない生き物と何処が違うのかを比較し、再生をできなくしているステップに操作を加え、③再生できない生き物を再生できるようにする、ことを目標に研究を展開している。すなわち、『再生の原理がわかれば＝ヒトでも再生できるようになる』という気概で研究をしている。

## プラナリアの研究から歴史的な成功例が生まれる

『再生の原理がわかれば＝再生できないものが再生できるようになる』という歴史的な実例はプラナリアの再生研究によって作られた。プラナリアの再生が『ディスタリゼーション&インターカレーション』といった原理で行われていること(文献1)、そしてその分子機構を明らかにしたことで(文献2,3)、尾部断片から頭部を再生できないコガタウズムシをβ-カテニン遺伝子のRNA干渉法によって頭部再生を惹起させることに成功した(文献3)。単に頭部が再生しただけではなく、機能的な脳も再生されたのだから大きな驚きを生みNew York Timesにもホットな話題として取り上げられた。



図1. コガタウズムシの尾部断片から再生した頭部

## イモリの関節再生研究から新たな再生原理が見つかり、その結果、関節を再生できなかったカエルで関節再生の惹起に成功!

『再生の原理がわかれば＝再生できないものが再生できるようになる』という実例の2例目が脊椎動物で成功する。イモリの肘関節部分で切断するとミニチュアの腕を再生する

が、ミニチュアのうちから関節が動き始める。根元には大きな関節球が残っているのに、何でミニチュアの再生部分の関節が動くの? 大きさの差はどのように克服しているの? わ



図2. カエルで再生した関節

かったことは、残存部の関節部が再生部分の軟骨に何やらの作用をすることで、残存部の関節球に接している再生部の軟骨の大きさを制御していることが判明した。すなわち、再生部分は、残存部の作用を受けることで、残存部と整合性のとれた形や大きさの組織を再生することが示唆された(文献4)。そこで、関節を再生できないと言われていたカエルで、関節部位で切断していたところで、何と機能的な関節の再生を惹起することに成功した(文献5)。

## マウスやヒトで眠っている再生能力をたたき起こせるか?

これらの成功例をベースに、いよいよマウスやヒトでも眠っている再生能力を引き出せないかに挑戦している。新たな研究の展開に乞うご期待。

### 参考文献

1. Agata, K., Tanaka, T., Kobayashi, C., Kato, K., and Saitoh, Y. (2003). Intercalary regeneration in planarians. *Dev Dyn* 226, 308-316.
2. Cebria, F., Kobayashi, C., Umesonono, Y., Nakazawa, M., Mineta, K., Ikeo, K., Gojobori, T., Itoh, M., Taira, M., Sanchez Alvarado, A., and Agata, K. (2002). FGFR-related gene *nou-darake* restricts brain tissues to the head region of planarians. *Nature* 419, 620-624.
3. Umesonono, Y., Tasaki, J., Nishimura, Y., Hroudá, M., Kawaguchi, E., Yazawa, S., Nishimura, O., Hosoda, K., Inoue, T., and Agata, K. (2013). The molecular logic for planarian regeneration along the anterior-posterior axis. *Nature* 500, 73-76.
4. Tsutsumi, R., Inoue, T., Yamada, S., and Agata, K. (2015). Reintegration of the regenerated and the remaining tissues during joint regeneration in the newt *Cynops pyrrhogaster*. *Regeneration (Oxf)* 2, 26-36.
5. Tsutsumi, R., Yamada, S., and Agata, K. (2016). Functional joint regeneration is achieved using reintegration mechanism in *Xenopus laevis*. *Regeneration (Oxf)* 3, 26-38.

所長  
阿形 清和

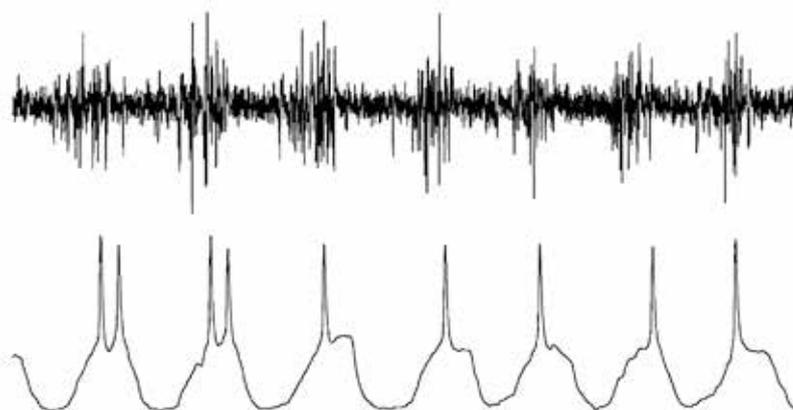
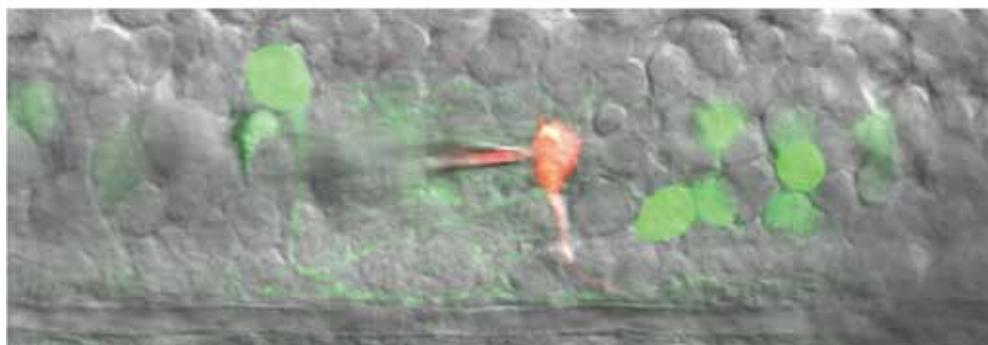
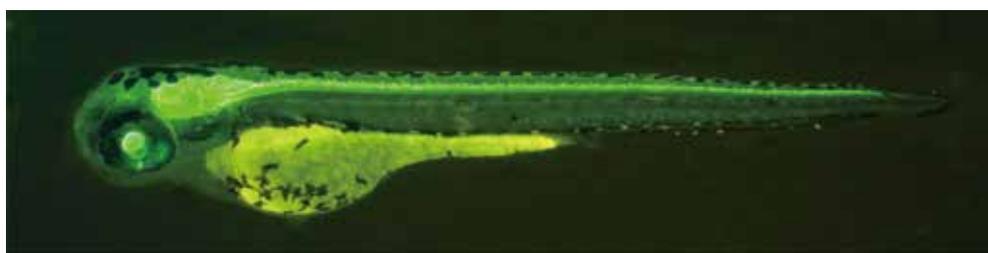
特任准教授  
鈴木 賢一



# 小型魚類を用いて、運動・行動を司どる

## 神経基盤を解明する

動物の行動は生命の示す最も重要な機能の1つである。行動を作り出す際の中枢神経系神経回路の作動様式を単一細胞レベルの解像度で明らかにすることは、神経科学の大きな目標の1つである。本研究室では、比較的単純な神経回路を持ち、透明で回路全体を観察することが可能なゼブラフィッシュを用いて、この課題に挑んでいる。中枢神経系内に存在する様々なタイプの神経細胞をトランスジェニック手法により特異的にラベルし、おのおののタイプの神経細胞の、神経回路内で果たす役割を調べている。分子生物学、神経解剖学、電気生理学、イメージング、光遺伝学、薬理遺伝学など、さまざまな方法論を組み合わせ、運動系神経回路の動作原理の解明を目指している。



上段：転写因子、Chx10 を発現する神経細胞を GFP で可視化したトランスジェニックフィッシュ。  
中段：GFP 発現細胞からのパッチクランプ記録。電極内容液に赤色蛍光色素が含まれており、記録細胞は赤色蛍光を発する。  
下段：GFP 発現細胞からのパッチクランプ記録。下のトレースが細胞の記録で、上のトレースは、運動ニューロンの軸索からの記録。遊泳運動に伴って、運動ニューロン軸索はリズム的な活動を示す。GFP 発現細胞もそれと同期して発火している。

### Members

教授  
東島 眞一

助教  
木村 有希子  
谷本 昌志

技術課技術職員  
竹内 靖

日本学術振興会特別研究員  
鈴木 大地

総合研究大学院大学  
大学院生  
梶岡 拓己  
川野 幸平  
清水 彩杏

特別共同利用研究員  
植村 悠人  
(名古屋大学)

技術支援員  
伊藤 浩子  
渡我部 育子  
竹内 芳子  
瀬戸 公美子

## ゼブラフィッシュ幼魚を用いた、脊髄・脳幹による運動の制御機構の解明

中枢神経系の特徴は、きわめて多くのタイプの神経細胞が秩序だって機能的な回路を作り上げていることである。回路の動作様式を理解するためには、神経細胞のタイプごとにその配線、および活動パターンを調べる必要がある。しかし、哺乳類を用いた研究では、単一神経細胞レベルの解像度で上記の課題を達成するのは難しい状況にある。神経系の全体像を観察することを阻む神経系のサイズの膨大さが研究の大きな障壁となっている。このような背景をふまえ、当研究室では、シンプルな脊椎ゼブラフィッシュを用いて、運動・行動が作り出される際の神経系の基本動作原理を解明すべく研究を進めている。

シンプルであることに加え、ゼブラフィッシュの大きな利点は、遺伝学が強力に使えること、および、幼魚の時期は体がほとんど透明であることである。この利点を利用して、当研究室では様々なタイプの神経細胞をそれぞれ特異的に蛍光タンパク質により生きたままラベルするトランスジェニック系統を多数作製して研究を進めている。

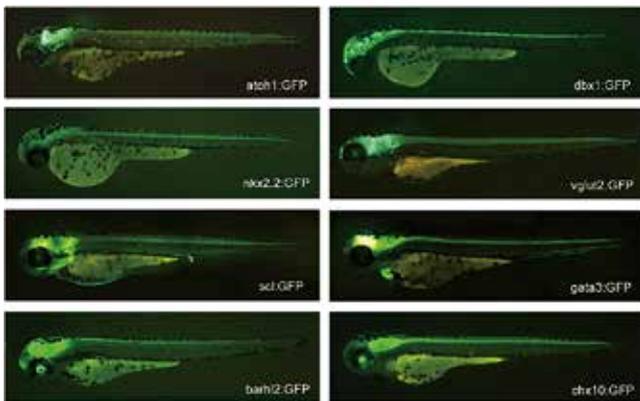


図 1. それぞれ異なったクラスの神経細胞で GFP を発現するトランスジェニッククフィッシュ

トランスジェニック手法により、特定のタイプの神経細胞を同定し、それら神経細胞の活動パターン、および結合パターンを、電気生理学、イメージング実験法を用いて解析している。また、光遺伝学手法や薬理遺伝学的手法により、特定のクラスの神経細胞の活動を人為的に変化させ、その行動に与える影響を調べることで、当該クラスの神経細胞の、運動系神経回路に果たす役割を解析している。

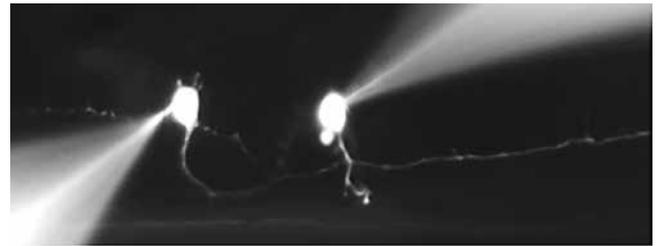


図 2. Chx10 陽性ニューロンと運動ニューロンとの 2 細胞同時記録

## ゼブラフィッシュ幼魚を用いた、姿勢制御機構の解明

動物は運動する際、また、一定の姿勢を保持する際にも、常に平衡覚器（前庭感覚器）で重力を察知することで自分の傾きを測り、姿勢制御を行っている。前庭脊髄路は、この姿勢制御のために非常に重要な役割を果たす神経経路である。しかし、長い研究の歴史に関わらず、前庭脊髄路から脊髄内のどのようなタイプの介在ニューロンを介して、最終的に運動ニューロンが制御されているかの詳細は未だに不明である。本研究室では、独自に開発した、対物レンズが回転する顕微鏡システムによるカルシウムイメージングを用いて、この課題に取り組んでいる。具体的には、体の傾き情報が、どのようにして前庭脊髄路ニューロンの情報に変換され、そして、その情報がいかなる脊髄介在ニューロンを介して脊髄運動ニューロンを制御して姿勢制御が行われているかについて、神経回路網の全貌を明らかにすることを目的として研究を進めている。

### 参考文献

1. Satou, C., Sugioka, T., Uemura, Y., Shimazaki, T., Zmarz, P., Kimura, Y., and Higashijima, S. (2020). Functional diversity of glycinergic commissural inhibitory neurons in larval zebrafish. *Cell Reports* 30, 3036-3050.
2. Kimura, Y. and Higashijima, S. (2019). Regulation of locomotor speed and selection of active sets of neurons by V1 neurons. *Nat. Commun.* 10, 2268.
3. Shimazaki, T., Tanimoto, M., Oda, Y., and Higashijima, S. (2019). Behavioral role of the reciprocal inhibition between a pair of Mauthner cells during fast escapes in zebrafish. *J. Neurosci.* 39, 1182-1194.
4. Kimura, Y., Hisano, Y., Kawahara, A., and Higashijima, S. (2014). Efficient generation of knock-in transgenic zebrafish carrying reporter/driver genes by CRISPR/Cas9-mediated genome engineering. *Sci. Rep.* 4, 6545.
5. Kimura, Y., Satou, C., Fujioka, S., Shoji, W., Umeda, K., Ishizuka, T., Yawo, H., and Higashijima, S. (2013). Hindbrain V2a neurons in the excitation of spinal locomotor circuits during zebrafish swimming. *Curr. Biol.* 23, 843-849.

教授  
東島 眞一



助教  
木村 有希子



助教  
谷本 昌志



# 動物の視覚情報処理

動物は環境からの外部情報を、自らの内部情報と照合し、適切な行動を発現させることで環境との適応を図っている。すなわち、動物の行動を理解するためには、こうした感覚から行動に至るまでの一連の情報処理過程を知る必要がある。こうした情報処理については心理学、神経科学、行動学など幅広い分野にまたがって研究が行われているが、そのアルゴリズムの核心部分は未解明のままである。

当研究室では、動物行動学あるいは知覚心理学に計算機科学の手法を取り入れ、視覚に関する情報処理アルゴリズムの研究を進めている。コンピュータによって擬似的な視覚世界を動物の環境に構築することによって新たな動物心理学の展開を試み、さらには動物が行っている情報処理を人工知能上に仮想的に再構成することで、知覚の情報処理の統合的な理解を目指している。情報処理ツールの要であるコンピュータを大胆に取り入れることで、動物の知覚世界の理解が進むことを期待している。

## Members

准教授  
渡辺 英治

特任助教  
小林 汰輔

日本学術振興会特別研究員  
西海 望

技術支援員  
渡部 美穂子

Studies of Visual System of Animals

A. Medaka fish and Daphnia Magna

B. Biological Motion of Medaka fish

C. 3DCG model of Medaka fish

D. Flash-lag effect (3D version)  
<https://www.youtube.com/eijwat/>

E. Delta model

$$iM - rE = \Delta$$

Minimization of " $\Delta$ "  
Information from Inner Model (iM)  
Signals from Real Environment (rE)

F. Deep Neural Networks

## メダカの視覚

メダカは、視覚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局面で、視覚情報を利用している。当研究室では、水槽周囲にバーチャルリアリティ環境を構築することにより、メダカの視覚特性を明らかにしてきている。

- 1) 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能力の存在を明らかにした(文献5)。
- 2) メダカはミジンコなどの動物プランクトンを餌として捕獲するが(左A)、その際、ランダムに動き回るミジンコの運動パターンをハンティングに利用していることを明らかにした(文献4)。その運動パターンの特徴は、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あった。
- 3) メダカの運動パターンを鋳型にした六点で構成したバイオロジカルモーション刺激にメダカが惹きつけられることを明らかにした(左B)。メダカもヒトと同様高度に抽象化した視覚情報を認知できることが示唆された。
- 4) メダカの3DCGアニメーションモデル(左C)と相互作用できるようにシステムを使い(文献2)、メダカの色・形・動きの何れもが同種間認識の引き金になることを明らかにした。現在、システムを発展させたリアルタイムインタラクティブ実験を予定している。

## 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心理物理学的な研究を進めている。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。

- 1) ケバブ錯視と呼ぶ新規の錯視を発表した。これはフラッシュラグ効果(左D図及び文献6)と呼ばれる錯視の近縁種であり、運動している物体の位置がいかに正確に脳内で予測されているかを示唆する錯視である。この錯視研究をベースにして、意識における視覚認知の包括的仮説である『デルタ

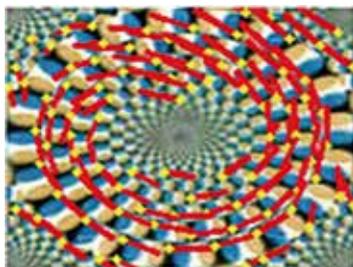


図1. 深層学習機で再現された錯視の回転  
背景にある「蛇の回転錯視(詳細は北岡明佳博士のホームページ参照)」に、深層学習機が予測した運動ベクトル(黄点が始点で、赤線が方向と大きさを示している)を重ねて表示している。運動ベクトルはヒトの知覚と同じ方向の回転運動を再現した。

モデル』(予測説の一種)を提案した(左E及び文献6)。最近、本研究を深層学習機を使って発展させた。深層学習機に予測符号化仮説を組み込み、自然な景色を学習させただけで深層学習機が『蛇の回転錯視(北岡明佳博士考案)』の回転知覚の再現することを発見した(左F及び図1)。本研究は、人工脳を創ることによって逆心理学を可能にしたものである(文献1)。

2) ヒトの視覚メカニズムを解くツールとして、様々な錯視を作成し、様々なメディアを通して発表をしている(本研究室のホームページを参照)。代表的な作品としては、渡辺錯視2010(別冊ニュートン誌に掲載)、棚の影錯視(図2)などがある。

ヒトとメダカの視覚系の研究を同時に進め、その共通性と違いを明らかにすることで、視覚系による認知機構の生物学的進化についても理解が進むと考える。

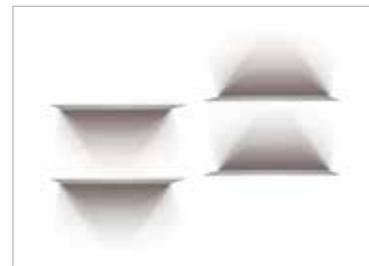


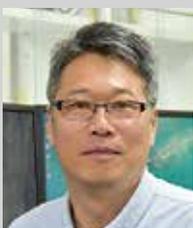
図2. 棚の影錯視

右の棚は左の棚の天地反転版である。四つの棚及びその影は全く同一の図形であるにも関わらず、左の影よりも、右の影のほうが濃く見える。本誌を逆にすれば、反対の棚の影のほうが濃くなる。第五回錯視コンテスト入賞作品。

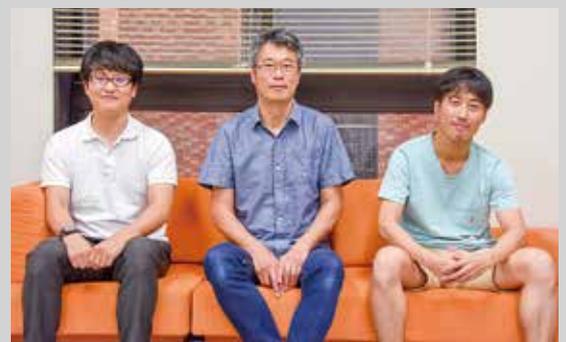
## 参考文献

1. Watanabe, E., Kitaoka, A., Sakamoto, K., Yasugi, M. and Tanaka, K. (2018). Illusory Motion Reproduced by Deep Neural Networks Trained for Prediction. *Front. Psychol.* 9, 345.
2. Nakayasu, T., Yasugi, M., Shiraiishi, S., Uchida, S., and Watanabe, E. (2017). Three-dimensional computer graphic animations for studying social approach behaviour in medaka fish: Effects of systematic manipulation of morphological and motion cues. *PLoS ONE* 12, e0175059.
3. Nakayasu, T., and Watanabe, E. (2014). Biological motion stimuli are attractive to medaka fish. *Animal Cognition* 17, 559-575.
4. Matsunaga, W., and Watanabe, E. (2012). Visual motion with pink noise induces predation behaviour. *Sci. Rep.* 2, 219.
5. Matsunaga, W., and Watanabe, E. (2010). Habituation of medaka (*Oryzias latipes*) demonstrated by open-field testing. *Behav. Processes* 85, 142-150.
6. Watanabe, E., Matsunaga, W., and Kitaoka, A. (2010). Motion signals deflect relative positions of moving objects. *Vision Res.* 50, 2381-2390.

准教授  
渡辺 英治

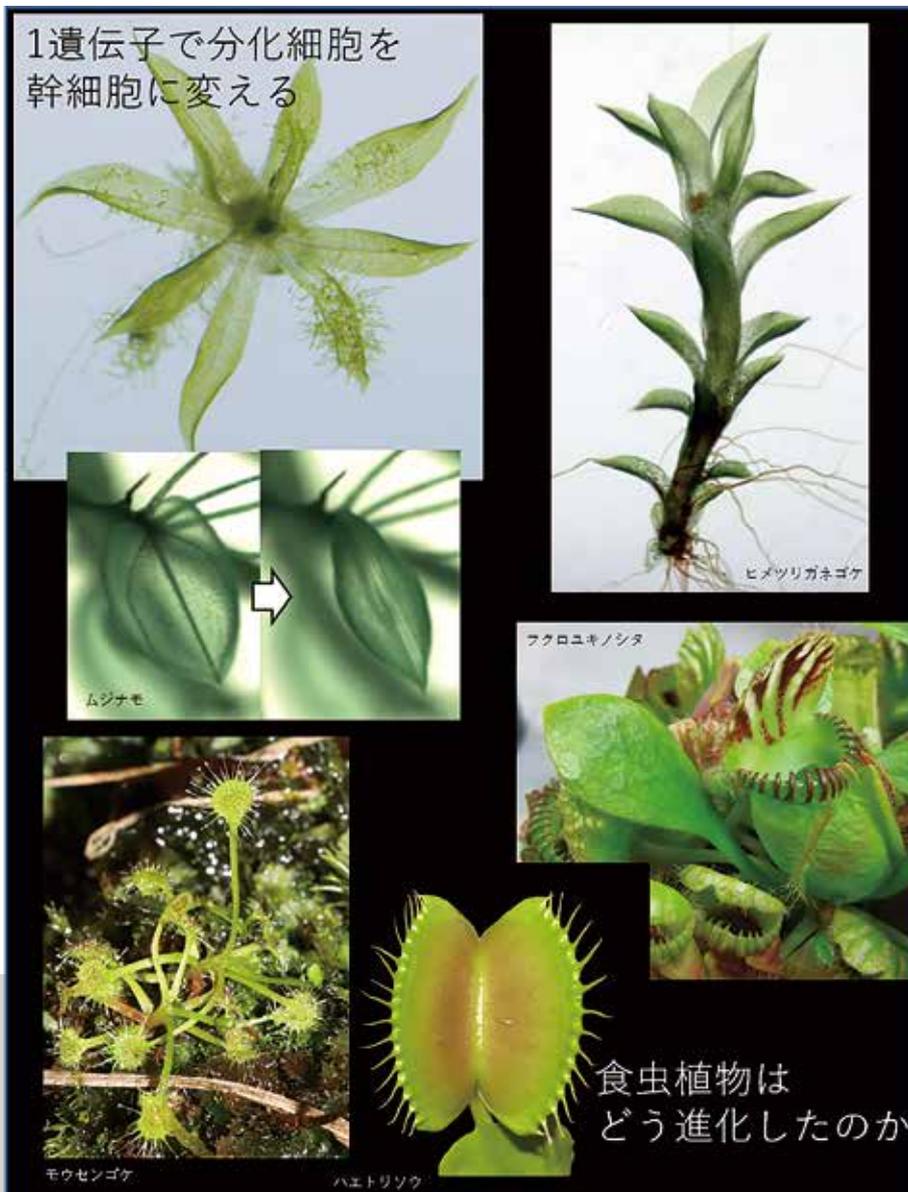


特任助教  
小林 汰輔



# 何がどうかわることによって進化するのか

生物は祖先が持っていなかった新しい形質を次々と生み出しながら進化してきた。そして、新規形質の多くは、いくつかの性質が整って初めて有利になるような複合形質である。新規複合形質はランダムな突然変異の蓄積だけで説明できるのか。あるいは未知の進化機構が存在しているのか。この問題を解くには、新規複合形質を遺伝子のレベルに還元し、それらができあがるメカニズムを解明し、さらに、近縁種との比較から進化過程を推定することが必要である。我々は、ゲノム解読と改変技術の革新を助けに、モデル生物に加え、これまで分子生物学、分子遺伝学的還元のできなかった非モデル生物を材料として、(1) 植物細胞の分裂軸決定機構、(2) 多能性幹細胞形成維持機構、(3) 陸上植物の発生、(4) 植物の食虫性、(5) 植物の運動を個別な研究対象として、それらから得られた結果を総合し、新規複合形質がどのように進化しうるかのメカニズムを描き出すことを目指している。(詳細は <https://www.nibb.ac.jp/evodevo>)。



## Members

教授  
長谷部 光泰

助教  
石川 雅樹  
瀬上 紹嗣

特任助教  
眞野 弘明  
幸節 健

技術課技術職員  
大井 祥子 (8月1日より)

博士研究員  
鳴川 秀樹

招聘研究員  
顧 南 (Nan Gu)  
(Huazhong Agricultural University)

総合研究大学院大学  
大学院生  
張 列弛 (Liechi Zhang)  
須田 啓  
堀内 雄太  
Gergo Palfalvi  
Ruan de Villiers  
上田 真道  
陳 鵬 (Peng Chen)

特別共同利用研究員  
棚瀬 邦明  
(名古屋大学)

技術支援員  
青木 栄津子  
小川 祐子  
梶川 育見  
西 多代  
平松 美佳  
深田 初美  
枅岡 朋子  
松崎 陽子

事務支援員  
小島 洋子  
長谷部 由紀

## 植物の細胞分裂方向はどのように決まるのか

植物細胞は細胞壁で囲まれているので動けない。そのため、細胞がどちらの方向に分裂、伸長するかが、その後の組織や器官の形を決定する。つまり、植物の発生の根本原理は細胞分裂・伸長をどのように制御するかにある。動物の細胞分裂方向を決める中心体は、植物には無い。いったいどのような仕組みで細胞分裂方向を決めているのかを探求している。



図 1. 特定のタンパク質局在 (黄色矢印) を起点として紡錘体が形成される。

## 分化細胞から幹細胞への転換機構

我々が発見したステミン *STEMIN* という遺伝子を働かせるだけで、体の中にある分化した葉細胞を幹細胞に変化させることができる。ステミンは転写因子であるが、それ以外に、クロマチン修飾や DNA 損傷と関連して幹細胞化の未知の分子機構を担っているらしいことがわかってきた。大きな変化をどうして1つの遺伝子が引き起こせるのか。これは複合形質がどのように進化するのと同じ根を持つ生物学上の問題である。

## 食虫植物の進化

食虫植物は小動物を葉で誘引、捕獲、消化、吸収することで、貧栄養地でも生育できる。食虫性の進化は複合適応形質進化の典型例であり、ゲノム解読と遺伝子改変による研究で多くのことがわかってきた。ムラサキヘイシソウの捕虫葉は奇妙な袋型をしているが、通常の植物の持つ扁平な葉から葉の特定の部分の細胞分裂方向を変化させるだけで進化しうることがわかった。フクロユキノシタで、温度によって通常葉と捕虫葉を作りわけさせることに成功し、比較解析が可能となった。ハエトリソウは 30 秒以内に 2 回感覚毛を刺激すると閉じるが、カルシウムが記憶物質として機能し、閾値を超えると葉が閉じることがわかった。そして、モウセンゴケ科の共通祖先でゲノム重複がおこることによって多くの遺伝子の進化速度が上昇したこと、さらに、植物の老化の遺伝子系を一部改変することで、消化と吸収の両方が進化しうることがわかってきた。

## 植物の速い運動の進化

植物の運動機構の進化も多くの形質進化が必要である。我々はゲノム解読と遺伝子操作を通して、オジギソウ、モウセンゴケ、ムジナモの機械刺激受容機構、刺激伝達機構、運動機構、そして、それらがどのように進化してきたかを研究している。オジギソウで破壊すると、運動がおこらなくなる遺伝子、就眠運動は正常だがお辞儀運動だけおかしくなる遺伝子、そして、過剰発現すると運動能力が亢進される遺伝子などが得られた。



図2. オジギソウの運動機構のメカニズムとその進化を知りたい。

### 参考文献

- Gu, N. *et al.* (2020). DNA damage triggers the reprogramming of differentiated cells to stem cells in *Physcomitrella*. *Nat. Plants* In press.
- Palfalvi, G. *et al.* (2020). Genomes of the Venus flytrap and close relatives unveil the roots of plant carnivory. *Curr. Biol.* 30, 2312-2320.e5.
- Ishikawa, M. *et al.* (2019). *Physcomitrella* *STEMIN* transcription factor induces stem cell formation with epigenetic reprogramming. *Nat. Plants* 5, 681-690.
- Koshimizu, S. *et al.* (2018). *Physcomitrella* MADS-box genes regulate water supply and sperm movement for fertilization. *Nat. Plants* 4, 36-45.
- Fukushima, K. *et al.* (2017). Genome of pitcher plant *Cephalotus* reveals genetic changes associated with carnivory. *Nat. Ecol. Evol.* 1, 0059.
- Li, C. *et al.* (2017). A *Lin28* homolog reprograms differentiated cells to stem cells in the moss *Physcomitrella patens*. *Nat. Commun.* 8, 14242.
- Fukushima, K. *et al.* (2015). Oriented cell division shapes carnivorous pitcher leaves of *Sarracenia purpurea*. *Nat. Commun.* 6, 6450.
- Murata, T. *et al.* (2013). Mechanism of microtubule array expansion in the cytokinetic phragmoplast. *Nat. Commun.* 4, 1967.
- Sakakibara, K. *et al.* (2013). *KNOX2* genes regulate the haploid-to-diploid morphological transition in land plants. *Science* 339, 1067-1070.
- 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.
- Rensing, S.A. *et al.* (2008). The *Physcomitrella* genome reveals evolutionary insights into the conquest of land by plants. *Science* 319, 64-69.
- 長谷部光泰 (2020). 陸上植物の形態と進化. 裳華房.

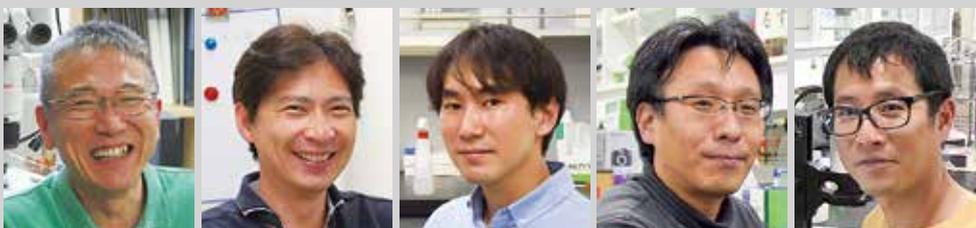
教授  
長谷部 光泰

助教  
石川 雅樹

助教  
瀬上 紹嗣

特任助教  
眞野 弘明

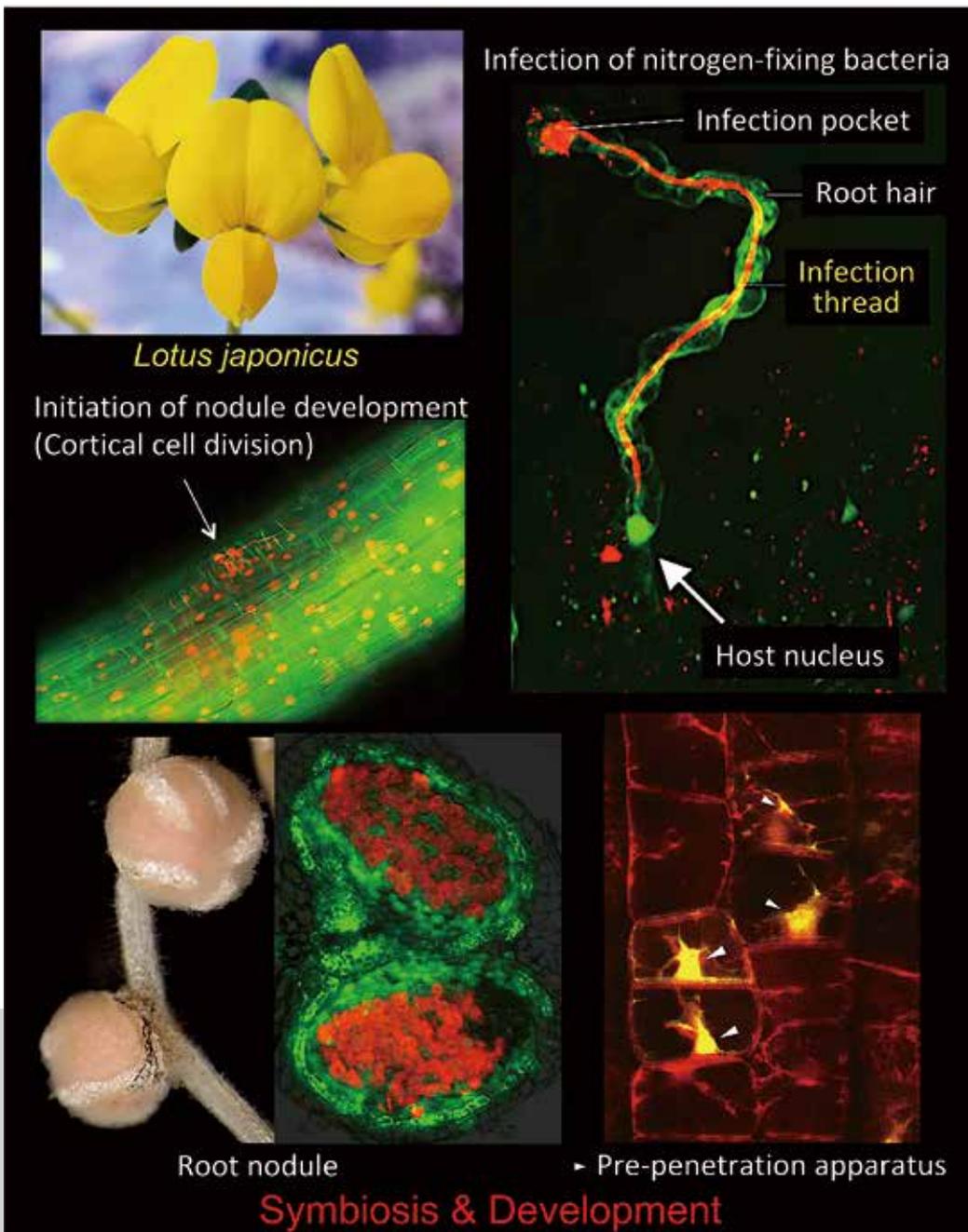
特任助教  
幸節 健



# 共生の仕組みと発生メタボロミクス

マメ科植物は根粒菌と相互作用することによって、感染糸の形成や皮層細胞分裂等を誘導し、「根粒」と呼ばれる窒素固定器官を形成する。一方、陸上植物の根にはアーバスキュラー菌根菌が共生し、成長に必要なリンや水分を効率よく吸収している。近年、マメ科植物にみられる根粒共生は、約4億年前に起源を持つアーバスキュラー菌根共生を基盤として、莖頂メリステム (SAM) や側根形成に必要とされる遺伝子を多数流用して進化してきたことが見えてきた。

本研究部門では、日本に自生するマメ科のモデル植物ミヤコグサ *Lotus japonicus* と根粒菌、アーバスキュラー菌根菌を主に用いて、共生の分子メカニズムと進化の解明を目指している。さらには発生過程に連動した代謝システム（発生メタボロミクス）の解明に取り組んでいる。



## Members

教授

川口 正代司

准教授

征矢野 敬

助教

川出 健介

特任助教

Meng Liu (10月15日まで)

技術課技術職員

田中 幸子

博士研究員

矢野 幸司

橋本 佳世

福留 光拳

梶根 美佳

特別協力研究員

中川 知己

総合研究大学院大学

大学院生

大熊 直生

後藤 崇支

技術支援員

小田 明子

## 根粒形成過程と共生遺伝子群

根粒の形成過程では、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）。私たちはマメ科のモデル植物ミヤコグサを用いて網羅的な共生変異体の単離を行い、根粒菌との共生や窒素固定、さらには根粒形成のフィードバック制御に関わる遺伝子を特定してきた。興味深いことに、根粒形成のごく初期に関わる遺伝子の多くは、植物にリンを与えるアーバスキュラー菌根菌との共生にも必須であった（赤字で示した遺伝子）。共生の分子メカニズムと進化の解明を目指している。

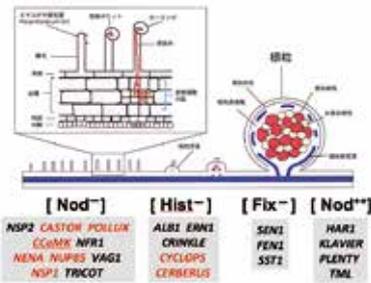


図 1. 根粒形成過程の概要と根粒共生と菌根共生に必要な宿主遺伝子群

## 遠距離コミュニケーションを介した根粒形成のフィードバック制御

マメ科植物は根粒菌との共生により大気中の窒素を利用することができるが、窒素固定には多く生体エネルギーが消費されるため、植物は根粒の数を適正にコントロールしている。私たちは、ミヤコグサの根粒過剰着生変異体を用いて、根粒数が根とシュート間の長距離コミュニケーションにより制御される分子メカニズムを解明してきた。根からシュートへ遠距離移動する糖修飾 CLE ペプチド、その受容体である HAR1、さらにはシュート由来因子を根で受ける TML 等の解析を行っており、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）。また、植物が根の感染情報をわざわざシュート「葉」に伝達する理由は不明である。その謎の解明に取り組んでいる。

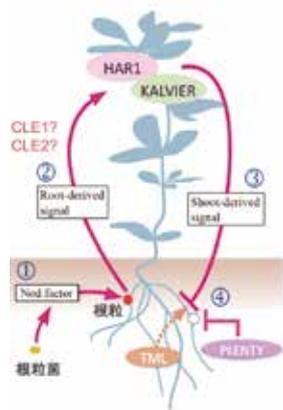


図 2. 根粒形成の全身的なフィードバック制御機構のモデル図

## 根粒形成を制御する分子機構

根粒共生と AM 共生で初期応答に関わる遺伝子が共通するように、マメ科植物ほどの植物にも保存される遺伝子をうまく利用しながら、根粒の形成を制御、調節していると考えられる。通常、植物は側根を発達させることで土壤中の限られた栄養を効率的に吸収できるように工夫している。私たちの研究成果から、根粒共生に特異的な NIN 転写因子の下流で、側根の発達に関わる遺伝子が根粒の形成に流用されていることが分かってきた。根粒共生のために進化した因子が側根の発達経路とどのように相互作用しているのかを探ることで、根粒形成の進化やその仕組みの理解を目指している。

## アーバスキュラー菌根菌の特性解明と培養

アーバスキュラー菌は宿主との共生なくして増殖できない絶対共生菌であり、形質転換系が確立されてないために、その分子機構はほとんど不明である。私たちはオミクス解析から、菌根菌の絶対共生性の解明と新しい培養技術の開発を試みている。

## 発生と代謝の未知なるつながりを探る

代謝システムへの摂動が、発生現象にどのような影響を与えるかを定量的に評価し、発生現象と代謝システムの未知なるつながりを体系的に探索している。また新しいメタボロミクス技術の開発に取り組んでいる。

### 参考文献

- Soyano, T., Shimoda, Y., Kawaguchi, M., and Hayashi, M. (2019). A shared gene drives lateral root development and root nodule symbiosis pathways in Lotus. *Science* 366, 1021-1023.
- Maeda, T., Kobayashi, Y., Kameoka, H., Okuma, N., Takeda, N., Yamaguchi, K., Bino, T., Shigenobu, S., and Kawaguchi, M. (2018). Evidence of non-tandemly repeated rDNAs and their intragenomic heterogeneity in *Rhizophagus irregularis*. *Commun. Biol.* 1, 87.
- Sasaki, T., Suzaki, T., Soyano, T., Kojima, M., Sakakibara, H., and Kawaguchi, M. (2014). Shoot-derived cytokinins systemically regulate root nodulation. *Nat. Commun.* 5, 4983.
- Soyano, T., Hirakawa, H., Sato, S., Hayashi, M., and Kawaguchi, M. (2014). NODULE INCEPTION creates a long-distance negative feedback loop. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 111, 14607-14612.
- Okamoto, S., Shinohara, H., Mori, T., Matsubayashi, Y., and Kawaguchi, M. (2013). Root-derived CLE glycopeptides control nodulation by direct binding to HAR1 receptor kinase. *Nat. Commun.* 4, 2191.
- 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

准教授  
征矢野 敬

助教  
川出 健介

特任助教  
Meng Liu

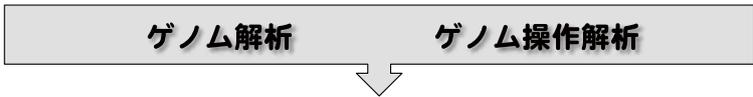
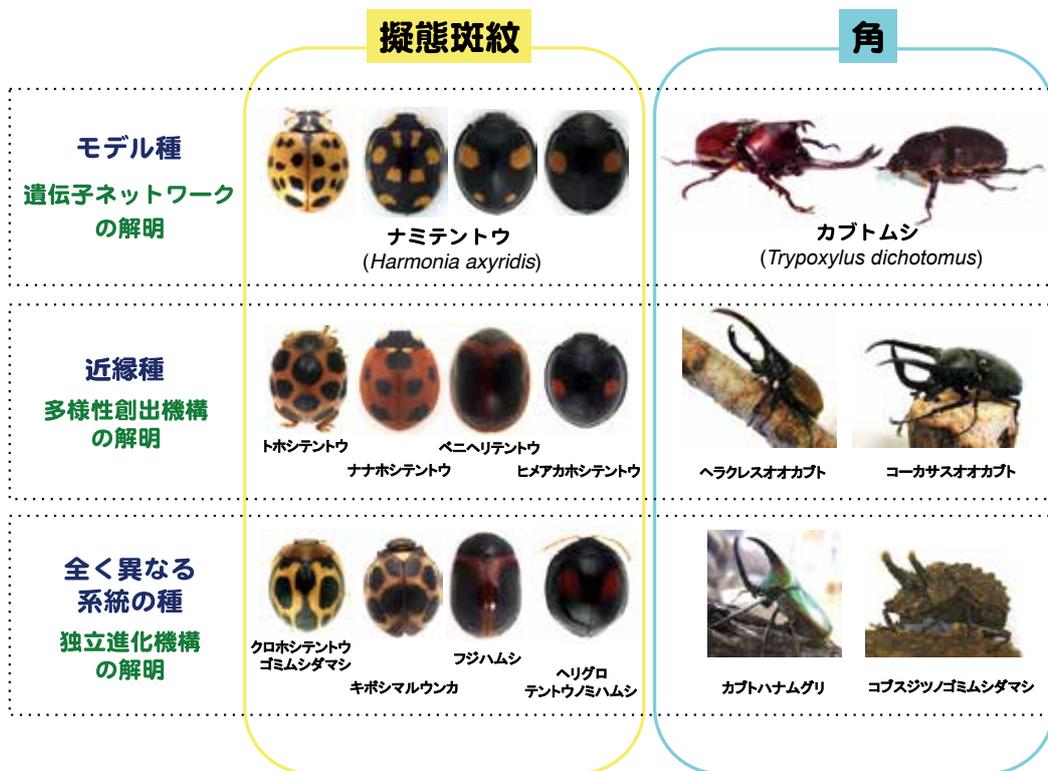


# Evo-Devo で探る昆虫の多様性

100万種以上にも及ぶ圧倒的な種数の豊富さを誇る昆虫は、4億年以上にわたる進化の歴史の中で、地球上のあらゆる環境に進出し、それぞれの種の棲息環境に適応した多様な形質を発達させてきた。そのような昆虫は、多様性の宝庫であり、多様性創出の進化メカニズムを解き明かすための研究材料として無限の可能性を秘めている。進化発生研究部門では、昆虫が進化の過程で獲得した翅や角などの新奇形質に着目し、昆虫の多様な形質をもたらす分子基盤および進化メカニズムを解明することを目指している。



カメノコテントウ



## 新奇形質の獲得と多様性創出の進化メカニズムの解明

### Members

教授  
新美 輝幸

助教  
安藤 俊哉  
中村 太郎

特任助教  
森田 慎一

技術課技術職員  
水谷 健

日本学術振興会特別研究員  
小長谷 達郎  
竹中 將起

特任研究員  
川口 はるか

総合研究大学院大学  
大学院生  
千頭 康彦  
北沢 友梨奈

技術支援員  
森田 淳子  
横山 美智子  
田口 理恵

事務支援員  
齋藤 永子



オレンジスポットミノローチ



スズムシ



ニホンホビロコメツキモドキ

## 昆虫翅の起源と多様化

翅の獲得及び多様化が、地球上で最大の種数を誇る昆虫の繁栄をもたらしたと考えられる。翅の起源に関する仮説は2世紀前から様々なものが提唱されてきたが、その起源に関する統一見解は未だ得られていない。我々は、有翅昆虫における翅形成のマスター遺伝子 *vestigial* に着目することで、翅の起源構造や翅連続相同構造がもたらされる進化メカニズムを探る。

昆虫は、様々な環境に適応するため機能分化した翅を発達させてきた。中でも甲虫は、飛翔から体の保護へと大幅にその機能を転換した前翅（鞘翅）を有することで、圧倒的な種数をもたらしたと考えられている。甲虫の鞘翅をもたらした遺伝子ネットワークの実体解明を目指す。

コオロギやキリギリスなど鳴く虫の翅にある発音器官は左右の翅で非対称に形成される。1対で存在し左右で独立に形成される翅に着目し、左右非対称性の分子基盤の解明に挑戦する。

## テントウムシの斑紋と擬態

ナミテントウの種内の斑紋多型は、単一遺伝子座の複対立遺伝子による支配を受けることが知られている。我々はRNAi法や形質転換ナミテントウを用いた遺伝子機能解析を通して斑紋形成メカニズムの解明を目指している。

テントウムシの赤色と黒色からなる目立つ斑紋は、捕食者に対する警告色として機能する。一方でテントウムシへの擬態により捕食を回避する昆虫は様々な分類群に存在する。系統的に遠縁な種において、類似した擬態斑紋が形成されるメカニズムは依然として謎のままである。各種テントウムシやテントウムシに擬態するヘリグロテントウノミハムシを材料に、擬態斑紋の進化の謎に挑む。

## 多様な角の進化

角は、全く異なる独立した系統で何度も獲得され、それぞれの系統内には多様な形態が存在する。カブトムシをモデルに比較トランスクリプトーム解析及びRNAi法による遺伝子機能解析を通して、角形成を司る遺伝子制御ネットワークを解明する。カブトムシから得られた知見を、多様な角を持つ近縁種間で比較し、角の多様化をもたらすゲノム上の変化を探る。さらに、角を独立に獲得した種を用いて同様の比較解析を行い、角の独立進化メカニズムの解明に迫りたい。

## 昆虫特異的な性決定メカニズムの進化

昆虫の性決定機構は、性特異的なスプライシング調節が中心的な役割を果たす昆虫特有の様式を示す。この性特異的なスプライシング制御が獲得された際、どのような分子レベルでのイノベーションが生じたのであろうか。未だ性決定機構が明らかでない無変態昆虫及び不完全変態昆虫の遺伝子機能解析を通して、昆虫特有の性決定機構の進化的起源の解明を目指す。

## 遺伝子機能解析ツールの開発

非モデル昆虫の興味深い現象を分子レベルで解明するためには、遺伝子機能解析ツールが必要不可欠となる。そこで、非モデル昆虫での遺伝子機能解析を実現するために独自に開発した形質転換体を利用した遺伝子機能解析系及び種々のRNAi法、ゲノム編集技術などの開発を行っている。

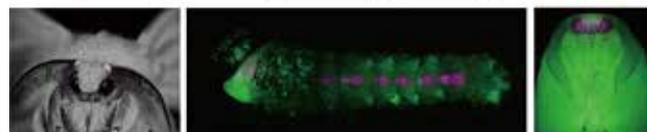


図1. 形質転換ナミテントウ（上段）と形質転換カイコ（下段）

### 参考文献

- Sakai, H., Oshima, H., Yuri, K., Gotoh, H., Daimon, T., Yaginuma, T., Sahara, K., and Niimi, T. (2019). Dimorphic sperm formation by *Sex-lethal*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* *116*, 10412-10417.
- Morita, S., Ando, T., Maeno, A., Mizutani, T., Mase, M., Shigenobu, S., and Niimi, T. (2019). Precise staging of beetle horn formation in *Trypoxylus dichotomus* reveals the pleiotropic roles of *doublesex* depending on the spatiotemporal developmental contexts. *PLOS genetics* *15*, e1008063.
- Ohde, T., Morita, S., Shigenobu, S., Morita, J., Mizutani, T., Gotoh, H., Zinna, R.A., Nakata, M., Ito, Y., Wada, K., Kitano, Y., Yuzaki, K., Toga, K., Mase, M., Kadota, K., Rushe, J., Lavine, L.C., Emlen, D.J., and Niimi, T. (2018). Rhinoceros beetle horn development reveals deep parallels with dung beetles. *PLOS genetics* *14*, e1007651.
- Ando, T., Matsuda, T., Goto, K., Hara, K., Ito, A., Hirata, J., Yatomi, J., Kajitani, R., Okuno, M., Yamaguchi, K., Kobayashi, M., Takano, T., Minakuchi, Y., Seki, M., Suzuki, Y., Yano, K., Itoh, T., Shigenobu, S., Toyoda, A., and Niimi, T. (2018). Repeated inversions within a *pannier* intron drive diversification of intraspecific colour patterns of ladybird beetles. *Nat. Commun.* *9*, 3843.
- Ohde, T., Takehana, Y., Shiotsuki, T., and Niimi, T. (2018). CRISPR/Cas9-based heritable targeted mutagenesis in *Thermobia domestica*: A genetic tool in an apterygote development model of wing evolution. *Arthropod Struct. Dev.* *47*, 362-369.
- Kawaguchi, H., and Niimi, T. (2018). A method for cryopreservation of ovaries of the ladybird beetle, *Harmonia axyridis*. *J. Insect Biotechnol. Sericol.* *87*, 35-44.

教授  
新美 輝幸

助教  
安藤 俊哉

助教  
中村 太郎

特任助教  
森田 慎一



# 共生・ゲノム・進化

地球上のすべての生命体は、様々な生物間相互作用のネットワークの中で存在している。中でも「共生」は、広くみられる生物の適応戦略であり、イノベーション（新奇性創出）の大きな源である。アミノ酸合成、酸素呼吸、窒素固定、発光—など新奇形質を共生によって獲得した生物種は枚挙に暇がない。共生によって単一の生物個体では生存が困難な環境に適応することができる。そのため、近年、生態系や生物進化における共生の重要性が認識されてきているが、最近まで共生生物学は分子・遺伝子レベルの実証的アプローチが困難な研究分野だった。この状況にブレークスルーをもたらしたのが革命的な進歩を遂げているゲノム科学とゲノム編集の技術である。私たちは最先端のゲノム科学的アプローチによって共生を理解する「共生ゲノム学」(Symbiogenomics) を推進している。共生系を支える分子メカニズムと進化プロセスを明らかにすること、そして、その多様性と共通原理を理解することを目指している。



## Members

教授  
重信 秀治

助教  
Jia-Hsin Huang  
(6月1日より)

特任助教  
依田 真一 (10月1日より)

日本学術振興会特別研究員  
野崎 友成  
松田 直樹

博士研究員  
Chen-yo Chung  
小林 裕樹

総合研究大学院大学  
大学院生  
頼本 隼汰  
Kathrine Tan

技術支援員  
鈴木 みゆず  
池田 弥華  
温 欣宜

事務支援員  
市川 真理子

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なほどの絶対的な共生関係にある。(左)当研究室が共生研究のモデルに用いている、エンドウヒゲナガアブラムシ (*Acyrtosiphon pisum*)。 (右) アブラムシ卵巣内で発生中の初期胚にブフネラ (内部の小さい顆粒) が感染する様子。母親の体内で母親由来のブフネラが、次の世代に垂直感染するのである。スケールバーは 20  $\mu$  m。

## アブラムシとブフネラの共生ゲノム学

私たちの研究室は「共生ゲノム学」のモデルとして、半翅目昆虫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。両者はお互い相手なしでは生存が不可能なほど緊密な相互関係にあり、生理的にも解剖構造的にもまるでひとつの生物のように統合化されている。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。私たちは、宿主昆虫と共生細菌両方のゲノムを解読し（文献 4,5）、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など、ゲノムレベルでの共生の理解を深めてきた。また、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（RNA-seq）をアブラムシ共生器官に適用し、共生器官特異的に発現する新規分泌タンパク質（BCR ファミリーと命名）を同定し（文献 3）、さらに BCR が抗菌活性を有することを明らかにした（文献 1）。近年、いくつかの植物と細菌の共生においても同様の抗菌ペプチド様分子が共生系の維持と制御に重要な役割を果たしていることが報告されており、動植物を越えた共生系進化の共通原理の存在を示唆するものとして興味深い。



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

## 昆虫のゲノム進化学と新規モデル昆虫の開発

次世代シーケンシング（NGS）に代表されるゲノム科学技術、CRISPR/Cas9 ゲノム編集等の遺伝子改変技術、超解像度顕微鏡等のイメージング技術 — ここ数年の生物機能の解析手法のめざましい技術革新により、これまで困難であった非モデル生物の分子・遺伝子・細胞レベルの研究が可能になってきた。地球上で最も多様性に富む生物群とも言われる昆虫の研究分野もこれら技術革新の恩恵を大いに享受し、新しい昆虫科学が始まりつつある。NGS で得られた情報をもとにそれぞれの昆虫特有の興味深い形態や生理などの進化を遺伝子・ゲノムレベルで明らかにし、さらにゲノム編集で機能解析を行う、このような新規モデル昆虫研究パイプライン

の構築を目指している。例えば、私たちは、社会性進化研究のモデルとしてシロアリや社会性アブラムシを、発光生物学のモデルとしてホタルを研究している。最近私たちは、ヘイケボタルのゲノムを解読した（文献 2）。ホタルの発光については、ルシフェラーゼ酵素がルシフェリンを基質として、酸素と ATP を使って光を発生することがすでに明らかにされているが、ゲノム解析により、ルシフェラーゼ遺伝子の起源は、光らない生物でも普遍的に持っているアシル CoA 合成酵素と呼ばれる脂肪酸代謝酵素の遺伝子であること、この遺伝子が何度も重複を繰り返しそのひとつが発光活性を持つルシフェラーゼに進化したことが明らかになった。

また、私たちは昆虫のゲノムを「読む」だけでなく、「編集する」技術の開発にも取り組んでいる。私たちは、CRISPR/Cas9 によるアブラムシのゲノム編集技術を確立することに成功した。

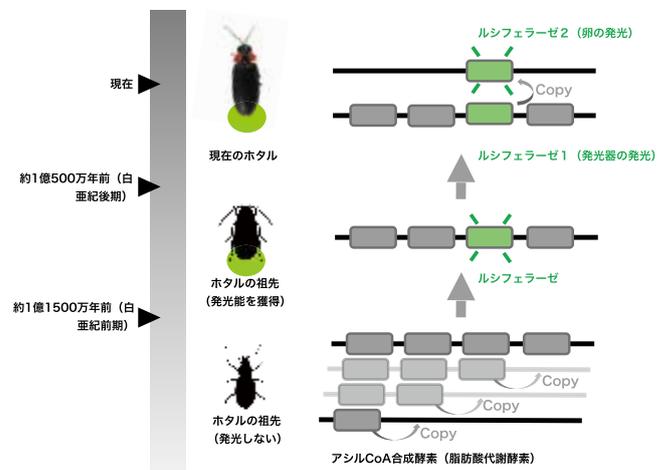


図 2. ヘイケボタルゲノム解読から明らかになった発光遺伝子ルシフェラーゼの進化。発光と関連のない脂肪酸代謝酵素の一種が重複を繰り返し、そのひとつが発光能を獲得したと推定される。

### 参考文献

1. Uchi, N. *et al.*, (2019). Antimicrobial Activities of Cysteine-rich Peptides Specific to Bacteriocytes of the Pea Aphid *Acyrtosiphon pisum*. *Microbes Environ.* 34, 155-160.
2. Fallon, T.R. *et al.*, (2018). Firefly genomes illuminate parallel origins of bioluminescence in beetles. *eLife* 7, e36495.
3. Shigenobu, S., and Stern, D. (2013). Aphids evolved novel secreted proteins for symbiosis with bacterial endosymbiont. *Proc. Biol. Sci.* 280, 20121952.
4. Shigenobu, S., and Wilson, A.C.C. (2011). Genomic revelations of a mutualism: the pea aphid and its obligate bacterial symbiont. *Cell. Mol. Life Sci.* 68, 1297-1309.
5. 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.

教授  
重信 秀治

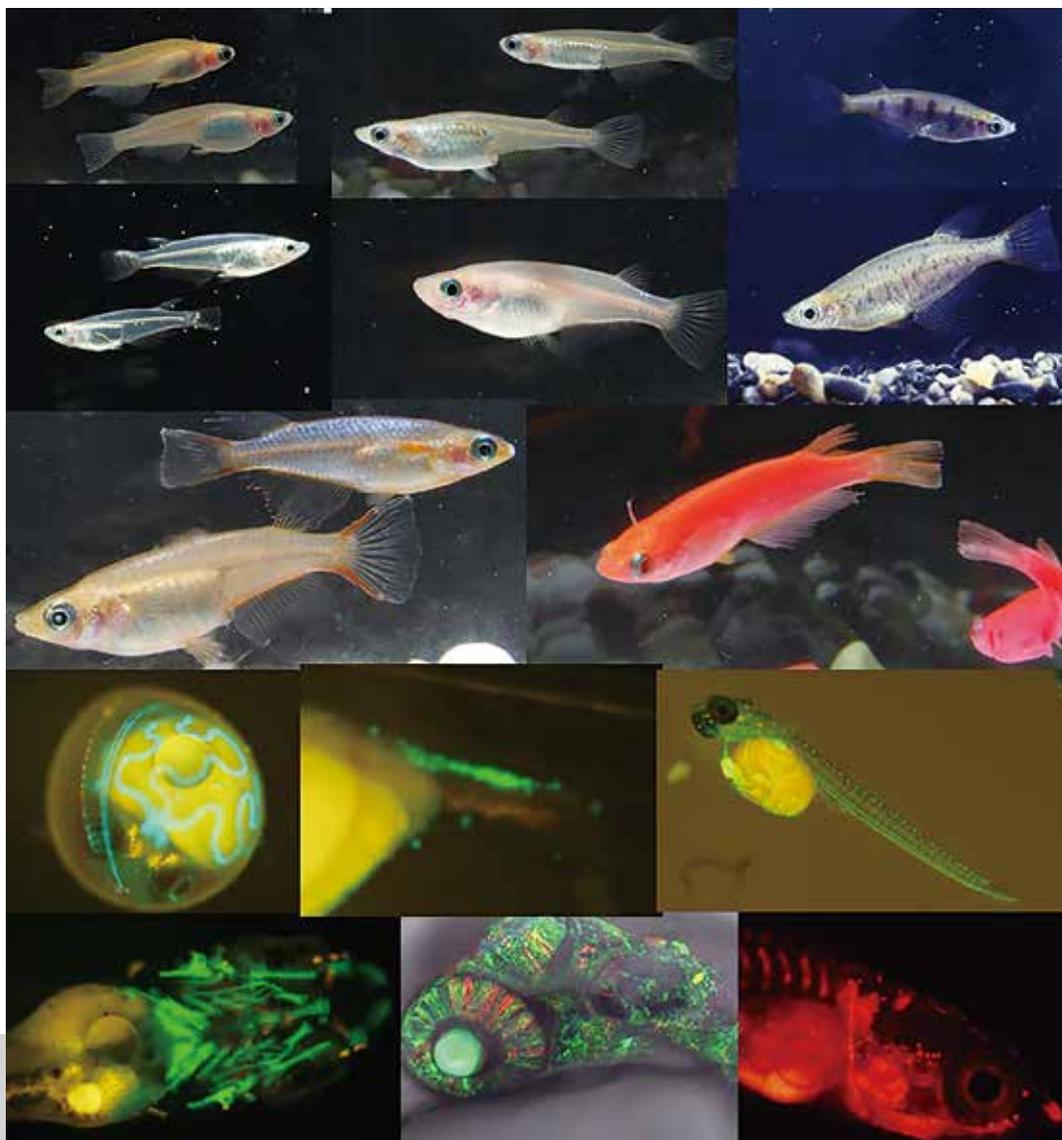
助教  
Jia-Hsin Huang

特任助教  
依田 真一



# メダカを用いた遺伝子型 - 表現型相関の解明

メダカは小川や水田に生息する日本在来の野生動物で、東南アジアにはメダカの近縁種が36種以上分布している。また、日本オリジナルのモデル動物でもあり、近交系や突然変異体など、これまでに様々な性質を備えた系統が作出されてきた。本研究室では、これらの多様な生物遺伝資源（バイオリソース）を用いて、近縁種間における性染色体・性決定遺伝子の進化、体色突然変異体の原因遺伝子同定と色素細胞分化機構の解明など幅広い生命現象の理解を目指している。また、本研究室はメダカバイオリソースプロジェクト（NBRP メダカ）の中核機関として、メダカバイオリソースの整備を積極的に進めるとともに、様々なメダカ系統やゲノムリソースの収集・整備を行うとともに、それを国内外の研究者に広く提供している。さらに始原生殖細胞や精巣・卵巣組織の凍結保存と生殖細胞移植による系統回復技術などの技術開発も行っている。



## Members

特任教授  
成瀬 清

研究員  
金子 裕代

特別共同利用研究員  
IMAEDA YASSUMOTO, Tamiris  
(名古屋大学)

特別協力研究員  
佐藤 忠

特任専門員  
原 郁代  
矢野川 梓

技術支援員  
味岡 理恵  
小池 知恵子  
小池 ゆかり  
高木 千賀子  
手嶋 祐子  
鳥居 直子  
山崎 瞳子

事務支援員  
鈴木 登貴子

バイオリソース研究室で維持しているメダカ系統と近縁種

## メダカ属魚類における性決定遺伝子の進化

性染色体は分類群によって異なり、性染色体上に存在する性決定遺伝子の実体は多くの動物において明らかにされていない。このような性決定遺伝子の多様化をもたらした分子基盤を解明するため、近縁な種間で性染色体が異なるメダカ属魚類を用いて性決定機構の解析を行っている。これまでの研究から、インドメダカではY染色体上のSox3遺伝子がオス決定遺伝子であることを明らかにした。哺乳類の性決定遺伝子SryもSox3から進化したと考えられていることから、同じ遺伝子が繰り返し性決定に利用されてきたことが明らかとなった。また、他の近縁種との比較から、下流の性決定カスケードは種間で保存されていることも判明した。インドメダカではY染色体上のSox3が下流遺伝子gsdfの発現を活性化するという、新たなパスウェイを獲得することによってオス分化を誘導することが明らかとなった。

## 体色突然変異体の原因遺伝子同定と色素細胞分化機構の解明

魚類は哺乳類と異なり複数の色素細胞を持つ。メダカでは哺乳類と共通な黒色素胞に加え黄色素胞、白色素胞、虹色素胞の4種類をもつ。さらに白色素胞はメダカ近縁種においても持っている種と持っていない種があることから新規性質発現の分子メカニズムを考えるための良いモデルになると考えられる。メダカで発見されている様々な体色突然変異体を用いてその原因遺伝子を同定したところ、白色素胞は黄色素胞と共通の幹細胞から分化し、その運命決定にはsox5遺伝子が重要な役割を果たすことが明らかとなった。また虹色素胞の変異体guaninlessの原因遺伝子はpnp4aであることを明らかにした。さらに黒色素胞と白色素胞の数とともに著しく減少する突然変異体few melanophoreの原因遺伝子を同定したところkit-ligand aの機能喪失型変異であることが明らかとなった。白色素胞と黄色素胞が共通の前駆細胞を持つことを考えるとkitシグナルは黄色素胞と白色素胞の共通前駆細胞から白色素胞前駆細胞へと分化した後、黒色素胞前駆細胞と白色素胞前駆細胞への共通の増殖シグナルとして機能していると考えられた。

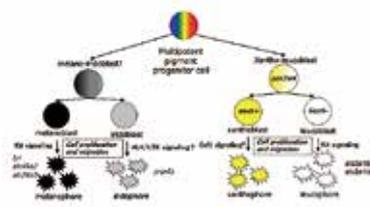


図1. メダカ色素細胞分化のモデル

## メダカバイオリソースプロジェクトの推進

基礎生物学研究所はメダカバイオリソースプロジェクトの中心機関であり、我々はこのプロジェクトを推進するための中心研究室の役割を担っている。突然変異体、遺伝子導入系統、近縁種等600を超える系統についてライブ及び凍結精子として保存し、リクエストに応じて提供をおこな



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HdrR(上段)、actin-DsRed遺伝子導入系統(中段)、透明メダカQuintet(下段)。

ている(図2参照)。また、131万を超えるBAC/Fosmid/cDNA/ESTクローンも保存・提供をおこなっている。2010年からはTILLING法によって作製された突然変異体の同定システム及びCRISPR-Cas9によるゲノム編集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。まだドナーベクターを用いたCRISPR-Cas9によるノックインシステムの開発なども行っている。

### 参考文献

- Otsuki, Y., Okuda, Y., Naruse, K., *et al.* (2020). Identification of kit-ligand a as the gene responsible for the medaka pigment cell mutant *few melanophore*. *G3* 10, 311-319.
- Watakabe, I., Hashimoto, H., Kimura, Y., *et al.* (2018). Highly efficient generation of knock-in transgenic medaka by CRISPR/Cas9-mediated genome engineering. *Zool. Lett.* 4, 3.
- Kimura, T., Takehana, Y. and Naruse, K. (2017). Pnp4a is the causal gene of the medaka iridophore mutant *guaninless*. *G3* 7, 1357-1363.
- Kirchmaier, S., Naruse, K., Wittbrodt, J. and Loosli, F. (2015). The genomic and genetic toolbox of the teleost medaka (*Oryzias latipes*). *Genetics* 199, 905-918.
- Kimura, T., Nagao, Y., Hashimoto, H. *et al.* (2014). Leucophores are similar to xanthophores in their specification and differentiation processes in medaka. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 111, 7343-7348.
- Takehana, Y., Matsuda, M., Moshio, T. *et al.* (2014). Co-option of Sox3 as the male-determining factor on the Y chromosome in the fish *Oryzias dancena*. *Nat. Commun.* 5, 4157.

特任教授  
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）の隙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。

小型の蛾において、翅自体の大きさに比較して同等以上の面積を、翅周辺から伸びる長い毛のような形の鱗粉（辺縁毛）が占めている例がある。一例としてジャガイモキバガを取り上げ、辺縁毛の構造や翅の動きを解析したところ、辺縁毛はこれまで報告されていない分岐構造を持っていること、及び、辺縁毛同士が絡み合って平面状の不織布のような構造となり、軽量でしなやかな翅のように挙動することが分かった。コンパクトに収納できる翅で、大きな翅と同様の空力学的効果をもたらすという適応と考えられる。

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

ンター及び研究力強化戦略室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。

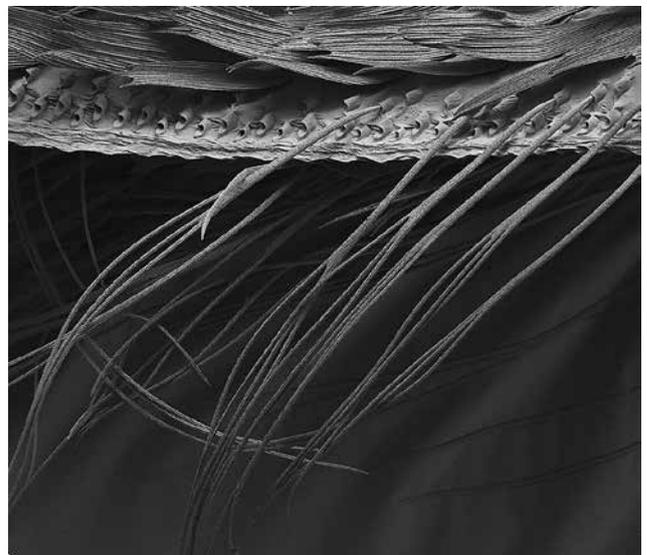


図1. ジャガイモキバガの辺縁毛の走査型電子顕微鏡観察像  
翅の中心部の鱗粉（上端）と全く形態の違う辺縁毛が翅周辺部から長く伸びている。辺縁毛は途中で2分岐を繰り返す形態を示し、辺縁毛同士が密に絡み合って平面として挙動する。図では多くの辺縁毛を除去して、個々の形態がわかりやすくしてある。

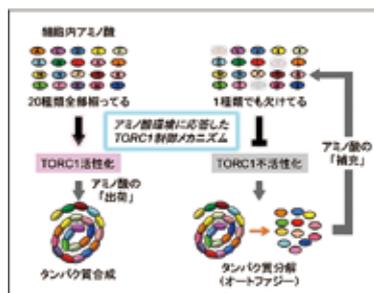
#### 参考文献

1. Yoshida, A., and Kato, Y. (2019). Morphology and development of the short wing in the seasonal dimorphism of the tussock moth, *Orgyia thyellina* (Lepidoptera: Lymantriidae): comparison with the long wing. *Appl. Entomol. Zool.* 54, 47-54.
2. Yoshida, A., Tejima, S., Sakuma, M., Sakamaki, Y., and Kodama, R. (2017). Coherent array of branched filamentary scales along the wing margin of a small moth. *Sci. Nat.* 104, 27.

准教授  
児玉 隆治

特別協力研究員  
吉田 昭広





細胞は栄養環境を常にモニターし、それに適応している。細胞内アミノ酸の感知に関わるのがトア複合体1 (Tor complex1, TORC1) である。TORC1は富アミノ酸環境下で活性化され、アミノ酸の「出荷」に相当するタンパク質合成を促進する。一方、アミノ酸欠乏環境下ではTORC1は不活性化され、アミノ酸の「補充」に当たるタンパク質分解(オートファジー)を誘導する。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、アミノ酸環境の変動に応答したTORC1の制御メカニズムを探究している。

## トア複合体1を介した細胞内アミノ酸モニタリングの分子メカニズムとは？

アミノ酸は、細胞の基本的構成成分・タンパク質の材料である。しかも、20種類のアミノ酸がすべて揃っていることが、正常なタンパク質合成に必要な不可欠である。従って、細胞は全種類のアミノ酸を個別にモニターする仕組みを持っている。そのアミノ酸モニタリングに関わるのがトア複合体1 (TORC1) である。

TORC1は真核細胞に広く保存されたプロテインキナーゼで、その活性はアミノ酸環境に応答して制御される。しかしながら、TORC1が20種類ものアミノ酸それぞれによって制御を受ける分子メカニズムについては不明な点が多い(上図)。

当研究室は、真核細胞のモデル系である出芽酵母を用いて、TORC1の活性制御に関わる遺伝子を探索した。その結果、アミノアシル-tRNA合成酵素(ARS)やアミノアシル-tRNAに結合するタンパク質翻訳因子(EF1A)をコードする遺伝子群の変異体では、アミノ酸存在下においてもTORC1は不活性化された。

ARSはアミノ酸をtRNAと結合させてアミノアシル-tRNAを合成する酵素であり、アミノアシル-tRNAはEF1Aによってリボソームへ運ばれ、タンパク質合成の直接の材料となる。アミノ酸栄養豊富な環境下ではほとんどのtRNAはARSによりアミノアシル-tRNAに変換されタンパク質合成に使われるが、一方、アミノ酸飢餓条件では、フリーのtRNAが蓄積する。さらに、TORC1のin vitroキナーゼ活性を測定すると、tRNAによりTORC1は直接阻害を受けることが解った。

これらの実験結果により、TORC1はアミノ酸自身を認識するのではなく、個々のアミノ酸に一对一の対応ができるtRNAをアミノ酸(飢餓)情報として認識していることが示唆された。この結果を基に、図1に示すようなTORC1による細胞内アミノ酸モニタリングの新規メカニズムを提唱した。

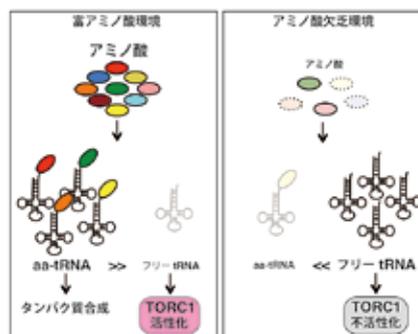


図1. アミノ酸栄養豊富な環境では、tRNAはアミノアシル化され、それらはEF1Aと結合し、タンパク質合成に使われるので、アミノアシル-tRNAはTORC1を直接阻害しない。依ってTORC1キナーゼ活性は高く保持される。一方、アミノ酸飢餓環境では、アミノアシル化されないtRNAが蓄積し、TORC1を直接阻害する。

### 参考文献

- Baba, M., Tomonaga, S., Suzuki, M., Gen, M., Takeda, E., Matsuura, A., Kamada, Y., Baba, N. (2019). A nuclear membrane-derived structure associated with Atg8 is involved in the sequestration of selective cargo, the Cvt complex, during autophagosome formation in yeast. *Autophagy* 15, 423-437.
- Takeda, E., Jin, N., Itakura, E., Kira, S., Kamada, Y., Weisman, L.S., Noda, T., Matsuura, A. (2018). Vacuole-mediated selective regulation of TORC1-Sch9 signaling following oxidative stress. *Mol. Biol. Cell* 29, 510-522.
- 鎌田芳彰 (2017). トア複合体1を介した細胞内アミノ酸センシング機構. *肝胆膵* 75, 53-61.
- Kamada, Y. (2017). Novel tRNA function in amino acid sensing of yeast Tor complex1. *Genes to Cells* 22, 135-147
- 鎌田芳彰 (2016). アミノ酸によるトア (TOR) 制御メカニズム—その傾向と対策. *実験医学* 34, 2423-2429.
- 鎌田芳彰 (2016). 栄養どうでしょう アミノ酸センシングにおけるトア (TOR) の旅. *化学と生物* 54, 827-834.
- 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.
- 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.

助教  
鎌田 芳彰



# 生物の模様とゲノムの変化 多様性生物学研究室(星野)



ゲノムが変化することで現れるアサガオの模様

## 花の模様とゲノムが変化する仕組み

ゲノムの変化は、動植物の着色を決めている遺伝子の発現を調節することで、模様の形成に関わることがある。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の研究からは、ゲノムを変化させて遺伝子の働きを調節する「動く遺伝子」と「エピジェネティクス」の存在や役割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では、エピジェネティクスなどによるゲノムの変化が模様として容易に観察できる。その多様な模様を調べることで、ゲノムの変化と遺伝子の働きが調節される、さまざまな仕組みの理解を進めている。

## 花の色ができる仕組み

多彩な花の色は色素の構造だけでなく、細胞内外のさまざまな要因で決まる。アサガオが本来の青色になるためには、青く発色する色素が合成されることに加えて、色素が蓄えられる液胞の中の水素イオン濃度が低くなることが重要な要因である。これらの要因が失われると、青色以外の花が咲く。アサガオの多彩な花色を利用することで、色素合成や液胞内 pH が調節される仕組みを研究している。

## 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好都合な性質と、ほかの実験植物にはない性質を兼ね備えているため広く国内外で研究されている。その研究をさらに発展させるため、全ゲノム配列を解読したほか、研究ツールやデータベースなど、研究基盤の整備を行っている。

## 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、代表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 220 の花

生物の模様は、ゲノム（遺伝情報の全体）の一部が変化することで生じることがある。このような変化は、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を研究している。また、模様のもとになる花色の研究と、アサガオの研究に必要な研究環境の整備に加え、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。

色に係わる突然変異系統、17 万 5 千の DNA クローンや花弁特異的発現ベクター等を保存し、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内の pH に依存する。

## 参考文献

1. Waki, T. *et al.* (2020). A conserved strategy of chalcone isomerase-like protein to rectify promiscuous chalcone synthase specificity. *Nat. Commun.* 11, 870.
2. Hoshino, A. *et al.* (2019). Generation of yellow flowers of the Japanese morning glory by engineering its flavonoid biosynthetic pathway toward aurones. *Plant Cell Physiol.* 60, 1871-1879.
3. Hoshino, A. *et al.* (2016). Genome sequence and analysis of the Japanese morning glory *Ipomoea nil*. *Nat. Commun.* 7, 13295.
4. Morita, Y. *et al.* (2014). A chalcone isomerase-like protein enhances flavonoid production and flower pigmentation. *Plant J.* 78, 294-304.
5. Faraco, M. *et al.* (2014). Hyperacidification of vacuoles by the combined action of two different P-ATPases in the tonoplast determines flower color. *Cell Rep.* 6, 32-43.

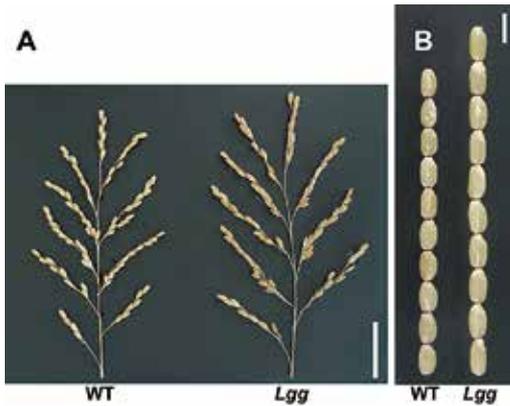
助教  
星野 敦



技術支援員  
中村 涼子  
竹内 友世  
伊藤 多世  
河田 紗季



# トランスポゾンとゲノムの再編成 多様性生物学研究室 ( 梅根 )



ゲノム中には多くの転移因子 (トランスポゾン) が存在しているが、その多くは転移する事ができない。しかし稀にゲノムによる抑制機構をすり抜けて転移できるトランスポゾンが存在する。どのようにゲノムはトランスポゾンの制御しているのか、また転移によって引き起こされるゲノムの再編成は生物にどんな影響を与えているのかを調べている。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。

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イネの *Lgg* 変異体は、顕性 (優性) の大粒変異である。ほ場において栽培し結実した穂 (A) と玄米 (B)。

## ゲノムのダイナミズム

多くの生物の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である。トランスポゾンによるゲノムの再編成は、進化の原動力の一つとなっていると考えられるが、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 (文献 9)。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。

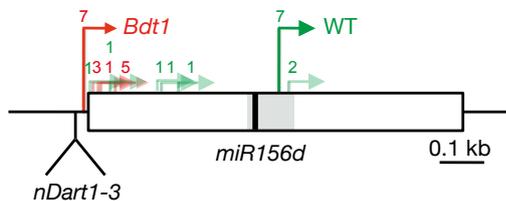


図 1. *nDart1* の挿入による優性変異の原因の解明 (文献 4)

高い精度でゲノム配列が決定されているイネは、トランスポゾンの挿入領域やゲノムの再編成を詳細に解析することができる。我々は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* を同定した。*nDart1* の転移には、自律性因子 *aDart1* が必要であるが、通常はエピジェネティックに抑制されている。*nDart1* が活発に転移する時期を明らかにし (文献 7)、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することも示した。*nDart1* は、GC 含量の差が大きい領域に挿入し易い性質をもっているため、ゲノム中に存在している転移の制御因子の同定に向けて研究を行っている。

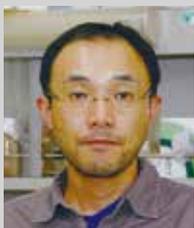
## トランスポゾンの挿入による優性変異

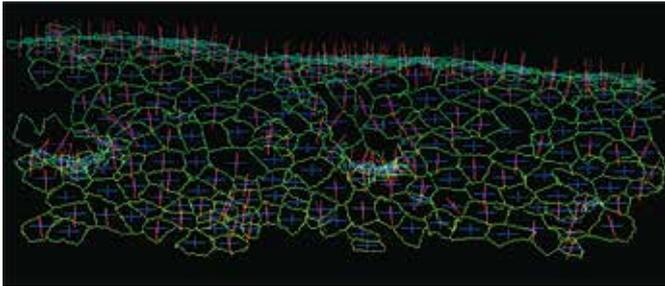
ゲノムの変異の多くは劣性となるが、*nDart1* の挿入変異体の中にはしばしば優性となる突然変異体が観察される。不完全優性でわい性となる *Bdt1* 変異体では機能のあるマイクロ RNA の発現様式が *nDart1* の挿入で変化していた (図 1, 文献 6)。DNA トランスポゾンが優性変異の原因となる例は非常に珍しく、その原因は未解明な部分が残されているので、優性となった変異体を選抜して解析を行っている。

### 参考文献

1. Nishimura, H., Himi, E., Rikiishi, K., Tsugane, K., Maekawa, M. (2019). Establishment of *nDart1*-tagged lines of Koshihikari, an elite variety of rice in Japan. *Breed. Sci.* 69, 696-701.
2. Nishimura, H., Himi, E., Eun, C.-H., Takahashi, H., Qian, Q., Tsugane, K., Maekawa, M. (2019). Transgenerational activation of an autonomous DNA transposon, Dart1-24, by 5-azaC treatment in rice. *Theor. Appl. Genet.* 132, 3347-3355.
3. Gichuhi, E., Himi, E., Takahashi, H., Zhu, S., Doi, K., Tsugane, K., and Maekawa, M. (2016). Identification of QTLs for yield-related traits in RILs derived from the cross between pLIA-1 carrying *Oryza longistaminata* chromosome segments and Norin 18 in rice. *Breed. Sci.* 66, 720-733.
4. Hayashi-Tsugane, M., Maekawa, M., and Tsugane, K. (2015). A gain-of-function Bushy dwarf tiller 1 mutation in rice microRNA gene miR156d caused by insertion of the DNA transposon *nDart1*. *Sci. Rep.* 5, 14357.
5. Hayashi-Tsugane, M., Takahara, H., Ahmed, N., Himi, E., Takagi, K., Iida, S., Tsugane, K., and Maekawa, M. (2014). A mutable albino allele in rice reveals that formation of thylakoid membranes requires SNOW-WHITE LEAF1 gene. *Plant Cell Physiol.* 55, 3-15.
6. Eun, C.-H., Takagi, K., Park, K.I., Maekawa, M., Iida, S. and Tsugane, K. (2012). Activation and Epigenetic Regulation of DNA Transposon *nDart1* in Rice. *Plant Cell Physiol.* 53, 857-868.
7. Saze, H., Tsugane, K., Kanno, T., and Nishimura, T. (2012). DNA methylation in plants: Relationship with small RNAs and histone modifications, and functions in transposon inactivation. *Plant Cell Physiol.* 53, 766-784.
8. 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.
9. 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. Gen. Genomics* 284, 343-355.

助教  
梅根 一夫





## 発生過程における細胞集団の運動

生物の器官は、胚発生期において平面状の細胞群が巧みに折れ込む過程を経る事により、立体的かつ複雑な構造として構築される。このような劇的な細胞集団の形態変化は、器官原基細胞群のそれぞれの領域に特異的な運動が、適切な時点で誘起される一連の制御過程を経た結果によるものであると考えられる。

これら細胞運動を記録した時系列顕微鏡画像から、個別の細胞の動態を抽出し解析する事で、器官形成の過程を担う個々の細胞の挙動へと還元し、理解する事を目的としている。

## 多次元画像解析手法の開発

近年の蛍光イメージング技術の発展に伴い、空間並びに時間軸を持つ 4D 画像を取得する事で、種々の生物現象の時間発展を捉える事が可能となった。このような観察系の多次元化、高精細化に伴い、そのデータは容量及び複雑性を増している。これら大容量の画像データを効率的に取り扱い、かつ定量的な解析を適用可能とするソフトウェアを開発し、適用している。

細胞集団運動における個々の細胞動態を数量化し解析するため、上皮細胞群のアピカル境界を蛍光ラベルした組織の 4D 顕微鏡画像から、各々の細胞輪郭とその配置を抽出し、記録するアルゴリズムの開発と実装を行っている (上図)。また、これら特徴の系時変化を解析することで、平面上皮が

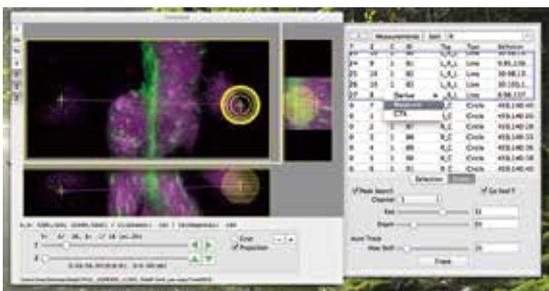


図 1. 4D 顕微鏡画像スタックの表示・定量ソフトウェア「mq」目視により形態的な特徴ならびに輝度情報の時系列データを容易に抽出することができる。

生命現象は顕微鏡観察など、画像情報として取得される事が多い。これら画像をもとに、現象を記述しうる特徴量を抽出し定量的な議論を行うための画像処理・解析技法の開発と運用を行っている。これら手法をもとに、器官形成をはじめとする多細胞動態を個々の細胞運動の総和として解釈可能とすることを目指している。

機能的な立体的器官へと変容する原動力についての理解を試みている。さらに、個別の細胞の判別が困難な環境下における細胞配置ならびに動態を解析するため、蛍光標識した核について同定、計測する系を開発している。

また、時系列において不定形かつ出没や交差、分裂、融合等を繰り返すことの多い生物現象から生物学的に意味のある特徴を抽出するためには、観察者の目視による特徴の抽出が必要となる。このため、特徴抽出作業の効率化を果たす為の GUI アプリケーションの開発を行っている (図 1)。

この技法を適用することで、遺伝子型の異なる標本間における微小な表現系の差異を記述、形態形成に与える影響について評価を行うことを可能とした (図 2)。

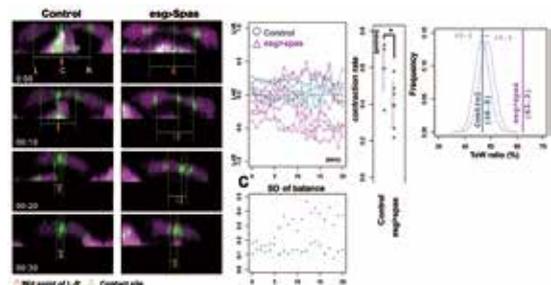


図 2. アプリケーション「mq」の適用例  
抽出した形態特徴量を定量的に解析、注目する変異型における微小な表現系の差を求めた。

## 参考文献

1. Fujita, I., Shitamukai, A., Kusumoto, F., Mase, S., Suetsugu, T., Omori, A., Kato, K., Abe, T., Shioi, G., Konno, D., and Matsuzaki, F. (2020). Endfoot regeneration restricts radial glial state and prevents translocation into the outer subventricular zone in early mammalian brain development. *Nat. Cell Biol.* 22, 26-37.
2. Nishimura R, Kato K, Fujiwara S, Ohashi K, Mizuno K. (2018). Solo and Keratin Filaments Regulate Epithelial Tubule Morphology. *Cell Struct. Funct.* 43, 95-105.
3. Kato, K. *et al.* (2016). Microtubule-dependent balanced cell contraction and luminal-matrix modification accelerate epithelial tube fusion. *Nat. Commun.* 7, 11141.
4. Kato, K., and Hayashi, S. (2008). Practical guide of live imaging for developmental biologists. *Dev. Growth Differ.* 50, 381-390.

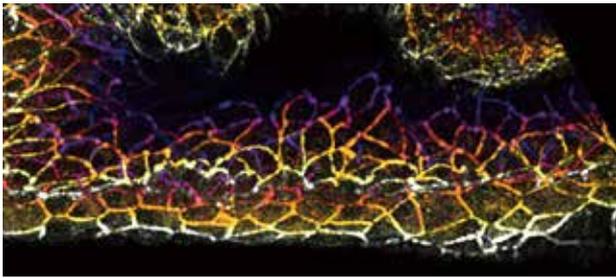
特任助教  
加藤 輝



技術支援員  
兵藤 美和 (ABiS)



# 細胞動態情報抽出の画像解析 多様性生物学研究室 (太田)



近年のバイオイメージング技術の発展により、ほとんどの生命現象は可視化され、画像データとして取得されています。生命システムの構成要素である細胞の個性や、細胞の集合体である個体の多様性を理解するためには、多種多様な画像から、いかに有益な情報を抽出し、それを定量的に表現するプロセスが必要となってきます。本研究室では、顕微鏡から得られるビッグデータを研究者が容易に理解することができる、画像処理・解析手法の開発を目指しています。

## 大規模画像データからの細胞動態情報の抽出・画像化

最近では蛍光イメージングで用いられるデータセットも大規模化が進んでいます。画像枚数で数万枚、容量で数百ギガバイトを超える大規模画像データでは、従来おこなわれてきた研究者の視覚と手作業に頼る分析の限界を超えており、新たな画像処理手法が必要です。そこで、大規模な画像データを数理計算処理を行うために独自に開発した解析プログラムを開発し、複数の細胞からのデータの自動計算と集計、解析結果の可視化の一連の処理を自動化をおこなっています (図 1)。

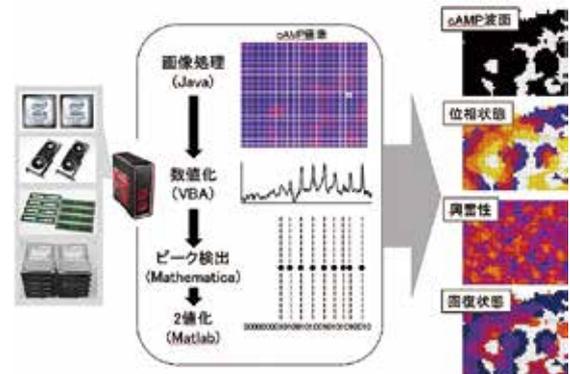


図 1. 大規模画像データの画像処理スキーム例

## マウス胚自動 4 次元細胞トラッキング方法の開発

初期胚の発生は、細胞が胚の中にもぐり込むダイナミックな集団移動・形態変化を伴う現象です。個々の細胞の挙動をイメージングデータから再構築、把握し、その集合体として、組織・個体を理解することは発生学の発展に必要不可欠なプロセスです。本研究では、既存のセグメント・トラッキングアルゴリズムが適用できない領域に存在する細胞集団を解析対象とし、ディープラーニングによる新しいアルゴリズム開発をおこなっています。

## 研究の個別性に対応したオーダーメイドな画像解析支援

生命科学研究におけるバイオイメージングの重要性が増加の一途をたどる一方で、画像撮影技術の高度化が進み、研究者が画像情報を十分に活用することが困難となるジレンマが生じています。私は、古典的な画像解析手法では困難であった画像解析について、ディープラーニングを使った新しい画像解析手法によって、個々の研究の個別性に対応したオーダーメイドな画像解析支援をおこなっていきたく考えています (図 2)。

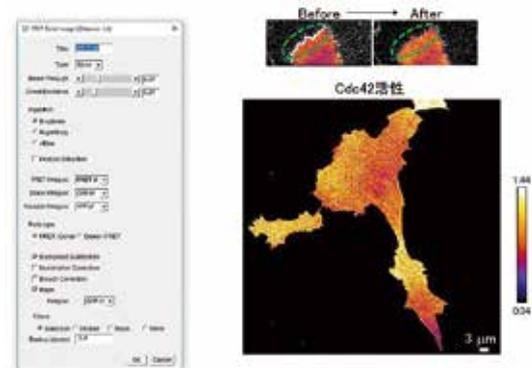


図 2. FRET 画像の処理・解析プラグイン

### 参考文献

- Ohta, Y., Furuta, T., Nagai, T., and Horikawa, K. (2018). Red fluorescent cAMP indicator with increased affinity and expanded dynamic range. *Sci. Rep.* 8, 1866.
- Ohta, Y., Kamagata, T., Mukai, A., Takada, S., Nagai, T., and Horikawa, K. (2016). Nontrivial Effect of the Color-Exchange of a Donor/Acceptor Pair in the Engineering of Förster Resonance Energy Transfer (FRET)-Based Indicators. *ACS Chem. Biol.* 11, 1816-1822.

特任助教  
太田 裕作



# 動物が季節情報を読み取る仕組み 多様性生物学研究室(四宮)



メダカが生息する水路の夏の様子(宮崎県宮崎市)と水路を泳ぐメダカの群れ(愛知県豊橋市)

日長や日射量、気温、降水量といった自然環境は、春夏秋冬の季節を伴った1年のリズムを刻んでいる。動物は、繁殖、換毛、渡り、冬眠など、季節変化に応じて生理機能や行動を変化させるが、季節を感知する仕組みはまだ不明な点が多い。当研究グループは、メダカをモデル動物として、動物が日長や温度の季節変化を読み取る分子メカニズム、また環境の季節情報の受け取りと生物の応答の関係を研究している。

## 各地のメダカを用いた研究

自然環境に生息するメダカは、季節の変化を敏感に感じ取り、日が長くなり暖くなる春に繁殖を開始し、夏の終わり頃に繁殖を停止することが知られています。高緯度地域のメダカは、沖縄県などの低緯度地域のメダカに比べて、日長の変化に敏感に反応することがこれまでに報告されてきましたが、その詳細は不明でした。私たちは、メダカバイオリソースプロジェクトの維持系統や野外採集で得た、日本各地に由来するメダカを使った研究から、メダカが由来する緯度によって日長への応答性が異なることを明らかにしました(図1)。さらに、温度への応答性も地域によって異なることを発見し、メダカが環境温度の変化を感知して季節に適応する「温周性」の研究にも適した動物であることを示しました。

## 季節変化をどのように感知するのか? 解明に向けたアプローチ

繁殖に必要な日長が異なるメダカ集団を用いて、量的形質遺伝子座(QTL)解析を行い、日長に応答した繁殖の開始および停止に関する染色体領域を明らかにしました。同様に、温度応答に関する染色体領域も同定しました。同定された領域のDNA塩基配列および遺伝子発現を集団間で詳細に比較し、ゲノム編集技術を駆使した遺伝子改変メダカを解析することから、季節変化の感知に働く遺伝子とその働きを解明を目指しています。

## 繁殖のリズムと環境情報の関係を情報学的に解析する

生物は、心臓の拍動など秒単位のリズムから、1日周期の概日リズム、1年周期の概年リズムなど、様々な周期のリズムを発振しています。一方、自然環境は、昼夜の1日の変化、季節の1年の変化など周期的な環境変動を生物に与えますが、環境情報と生物のリズム発振の関係については理解

が進んでいません。私たちは、メダカの季節繁殖の生物応答データと、日長、日射量、水温などの環境情報データを用いて、環境情報と生物の応答の関係について、統計・情報理論的な解析に取り組んでいます。

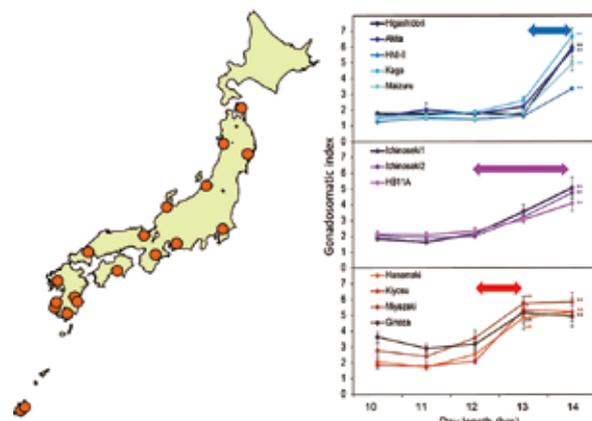


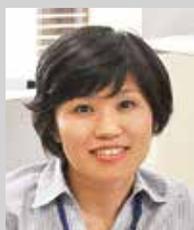
図1. 研究に用いている日本各地のメダカの由来(左)および繁殖に必要なとする臨界日長の解析(右)。メダカの日長応答には地域差が見られる。

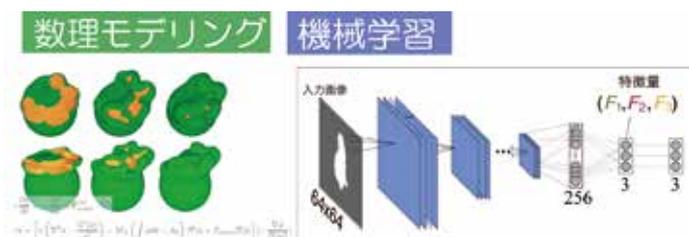
## 参考文献

- Yasumoto, T.I., Nakatsukasa, M., Nagano, A.J., Yasugi, M., Yoshimura, T., Shinomiya, A. (2020). Genetic analysis of body weight in wild populations of medaka fish from different latitudes. *PLoS ONE* 15, e0234803.
- Nakayama, T., Shimmura, T., Shinomiya, A., Okimura, K., Takehana, Y., Furukawa, Y., Shimo, T., Senga, T., Nakatsukasa, M., Nishimura, T., Tanaka, M., Okubo, K., Kamei, Y., Naruse, K., Yoshimura, T. (2019). Seasonal regulation of the lncRNA LDAIR modulates self-protective behaviours during the breeding season. *Nat. Ecol. Evol.* 3, 845-852.
- Shimmura, T., Nakayama, T., Shinomiya, A., Fukamachi, S., Yasugi, M., Watanabe, E., Shimo, T., Senga, T., Nishimura, T., Tanaka, M., Kamei, Y., Naruse, K., Yoshimura, T. (2017). Dynamic plasticity in phototransduction regulates seasonal changes in color perception. *Nat. Commun.* 8, 412.
- Shinomiya, A., Shimmura, T., Nishiwaki-Ohkawa, T., Yoshimura, T. (2014). Regulation of seasonal reproduction by hypothalamic activation of thyroid hormone. *Front Endocrinol.* 5, 12.

特任助教  
四宮 愛

技術支援員  
鶴田 恵美子





## 細胞膜ダイナミクスのモデリング

脂質二重層から成る細胞膜は、分子の膜局在やアクチンフィラメントの重合、分子モーターの作用などにより時に動的に変形する。特にエキソ/エンドサイトーシスでは、形のトポロジーが変わるほどの劇的な変形が現れる。それらの変形に関わる重要な遺伝子・分子の解明は進んできたが、シグナル因子と協働してどのように細胞膜が特定の形状に自己組織化するのかという理解は十分ではない。

これらの問題に対し、細胞膜上のシグナル因子の反応拡散現象と細胞膜の変形をモデリングし、細胞変形の基本原則を解明することを目指している。これまでのところ細胞遊走に付随する2次元的な細胞変形のモデリング、マクロピノサイトーシスなどのエンドサイトーシスの3Dシミュレーションなどを行なっている。同時に機械学習を応用し、細胞の形状を計量、実験とシミュレーション結果をシステムティックかつ客観的に比較する手法を開発している(上図)。

## 多細胞シミュレーション手法の開発

発生過程や組織形成、創傷治癒などに代表される不均一な細胞集団から成る多細胞動態では、多様な細胞が複雑に相互作用し合い集団としての機能を果たす。このような状況で細胞の移動、変形、分裂/消滅、がどのように組織全体の変形と関係するのか、細胞スケール(マイクロ)と組織スケール(マクロ)を跨いだ解析は発展の途上にある。近年、実験技術やデータ解析技術は飛躍的な発展を遂げたが、現象の背後にあるメカニズムや因果の理解は不十分であり、これらを統合する数理モデリングによるアプローチが重要となる。

現在、フェイズフィールド法と呼ばれる数値計算手法を用いて、細胞性粘菌の集団運動を対象として多細胞モデリングを行なっている(図1左)。同時に、数千細胞のシミュレーションを可能にする理論的フレームワークも開発している(図1右)。

動的な生命現象の背後にどのようなメカニズムや因果が潜んでいるのか、どのように分子や細胞の集団から複雑で多様な運動が自己組織化してくるのか、これらを統合的に理解するには数理モデリングによるアプローチが重要となる。特定の遺伝子や分子に現象の原因を求めるのではなく、数理モデリングや機械学習解析を通して様々な生物種に共通する普遍的性質の理解を目指す。

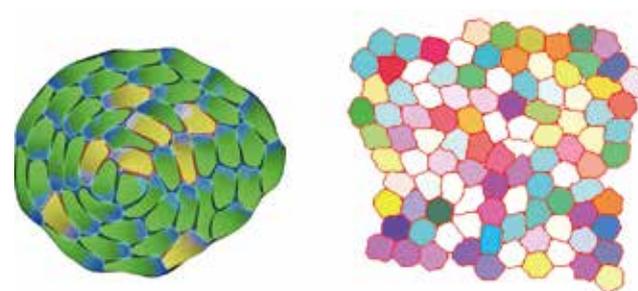


図1. 多細胞動態のシミュレーション  
多細胞フェイズフィールドシミュレーション(左)と細胞輪郭のフーリエ展開を基礎とした多細胞モデル(右)。

## 細胞内化学反応や分子ダイナミクスのモデリング

細胞内で起こる化学反応ではしばしば、反応に関与する分子の数が少数になることがありうる。こうした状況では分子の離散性・少数性に起因する確率性が無視できなくなり、従来の反応速度論的描像が破綻する。この少数性効果の基礎理論の構築や、キネシンによる協同的な微小管輸送現象への応用などを進めている。

### 参考文献

1. Yamagishi, J.F., Saito, N. and Kaneko, K. (2020). Advantage of Leakage of Essential Metabolites for Cells. *Phys. Rev. Lett.* 124, 048101.
2. Saito, N. and Kaneko, K. (2017). Embedding dual function into molecular motors through collective motion. *Sci. Rep.* 10, 44288.
3. Saito, N., Sughiyama, Y. and Kaneko, K. (2016). Motif Analysis for Small-Number Effects in Chemical Reaction Dynamics. *J. Chem. Phys.* 145, 094111.
4. Saito, N., Kaneko, K. (2015). Theoretical Analysis of Discreteness-Induced Transition in Autocatalytic Reaction Dynamics. *Phys. Rev. E* 91, 022707.

特任准教授(8月1日より)  
齊藤 稔



# オープンラボの整備

2019年より阿形所長のリーダーシップのもとに自然科学研究機構の支援を受けて、異分野の研究者が相互に学問的刺激を受けながら研究を進め学際的研究を行う環境整備を行っている。国際連携の強化や新たな生物学の創成、真にグローバル化された人材育成を目指している。

## オープンラボの基本コンセプト

1. 分野、国を超えた多様な研究者が集う、開放的な研究スペースを新たに設置
2. 実験・オフィス空間や資源（機器・装置・バイオリソース）を共有
3. 海外の若手PIの招聘による国際化推進と人材交流により、共同研究を推進
4. 国際的な人材育成
5. 知の共有と交換のための研究会などを開催



壁を取り払い、開放的なスペースを確保



運用を開始した第一オープンラボ



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、インスリン超族のペプチドで、脊椎動物で見出されていたリラキシン亜族と、類似性が高いことが分かった。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。

さらに、様々なヒトデの RNAseq 登録データの検索を行い、登録データの約半数から GSS ホモログを見出すことができ、まだ一部ではあるものの、種間を超えて作用が見られることも確認された。

次に、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、PCR 及び 5' / 3' -RACE により、相同性の高い mRNA を同定することができた。加えて、ヒトデと同様に RNAseq 登録データから、多数種のウニで、リラキシンホモログを見出すことができた。

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、ヒトデ及びウニで既に分化して存在していることが明らかとなった。

マナマコについては、神経抽出物中に存在することがわかってきた卵成熟誘起因子について、やはり精製を行い、そのア

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、ヒトデ、ウニ、ナマコ、クモヒトデ、ウミシダなどを対象として、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。

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<sup>-10</sup> ~ 10<sup>-9</sup>M 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。

一方、ニセクロナマコの放射神経抽出物中には、生殖腺刺激ホルモンとしての活性が認められ、かつ、マナマコのクビフリンとアミノ酸配列の全く等しいペプチドを産すると考えられる mRNA が確認されるものの、マナマコのクビフリンは、高濃度でもニセクロナマコには全く効果が見られない。このことより、ニセクロナマコの放射神経抽出物中には、クビフリンとは異なる生殖腺刺激ホルモンの存在が考えられた。

そこで、ニセクロナマコ放射神経抽出物中の生殖腺刺激ホルモンの精製を行い、リラキシン様ペプチドがホルモンとしてはたらいっていることを確かめる事ができた。

このリラキシン様ペプチドはマナマコを含む、様々なナマコで PCR 及び 5' / 3' -RACE により、その存在を確認することができつつあり、また RNAseq の登録データからも検索により多数のナマコでその存在を見出すことができた。

加えて、ナマコにおいても配列の相同性は高く、濃度を高くする必要はあるものの、やはり種を超えてその作用が見られることも確認された。(投稿準備中)

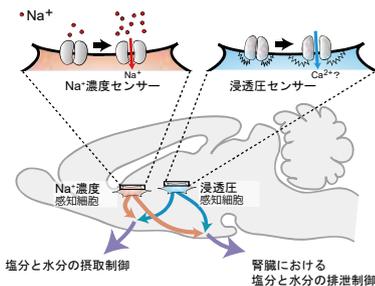
## 神経分泌ペプチドの網羅的解析

現在、ニホンクモヒトデ、トゲバネウミシダ、などの神経組織で、RNAseq を行い、リラキシン亜族を含む、インスリン超族ペプチドを網羅的に解析し、配列を取得、その配列に基づいて合成ペプチドでの生理活性の確認を準備中である。また、合わせて部分精製分画におけるリラキシンペプチドの存在を MS/MS 解析で検証準備中である。

助教  
大野 薫



# 体液恒常性維持の脳内機構 多様性生物学研究室 (作田)



体液情報を感知する2種類のセンサー

## 体液調節のための脳内センサー

体液（血液や脳脊髄液等の細胞外液）の $\text{Na}^+$ と水のバランスが崩れた時、例えば、長時間の脱水は体液中の $\text{Na}^+$ 濃度と浸透圧を上昇させる。この時私たちは、のどの渇きを覚え、ただちに水分摂取を行うとともに塩分摂取を抑制する。感覚性脳室周囲器官では $\text{Na}^+$ 濃度や浸透圧のセンサーをはじめ、体液成分のモニタリングに関わる分子が特異的に発現し、体液恒常性制御の根幹を担っていると考えられているが、その実体は長らく不明のままだった。我々の研究グループは、脳弓下器官及び終板脈管器官のグリア細胞に特異的に発現する $\text{Na}$ チャンネル分子、 $\text{Na}_x$ が $\text{Na}^+$ 濃度センサーであり、その情報が塩分摂取行動制御を担っていることを一連の研究を通して明らかにしてきた。最近、 $\text{Na}_x$ が飲水行動制御をも担う $\text{Na}^+$ 濃度センサーであり、その情報はエポキシエイコサトリエン酸を介して下流の $\text{TRPV4}$ へと伝えられることを明らかにした（図1）。さらにこの研究から飲水行動全体を説明するには、 $\text{Na}_x$ だけではなく、未知の $\text{Na}^+$ 濃度センサーや浸透圧センサーからのシグナルが必要であることがわかっている。現在、この未知の $\text{Na}^+$ 濃度センサーや浸透圧センサーの分子実体を明らかにし、飲水行動制御のための脳内機構の解明を目指し研究を進めている。

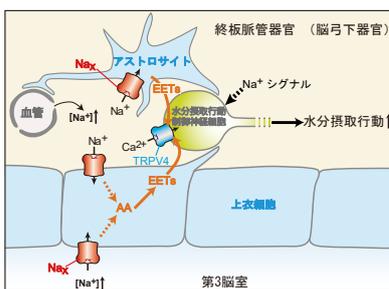


図1. 飲水行動惹起のシグナル機構  
AA, アラキドン酸; EETs, エポキシエイコサトリエン酸。

体液の浸透圧を一定に保つことは生命を維持するために必須であり、そのため体液中の主要な電解質である $\text{Na}^+$ 濃度は一定に保たれている（体液恒常性）。体液中の $\text{Na}^+$ 濃度や浸透圧の変動は、脳内の感覚性脳室周囲器官（脳弓下器官や終板脈管器官）と呼ばれる特殊な領域において、それぞれ独立にモニターされていると考えられている。我々は、体液状態の脳内検知機構や体液状態の変動に対応した行動制御機構を探求している。また網膜神経節細胞サブタイプの分化についての研究も行っている。

## 網膜神経節細胞サブタイプ

網膜神経節細胞は20種類以上の機能的サブタイプに分類される。これまでサブタイプの分子マーカーがなかったため、これらの運命決定についてはほとんど知見がなかった。我々は、領域特異的投射の分子機構に関する研究の過程で、網膜神経節細胞サブタイプの1つである上向き（upward）の光の動きに反応する方向選択性網膜神経節細胞特異的に発現する分子SPIG1を見出した。さらにSPIG1-GFPノックインマウスと副視覚系内側核への逆行性トレーサーラベルを組み合わせることにより、上向きばかりでなく下向き（downward）の光の動きに反応する方向選択性神経節細胞も可視化することに成功した。この成果を足がかりに網膜神経節細胞サブタイプの運命決定機構を明らかにすべく研究を進めている。

### 参考文献

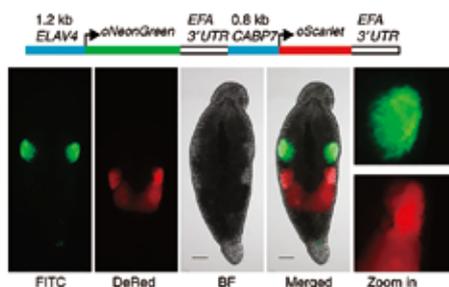
- Nomura, K., Hiyama, T.Y., Sakuta, H., Matsuda, T., Lin, C.-H., Kobayashi, K., Kobayashi, K., Kuwaki, T., Takahashi, K., Matsui, S., and Noda, M. (2019).  $[\text{Na}^+]$  increases in body fluids sensed by central  $\text{Na}_x$  induce sympathetically mediated blood pressure elevations via  $\text{H}^+$ -dependent activation of ASIC1a. *Neuron* 101, 60-75.
- Sakuta, H., Nishihara, E., Hiyama, T.Y., Lin, C.-H., and Noda, M. (2016).  $\text{Na}_x$  signaling evoked by an increase in  $[\text{Na}^+]$  in CSF induces water intake via EET-mediated  $\text{TRPV4}$  activation. *Am. J. Physiol. Regul. Integr. Comp. Physiol.* 311, R299-R306.
- Noda, M., and Sakuta, H. (2013). Central regulation of body-fluid homeostasis. *Trends Neurosci.* 36, 661-673.
- Yonehara, K., Ishikane, H., Sakuta, H., Shintani, T., Nakamura-Yonehara, K., Kamiji, N.L., Usui, S., and Noda, M. (2009). Identification of retinal ganglion cells and their projections involved in central transmission of information about upward and downward image motion. *PLoS ONE* 4, e4320.
- Yonehara, K., Shintani, T., Suzuki, R., Sakuta, H., Takeuchi, Y., Nakamura-Yonehara, K., and Noda, M. (2008). Expression of SPIG1 reveals development of a retinal ganglion cell subtype projecting to the medial terminal nucleus in the mouse. *PLoS ONE* 3, e1533.

助教  
作田 拓



技術支援員  
小玉 明子

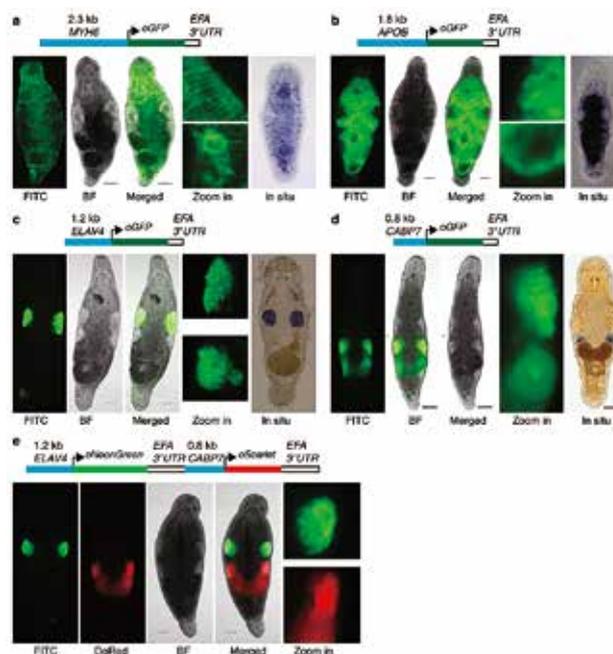




Regeneration is the process of restoring lost or damaged tissues and organs. Flatworms have long been considered as model organisms for studying regeneration – some species of planarian flatworms can even restore all body parts from small pieces. In my research I am using the new powerful flatworm model organism, *Macrostomum lignano*, to study how stem cells differentiate into various cell types during regeneration and how body patterning is established. The main advantage of *M. lignano* is the availability of transgenesis methods which I have developed during my PhD. It enables tracking specific cells and their progenitors during development and regeneration.

## Positional control of regeneration in flatworms

Flatworms have remarkable regeneration capabilities, they are able to regrow their whole body after amputation, including the reproductive organs. They can do this thanks to a population of adult stem cells, collectively called neoblasts. One of the fascinating aspects of flatworm regeneration is the positional control of the process along the anterior-posterior axis (head-tail). How cells know where specific body parts need to be reconstructed is a question that still lacks a full answer. Our current state of knowledge is that Wnt pathway and the mitogen-activated protein kinase (MAPK)/ extracellular signal-related kinase (ERK) signaling play major role in this process. However, most of the research done in the flatworms is based on information inferred from experiments on gene knock-down via RNA interference (RNAi). Gene activation and overexpression studies are absent in planarians – the more common flatworm model organisms – because of the lack in transgenic methods available for these animals. I am using *Macrostomum lignano*, an alternative flatworm model, to test the function of genes shown to be involved in the positional control during growth and regeneration. *M. lignano* is a free-living flatworm capable of regenerating its whole body as long as the brain region remains uninjured. During my PhD I have established a robust transgenesis protocol for this worm, based on the microinjection of single cell eggs, making it the only regenerating flatworm with this technique available, and an ideal candidate to answer the biological questions regarding positional control of regeneration.



## 参考文献

1. Wudarski, Jakub., Simanov, Daniil., Ustyantsev, Kirill., De Mulder, Katrien., Grelling, Margriet., Grudniewska, Magda., Beltman, Frank., Glazenburg, Lisa., Demircan, Turan., Wunderer, Julia., Qi, Weihong., Vizoso, Dita. B., Weissert, Philipp. M., Olivieri, Daniel., Mouton, Stijn., Guryev, Victor., Aboobaker, Aziz., Schärer, Lukas., Ladurner, Peter., & Berezikov, Eugene. (2017). Efficient transgenesis and annotated genome sequence of the regenerative flatworm model *Macrostomum lignano*. *Nat. Commun.* 8, 2120.

特任助教 (8月1日より)  
Jakub Wudarski



ほとんどの生き物の生活は光によって支配される。太陽光は、光合成や概日時計の制御を含む、様々な生命現象における重要な調節因子として作用している。一方、月の光は、多くの海洋動物の配偶子の同調した放出に重要な役割を果たしている。サンゴやイソギンチャクを含む刺胞動物は、生態学的に非常に重要な水生動物群の基部に分類され、特にサンゴ礁は最も生物多様性に富んだ海洋生態系である。サンゴ礁の生産性は、サンゴ礁を構成するサンゴと光合成を行う共生藻類との機能的な共生に依存しており、貧栄養環境下では共生藻類から宿主のサンゴに炭素固定の供給源となる栄養分を供給する。

本共同研究では、共生性の刺胞動物の光感知の分子機構を解明し、その光感知が刺胞動物の環境適応において、どのように利用されているのかを明らかにすることを目指している。サンゴのモデルとして、ゲノム情報の整備が進みつつあるセイタカイソギンチャク (*Exaiptasia diaphana*) を使用し、進化的に保存されている光受容体のオプシンに着目して、その光感知機構の研究を推進する。また、セイタカイソギンチャクでのゲノム編集技術を利用した遺伝子機能解析手法、または遺伝子サイレンシング技術を確認し、オプシンによる光応答機構の解明を目指す。このように、共生性の刺胞動物がどのように光を感知して有性生殖と行動を同期させるのかを理解することで、その進化と生態についての重要な知見を得ることができ、世界中のサンゴ礁生態系を脅かす気候変動によるサンゴの衰退に立ち向かうための必要な知見を得ることができる。

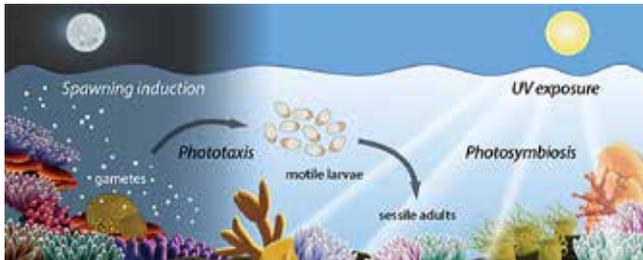


Figure 1: Life of corals is dominated by light. (OPTIONAL: Moonlight is used to synchronize gamete release. Motile larvae use light cues to find a suitable location to settle down and start a sessile lifestyle. Sunlight powers the photosynthesis of the corals' symbionts which provide essential nutrients to their hosts. At the same time, corals need to protect themselves from high UV radiation.) In this project, we will analyze the molecular mechanisms of light-perception in corals to better understand how they adapt to their light-dominated environments.

Light dominates the life of most organisms. Sunlight acts as a key regulator for various functions including photosynthesis and circadian clock control. Moonlight is important for synchronous gamete release in many marine animals. Cnidarians, including corals and anemones are basal, aquatic animals with immense ecological importance. Notably coral reefs are the most biodiverse marine ecosystems. Their productivity depends on a functional symbiosis between reef-building corals and photosynthetic dinoflagellates of the Symbiodiniaceae family, which transfer nutrients to their coral host providing a source of fixed carbon in oligotrophic environments.

In this COS-NIBB joint project, we aim to dissect key molecular mechanisms underlying light sensing in symbiotic cnidarians and how it is used to adapt to the environment. We are using the sea anemone, *Aiptasia* sp. (*Exaiptasia diaphana*) as a model for corals and conduct research to reveal the molecular mechanisms of light sensing focusing on the evolutionary conserved photoreceptor "opsin". In addition, we will establish a method of gene function analysis using genome editing technology or gene silencing techniques in the sea anemone aiming to elucidate the mechanisms of light response by opsin. Understanding how symbiotic cnidarians perceive light to synchronize sexual reproduction and behavior will provide key insights into its evolution and ecology, a prerequisite to combat the decline of corals through climate change which threatens reef ecosystems worldwide.

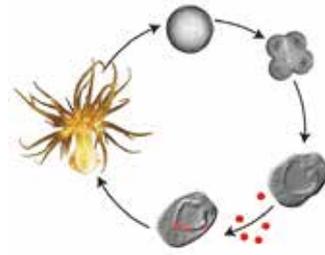


Figure 2: *Aiptasia* is tropical marine sea anemone that we use as a model for corals. *Aiptasia* recapitulates essential light-driven mechanisms including moon-light induced spawning, phototaxis of motile larvae and photosymbiosis with photosynthetic dinoflagellates (depicted in red).

### 参考文献 References

Gornik, S.G., Bergheim, G., Morel, B., Stamatakis, A., Foulkes, N.S., and Guse, A. (2020). Photoreceptor diversification accompanies the evolution of Anthozoa. *Mol. Biol. Evol.*, *in press*.

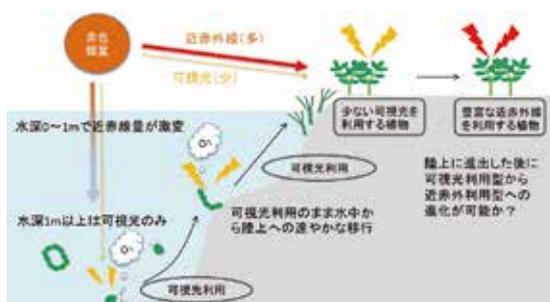
訪問教授  
Annika Guse  
(COS Heidelberg, Germany)



博士研究員  
岸本 真理子  
(新規モデル生物開発センター)



# 地球と地球外の光合成 アストロバイオロジー (滝澤グループ)



生命は地球以外の惑星にも存在するのだろうか？太陽系外惑星の相次ぐ発見により、この問いかけは科学的に検証可能になりつつある。太陽系近傍の系外惑星に地球と同じような“植物”が存在するとすれば、大気中の酸素の透過光スペクトルや植生特有の反射光スペクトルを次世代超大型望遠鏡により観測することができる。太陽と異なり、可視光より赤外線を多く照射する赤色矮星のまわりや、陸地の少ない水惑星で進化する場合の光合成生物の特性を推定し、期待される生物指標を予測する。

東京都三鷹市の国立天文台に併設しているアストロバイオロジーセンターでは地球近傍の赤色矮星周りに生命居住可能な(温暖で水が存在する)惑星を発見し、直接撮像により生命の痕跡を観測することを目標としている。基礎生物学研究所に拠点を置く生物部門では太陽系外惑星上で検出可能な生物指標を予測するためのカギとなる光合成の研究を進めている。

## 赤外線利用型光合成の検証

赤色矮星の周りの光環境を詳細に検討すると、地表では近赤外線が豊富な反面、水中に到達する光は可視光のみとなり、大きなギャップが存在する(図1)。最初の酸素発生型光合成生物が水中で誕生する場合、地球と同様に可視光を利用する可能性が高い。酸素濃度の上昇によりオゾン層が形成された後、陸上への進化が期待できるが、水陸境界領域では激しい光強度とスペクトルの変化に曝されるため、近赤外線利用型への進化は上陸後になると予想される。

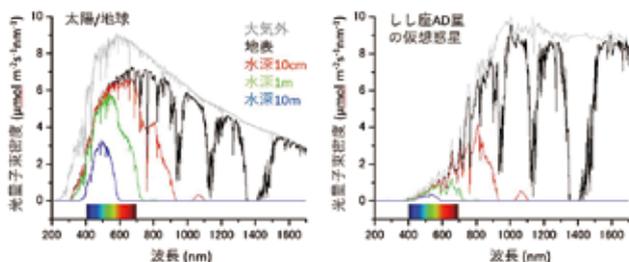


図1. 惑星表面と水中の光子束密度スペクトル  
地球(左)と仮想系外惑星(右)の光環境を比較。しし座AD星の生命居住可能領域に地球と同じ惑星が存在する場合を想定した。

## 植物形態の進化と光反射特性

可視光を吸収し赤外線を反射する植生由来の反射スペクトルは陸上植物の組織構造に由来する。水面に浮遊する「浮草」が水棲藻類から進化することが可能であれば、陸地の少ない

水惑星であっても植生の反射光を観測することが可能であるため、その可能性を探っている。

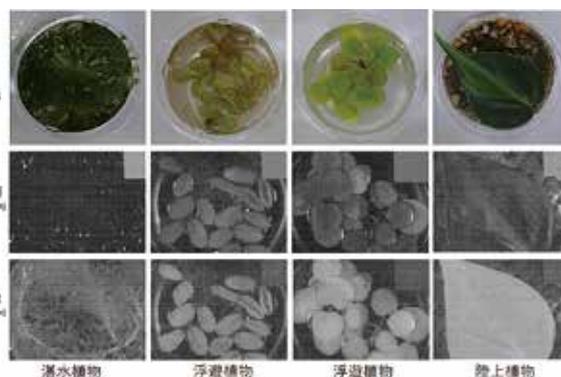


図2. 植物の形態と可視光・赤外線反射特性  
潜水性植物は近赤外線(NIR)の反射が小さいが、浮遊植物では陸上植物と同等の強い反射光の観測が期待できる。

## 野外光合成測定試験

太陽系外惑星での植物特性を検討する手がかりを得るため、様々な自然環境下で多様な植物の光合成反応測定を実施している。可視光より近赤外線が多い林床において、豊富な近赤外線は光合成の生産性向上には寄与しないが、変動光への適応のために利用されている。



図3. 野外測定用分光光度計(MultispeQ)による測定と解析例

## 参考文献

1. Takizawa, K., Minagawa, J., Tamura, M., Kusakabe, N., and Narita, N. (2017). Red-edge position of habitable exoplanets around M-dwarfs. Sci. Rep. 7, 7561.

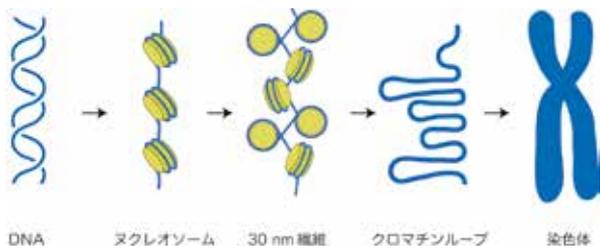
特任准教授  
滝澤 謙二

技術支援員  
石根 直美



自然科学研究機構  
アストロ  
バイオロジー  
センター

# 染色体構造と生物機能 アストロバイオロジー (定塚グループ)



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。我々はお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 repeat) 領域の分配に異常が観られた。さらに、rDNA repeat の長さがコンデンシン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が著しく上昇してコピー欠失が頻繁に起きている。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 リピートの中の特定の配列 (RFB) にコンデンシンが結合することを見出した。また遺伝学的手法により、コンデンシンと RFB が結合するために必要な 4 種のタンパク質を特定し、その結合機構と染色体構造形成における役割を研究している。

RFB をゲノムの任意の場所に挿入しても、そこにコンデンシンを結合することができる。すなわち複数の RFB を染色体上に並べると、そこにコンデンシンの結合を制御できることが分かった。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、分子レベルで謎の解明を目指している。

## 放射線やプラズマが細胞に与える影響

宇宙には生命にとって有害な高エネルギーの放射線が飛び交い、空間にある希薄なガスは電離したプラズマ状態になっている。放射線は DNA に重大な影響を及ぼすことが調べられてきているが、染色体が密に折り畳まれることにより、それに抗うことが出来るのだろうか？染色体構造を変化させた細胞を使って研究している。またプラズマが細胞にどのような影響を及ぼすのか？大気圧低温プラズマを用いることで、細胞にどのような影響を及ぼし、そこに関わる遺伝子の探索にも取り組んでいる。

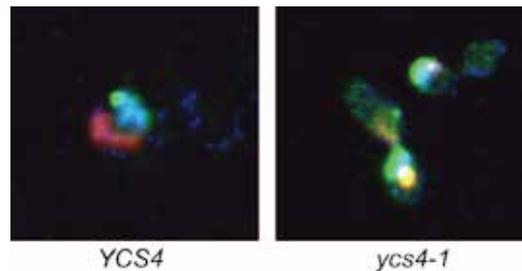


図 1. コンデンシン変異体における核小体への Rad52 局在  
分裂期 (metaphase) の細胞で核小体構成成分である Nop1 を mCherry, Rad52 を GFP で観察した。コンデンシン変異体 (ycs4-1) では Rad52 の緑のシグナルが核小体 (赤) に侵入して黄色くなっている様子が観える。

### 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

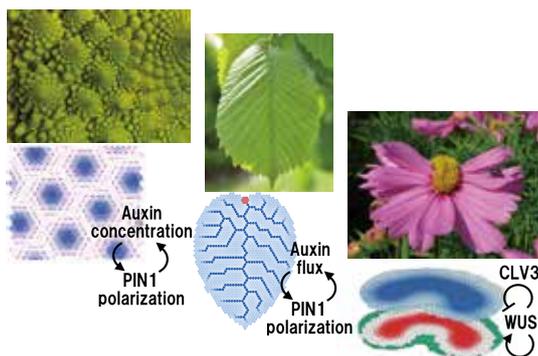
技術支援員  
石根 直美



自然科学研究機構  
アストロ  
バイオロジー  
センター



# 生命における秩序の創発 アストロバイオロジー (藤田グループ)

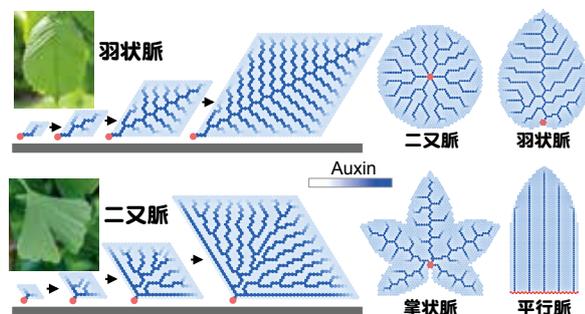


自然界は様々な時空間構造に満ちており、これらはすべて自己組織的な秩序創発により生み出されてきます。このことはとりわけ生物において顕著であり、生命は自己組織的な時空間パターンの宝庫です。この秩序創発は生命の誕生まで遡ることができ、生命はその誕生および複雑化の過程において、様々な秩序創発現象を順次取り込み進化してきたと言えます。本研究グループでは、このような生命における秩序創発現象を、主に植物を研究対象として、数理的手法を用いることにより理解することを目指しています。

## 生命における自己組織的パターン形成

生物は時として驚くほど美しく秩序だった空間構造を作り出すことがあります。その代表的な例として植物の葉序が挙げられます。葉序は茎の周りの葉の配置様式のこと、美しい幾何学的模様を生み出すことで有名です (上図左)。この規則的パターンは、植物ホルモン Auxin とその膜輸送体 PIN1 がお互いに制御し合うことにより自己組織的に形成されます (文献2、6)。

一方で、植物の葉に形成される維管束のことを葉脈と呼び、植物種に応じて多様なパターンをとることが広く知られています (上図中)。この葉脈パターンに関しても Auxin と PIN1 の相互制御が本質的に関わっていますが、興味深いことに葉序の場合とは全く異なる相互制御により形成されることが知られています (図1、文献5、6)。



られています (図2、文献4、6)。

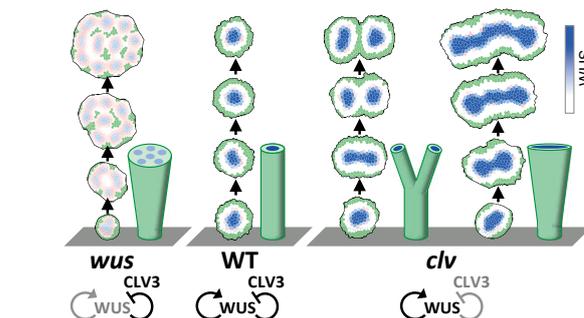


図2. 茎頂分裂組織 (SAM) パターンの形成・制御  
WUS と CLV3 の相互制御に基づいた数理モデルにより、多様な茎頂分裂組織 (SAM) の基本的パターンが再現できる (文献4)。

本研究室では、このような生命に見られる自己組織的な秩序の形成・制御機構を、数理的手法を用いることにより理解することを目指しています。

## 参考文献

- Fujita, H., Hayashi-Tsugane, M., and Kawaguchi, M. (2020). Spatial regulation of resource allocation in response to nutritional availability. *J. Theor. Biol.* 486, 110078.
- Fujita, H., and Kawaguchi, M. (2018). Spatial regularity control of phyllotaxis pattern generated by the mutual interaction between auxin and PIN1. *PLoS Comput. Biol.* 14, e1006065.
- Fujita, H., Aoki, S., and Kawaguchi, M. (2014). Evolutionary dynamics of nitrogen fixation in the Legume-Rhizobia symbiosis. *PLoS ONE* 9, e93670.
- Fujita, H., Toyokura, K., Okada, K., and Kawaguchi, M. (2011). Reaction-diffusion pattern in shoot apical meristem of plants. *PLoS ONE* 6, e18243.
- Fujita, H., and Mochizuki, A. (2006). The origin of the diversity of leaf venation pattern. *Dev. Dyn.* 235, 2710-2721.
- 藤田浩徳 (2016). 細胞間シグナル分子を介した形態形成のコンピュータモデリングー植物における自己組織的パターン形成. *生物の科学 遺伝* 70, 371-376.
- 藤田浩徳、青木誠志郎、川口正代司 (2015). 根粒共生系の進化ダイナミクス. *細胞工学別冊 進化の謎をゲノムで解く* 146-155.

## 図1. 葉脈パターンの形成・制御

Auxin と PIN1 の相互制御に基づいた数理モデルにより、多様な葉脈パターンが再現できる (文献5)。

また、植物の地上部組織は、茎の先端にある分裂組織 (SAM) によりすべて生み出されてきます。従って、植物の地上部の構造・体制を考える上で、SAM は極めて重要な器官です (上図右)。SAM の制御においては、転写制御因子 WUS と拡散性ペプチド CLV3 との相互制御が重要であることが知ら

助教  
藤田 浩徳

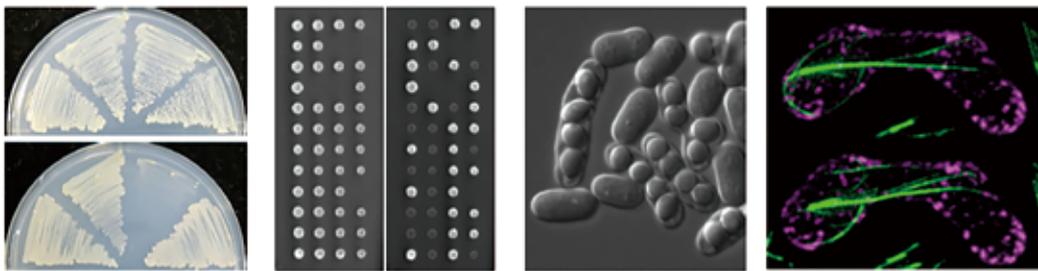
技術支援員  
石根 直美  
江川 あかね



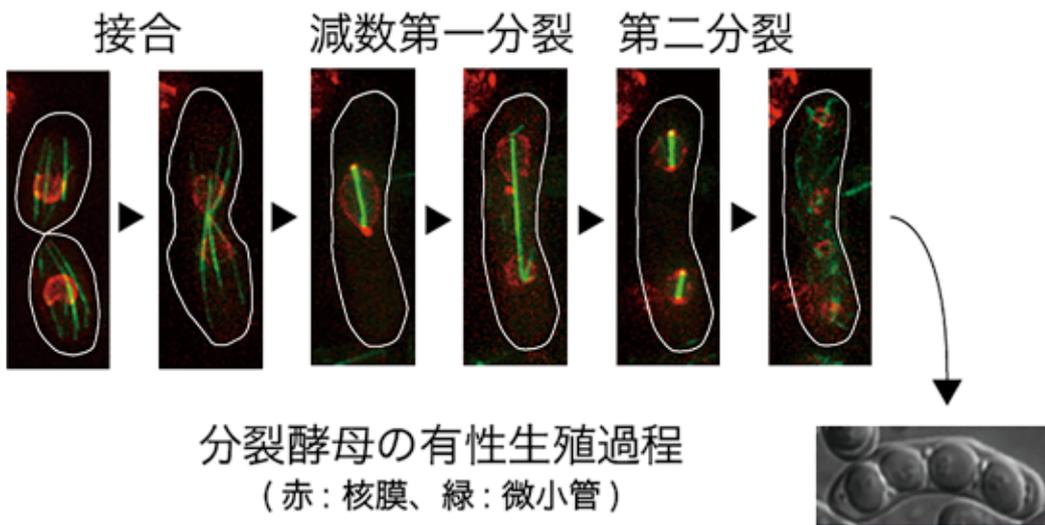
自然科学研究機構  
アストロ  
バイオロジー  
センター

# 細胞の環境応答機構

細胞は、自分の周囲にある栄養素やホルモンの量をはじめ、温度や圧力なども感知して、どのような活動を行うかを決定する。卵子や精子を生み出す細胞である生殖細胞は、周囲の条件に応答して、染色体の数を半減させる特殊な細胞分裂である減数分裂を開始する。本研究室では減数分裂を行う最も単純な生物である分裂酵母を用いて、細胞が周囲の状況に応じて二分裂で増え続ける状態から減数分裂へと活動を切り替える仕組みを調べている。本研究室ではまた、生体に様々な影響を与えることが知られている低温大気圧プラズマの作用機序を細胞レベルで明らかにすることを目指し、分裂酵母を用いた基礎生物学的な解析を行っている。



分裂酵母 *Schizosaccharomyces pombe*



## Members

特任准教授  
山下 朗

特任助教  
大坪 瑤子

技術支援員  
中出 敦子

### 細胞の環境応答機構

全ての細胞は、外界からの刺激を感受し、細胞内で情報処理を行い、分化や増殖といった選択肢を選びとって生存している。細胞が環境の変化に適切に応答する機構は、生物にとって最も基本的かつ欠かすことのできないものであり、我々ヒトを含む生物個体が正常に発生し、維持される上で欠かせないものである。本研究室では、分裂酵母 *Schizosaccharomyces pombe* が栄養源飢餓に応答して行う減数分裂をモデル系として、細胞の環境応答機構を分子レベルで記載することを目標としている。また、新規の環境ストレスとして低温大気圧プラズマを用いて、新たな細胞応答機構の探索を進めている。

### 分裂酵母の有性生殖

分裂酵母は栄養源が豊富な状態では、一倍体で体細胞分裂を行い増殖する。培地中の栄養源が枯渇してくると、分裂酵母は有性生殖過程へと移行する。二つの一倍体細胞が接合して二倍体となり、引き続いて減数分裂を行い、最終的に配偶子に相当する孢子を形成して、環境の回復を待つ。シンプルな生物である分裂酵母の有性生殖過程を研究することで、種を超えて保存されている、細胞が栄養源を認識する仕組みや、配偶子形成の根幹をなす減数分裂の分子機構に迫ることができると期待される。

### TOR キナーゼによる栄養源の認識

真核生物で保存されたTORキナーゼ (Target of Rapamycin) は、外界の状況を細胞内に伝えて増殖を制御する経路において中心的な役割を果たしており、様々な疾患との関わりからも注目を集めている。分裂酵母は、他の生物種と同様に、二つのタイプのTOR複合体を有している。興味深いことに、Tor2 キナーゼを含むTOR複合体1 (TORC1) は有性生殖の開始に対して負に、Tor1 キナーゼを含むTORC2 は正に働いている (図1)。当研究室では、

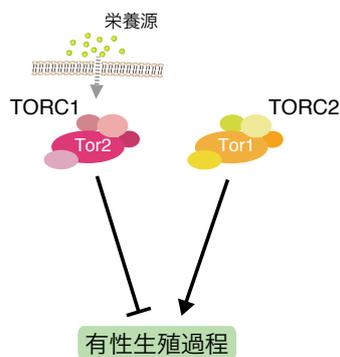


図1. 有性生殖の開始を制御する二つのTOR複合体  
有性生殖の開始に対してTOR複合体1 (TORC1) は負に、TOR複合体2 (TORC2) は正に作用する。

分裂酵母細胞が、栄養状態をTOR経路を介して伝達し、有性生殖を開始する仕組みの解明に取り組んでいる。

### 減数分裂期の遺伝子発現制御

細胞は、遺伝子発現を切り替えることで、環境の変化に応答して、様々な機能を獲得していく。分裂酵母においても、減数分裂期に入ると、数多くの遺伝子の発現が上昇することが知られている。我々の研究によって、減数分裂期の遺伝子発現の上昇に、転写産物の時期特異的な分解制御が大きく寄与していることが明らかとなってきた (図2)。当研究室では、減数分裂遺伝子の発現制御に欠かせないRNA結合タンパク質と非コードRNAの機能解析を進めることで、遺伝子発現制御系の新たな仕組みを解き明かすことを目指している。

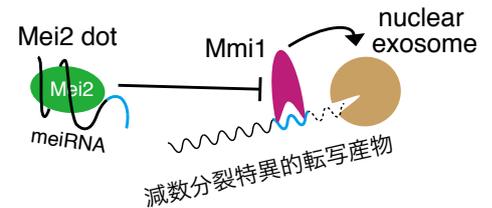


図2. 減数分裂転写産物の選択的除去  
体細胞分裂期に、一群の減数分裂特異的な転写産物は、RNA結合タンパク質Mmi1により認識されて核エクソソームによる選択的な分解を受ける。減数分裂期には、Mmi1がMei2 dotにより阻害され、転写産物は分解されない。

### 低温大気圧プラズマに対する細胞応答

近年、気体がエネルギーを与えられてイオン化した状態となったプラズマを低温大気圧下で発生させることが可能となった。生体にプラズマ照射を行うことで様々な影響が出ることが知られており、プラズマの医療や農業への応用が期待されている。しかしプラズマが生体に作用する仕組みは明らかにされていない。本研究室では分裂酵母を用いて、低温大気圧プラズマが細胞に与える影響の全貌を解明することを目指している。同時に、プラズマを用いた新たな実験手法の開発に取り組んでいる。

#### 参考文献

- Shichino, Y., Otsubo, Y., Yamamoto, M. and Yamashita, A. (2020). Meiotic gene silencing complex MTREC/NURS recruits the nuclear exosome to YTH-RNA-binding protein Mmi1. *Plos Genetics* 16, e1008598.
- Otsubo, Y., Matsuo, T., Nishimura, A., Yamamoto, M. and Yamashita, A. (2018). tRNA production links nutrient conditions to the onset of sexual differentiation through the TORC1 pathway. *EMBO Reports* 19, e44867.
- Shichino, Y., Otsubo, Y., Kimori, Y., Yamamoto, M. and Yamashita, A. (2018). YTH-RNA-binding protein prevents deleterious expression of meiotic proteins by tethering their mRNAs to nuclear foci. *eLife* 7, e32155.

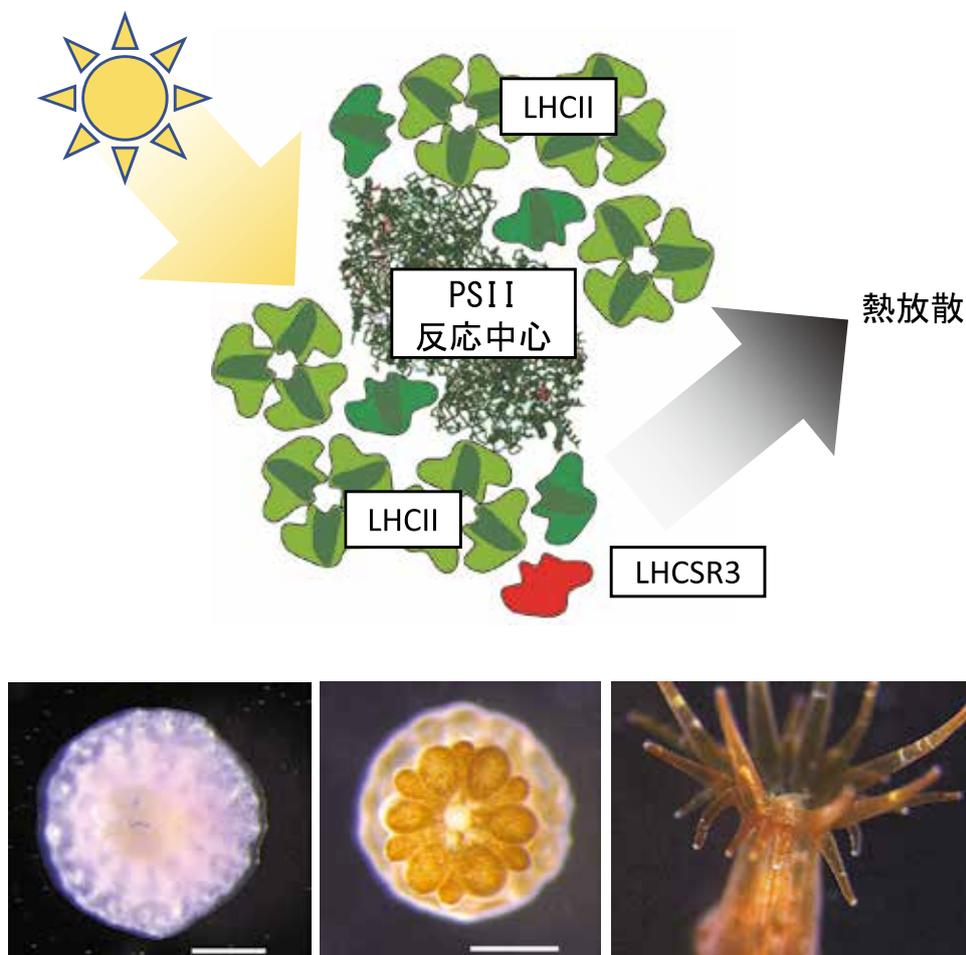
特任准教授  
山下 朗

特任助教  
大坪 瑤子



# 植物が光を集める仕組みを探る

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、単細胞緑藻クラミドモナスを中心としたモデル藻類を用いて、生化学、分子遺伝学、分光学的手法、ライブイメージングなどを駆使し、光合成に利用する光を効率よく集めるしくみや、余分に吸収された光エネルギーを安全に消去するしくみの研究を行っている。また、得られた基礎的知見をもとに、サンゴ礁生態系の主な生産者であるサンゴ共生藻（褐虫藻）が、どのように環境に適応し、それにより共生や生態系がどのように維持されているかを理解するための研究も行っている。



## Members

教授  
皆川 純

准教授  
高橋 俊一  
(1月31日まで)

助教  
得津 隆太郎

助教  
Eunchul Kim  
(2月1日より)

技術課技術職員  
野田 千代

特別訪問研究員  
(名古屋大学特任助教)  
Eunchul Kim  
(1月31日まで)

博士研究員  
鎌田 このみ  
佐藤 諒一  
石井 麻子

総合研究大学院大学  
大学院生  
岸本 真理子  
岡島 圭佑  
渡邊 顕正  
谷中 綾子

技術支援員  
米沢 晴美  
門脇 たまか  
横山 美智子

事務支援員  
外山 麻実

過剰に吸収された光エネルギーを安全に消去する機構 (上)

クラミドモナスの光化学系 II に LHCSR3 が結合すると、アンテナ (LHCII) に吸収された光エネルギーが PSII 反応中心に移動する前に消去される。これは、熱放散と呼ばれ、強光下での光合成装置の保護に役立っている。

サンゴの幼ポリプ：褐虫藻を共生させる前 (下左) と共生させた後 (下中央)

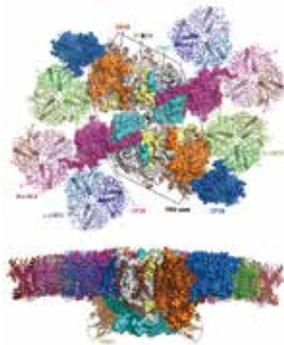
サンゴは褐虫藻を細胞内に共生させ、その光合成産物を利用する。多くのサンゴ種は、環境から褐虫藻を取り込み共生をスタートさせる。この共生が破綻した状態が環境問題として知られる“白化”である。

褐虫藻との共生体として注目されるセイタカイソギンチャク (下右)

育てやすく、褐虫藻の出し入れが可能なセイタカイソギンチャクは、動物-植物共生系のモデルとして注目されている。触手の内部には、共生している褐虫藻細胞を“つぶ”状に見ることができる。

## 光合成装置の環境適応

植物は環境やその変化に応じて光合成装置を変化させ、光合成を最適化する。その最も顕著な変化は、光を集める“アンテナ”LHC にみられる。本研究部門では、LHC に注目し、光環境適応メカニズムの分子レベルでの解明をめざしている。単細胞緑藻であるクラミドモナスをモデルに、生化学解析、物理学解析、遺伝学解析を組み合わせ、先進的な研究を進めている。最近では、光合成にとって強すぎる光エネルギーを消去する熱放散機構“q E クエンチング”に注目し、その分子機構の解明を進めている。私たちは、(1) q E クエンチングは、光化学系 II 超複合体に結合した LHCSR タンパク質によるエネルギー散逸に起因すること、(2) LHCSR タンパク質の発現が様々な色の光受容に起因すること、そし



**図 1. 光化学系 II 超複合体の立体構造**  
緑藻クラミドモナスから光化学系 II-集光装置超複合体を精製し、クライオ電子顕微鏡画像取得およびコンピュータ画像処理により立体構造を解明した。超複合体は光化学系 II 二量体 (通称 Core 粒子、C<sub>2</sub>) の両側に三量体集光装置 S-LHCII、M-LHCII、L-LHCII がそれぞれ 1 つずつ結合している分子量 166 万の構造であり (C<sub>2</sub>S<sub>2</sub>M<sub>2</sub>L<sub>2</sub> 構造)、解像度 3.4Å で決定した。C<sub>2</sub>S<sub>2</sub>M<sub>2</sub>L<sub>2</sub> 構造には 370 分子という多数のクロロフィルが結合し集光のために働いている。

てその細胞内シグナル伝達経路を世界に先駆けて明らかにしてきた。近年は、クライオ電子顕微鏡を利用した光化学系 II 超複合体の高解像度構造解析を足がかりとして、q E クエンチングの仕組みを原子・分子レベルで解明しようと試みている。

## サンゴ礁を支える褐虫藻の光合成

サンゴ礁には、生物多様性に富んだ生態系が築かれている。この生態系の主な生産者は、サンゴに共生する褐虫藻である。そのため、褐虫藻の光合成で生み出されるエネルギー (糖) は、サンゴ礁に生息する生物全体の生活を支えている。近年、海水温の上昇によるサンゴの白化が世界規模で頻繁に起こっており、それによるサンゴ礁の減少が懸念されている。本研究部門では、(1) 単離培養された褐虫藻やイソギンチャク (サンゴと同様に褐虫藻を共生させる) をモデルに、高温ストレスによる白化機構やその感受性機構の解明、(2) 共生機構の解明、(3) 褐虫藻の獲得機構の解明、(4) 褐虫藻の形質転換法の確立を試みている。



**図 2. サンゴの緑色蛍光**  
本研究室の研究により、サンゴの緑色蛍光が海水中を遊泳する褐虫藻の誘引に働くことが明らかとなった。サンゴの緑色蛍光が共生成立の重要な働きをしていると考えられる。

### 参考文献

- Sheng, X., Watanabe, A., Li, A., Kim, E., Song, C., Murata, K., Song, D., Minagawa, J., and Liu, Z. (2019). Structural insight into light harvesting for photosystem II in green algae. *Nat Plants* 5, 1320-1330.
- Tokutsu, R., Fujimura-Kamada, K., Matsuo, T., Yamasaki, T., and Minagawa, J. (2019). The CONSTANS flowering complex controls the protective response of photosynthesis in the green alga *Chlamydomonas*. *Nat Commun* 10, 4099.
- Aihara, Y., Maruyama, S., Baird, A.H., Iguchi, A., Takahashi, S., and Minagawa, J. (2019). Green fluorescence from cnidarian hosts attracts symbiotic algae. *Proc Natl Acad Sci U S A* 116, 2118-2123.
- Aihara, Y., Fujimura-Kamada, K., Yamasaki, T., and Minagawa, J. (2019). Algal photoprotection is regulated by the E3 ligase CUL4-DDB1<sup>DET1</sup>. *Nat Plants* 5, 34-40.
- Kosuge, K., Tokutsu, R., Kim, E., Akimoto, S., Yokono, M., Ueno, Y., and Minagawa, J. (2018). LHCSR1-dependent fluorescence quenching is mediated by excitation energy transfer from LHCII to photosystem I in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Proc Natl Acad Sci U S A* 115, 3722-3727.
- Petroutsos, D., Tokutsu, R., Maruyama, S., Flori, S., Greiner, A., Magneschi, L., Cusant, L., Kottke, T., Mittag, M., Hegemann, P., Finazzi, G., Minagawa, J. (2016). A blue light photoreceptor mediates the feedback regulation of photosynthesis. *Nature* 537, 563-566.
- Nagy, G., Ünnepp, R., Zsiros, O., Tokutsu, R., Takizawa, K., Porcar, L., Moyet, L., Petroutsos, D., Garab, G., Finazzi, G., and Minagawa, J. (2014). Chloroplast remodeling during state transitions in *Chlamydomonas reinhardtii* as revealed by non-invasive techniques in vivo. *Proc Natl Acad Sci U S A* 111, 5042-5047.
- Iwai, M., Takizawa, K., Tokutsu, R., Okamoto, A., Takahashi, Y., Minagawa, J. (2010). Isolation of the elusive supercomplex driving cyclic electron transfer in photosynthesis. *Nature* 464, 1210-1213.
- 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 U S A* 107, 2337-2342.
- Takahashi, S., Whitney, S.M., and Badger, M.R. (2009). Different thermal sensitivity of the repair of photodamaged photosynthetic machinery in cultured *Symbiodinium* species. *Proc Natl Acad Sci U S A* 106, 3237-3242.

教授  
皆川 純



准教授  
高橋 俊一



助教  
得津 隆太郎

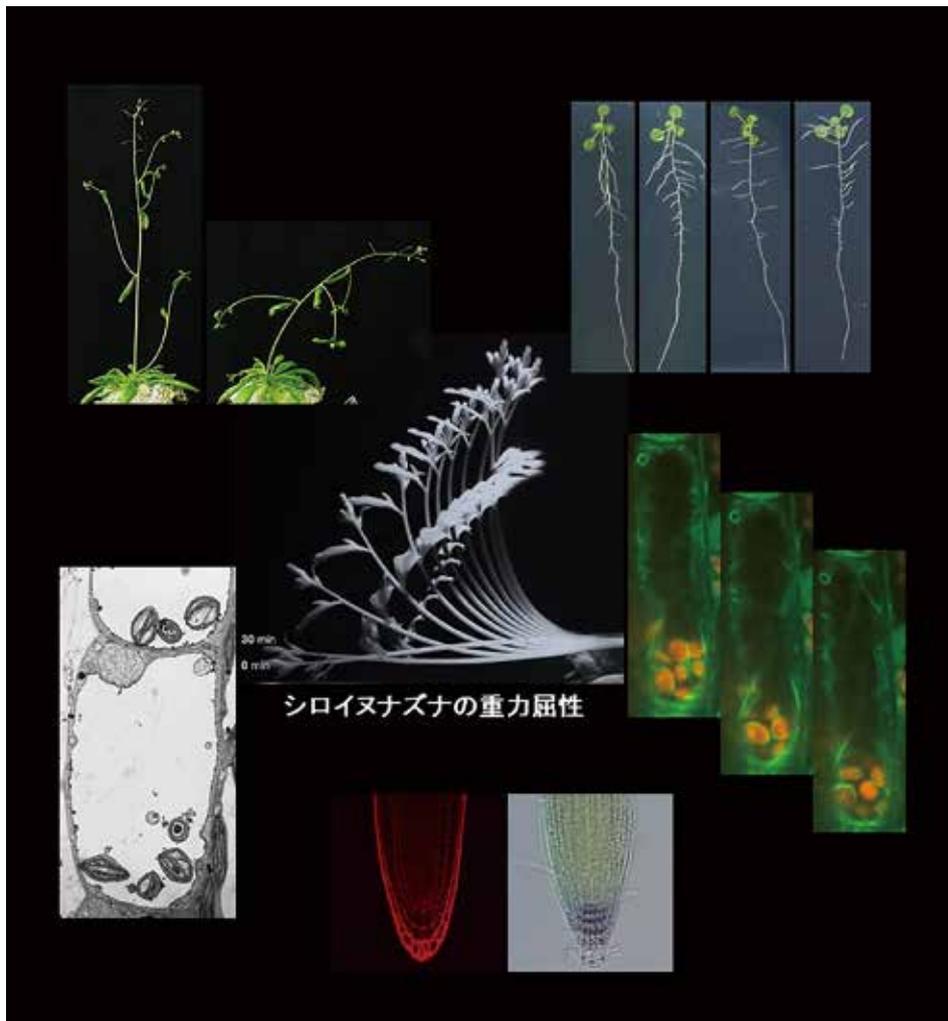


助教  
Eunchul Kim



# 植物が重力に応答する仕組みの解明

芽生えた場所で一生を過ごす植物は、重力、光、水分勾配などの外的環境を認識し、より効率的にリソースを獲得出来るように成長方向を調節しています。このような植物の応答は屈性と呼ばれています。私たちは、シロイヌナズナの重力屈性について、遺伝学、細胞生物学、分子生物学など様々な角度から研究を行っています。細胞が重力方向をどのように認識し、生化学的情報に変換するか、またその情報をどのように細胞から器官全体に伝達するかなど、植物の巧妙な重力方向の認識と成長制御のメカニズムを理解することを目指しています。



## Member

- 教授  
森田（寺尾）美代
- 助教  
西村 岳志  
四方 明格
- 特任助教  
川本 望
- 特別共同利用研究員  
森 祥伍  
(名古屋大学)
- 特任専門員  
高瀬 わかな
- 技術支援員  
相馬 誉里子  
濱田 真也子  
三芳 規久美  
山田 由佳
- 事務支援員  
小島 洋子

シロイヌナズナの重力屈曲と重力屈曲変異体。重力方向の認識に平衡石として働くと考えられているアミロプラスト。

## 植物の重力屈性とは

植物は重力方向を認識して、茎は上向き（重力方向とは逆向き）に、根は下向き（重力方向の向き）に成長する。重力方向は重力感受細胞内に存在するデンプン粒を蓄積したアミロプラストが重力方向に移動することで感受される。その情報は細胞内シグナル伝達過程（重力シグナリング）を経て、植物ホルモンであるオーキシンの方向性を持った細胞間輸送へと変換されると考えられている。オーキシンは器官内で不均等に分配され、最終的には認識した重力方向をもとに個体としての成長方向を変化させる。現在、私たちは重力感受と重力シグナリングに着目して、分子遺伝学、細胞内イメージング、分子生物学的解析等を組み合わせた多角的なアプローチにより、重力屈性の分子機構の解明を目指している。

## アミロプラストの沈降に伴う細胞内動態

重力方向を感受する細胞である花茎の内皮細胞や根端のコルメラ細胞には、アミロプラストが存在している。アミロプラストが重力方向に移動することが重力方向の認識に関わり、液胞膜や細胞骨格の動態が適切に制御されることが、アミロプラストの重力方向への移動に重要である。私たちは、垂直ステージ共焦点顕微鏡を独自に構築し、重力方向の変化に伴う重力感受細胞のオルガネラやタンパク質動態を詳細に観察することで、重力感受メカニズムに迫ろうとしている。



図1. 垂直ステージ共焦点レーザー顕微鏡で観察した内皮細胞顕微鏡が横倒しになっているので重力方向を維持したまま細胞内を観察することができる（左図）。赤色で示したのは重力方向に移動したアミロプラストで、緑色で示したのは液胞膜とアクチン繊維（右図）。

## 重力シグナリングの分子機構

重力方向へ移動したアミロプラストの位置情報が、どのようにオーキシン細胞間輸送制御へとつながるのかについては、未だに不明な点が多い。近年、私たちは重力感受細胞に着目したトランスクリプトーム解析から、花茎、胚軸、根全ての重力応答器官において、重力シグナリングに関与するLZY 遺伝子ファミリーの同定に成功した。

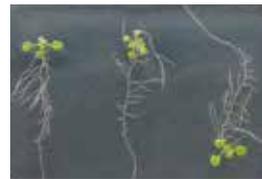


図2. シロイヌナズナの根の伸長方向の決定  
野生型（左の植物）に比べ、*lzy* 多重変異体（中央・右の植物）では根の伸長方向に異常が見られる。下が重力方向。

根や側枝の伸長方向は、この遺伝子ファミリーの発現量に依存して決定されるらしい（図2）。さらに、根端のコルメラ細胞では、アミロプラストの重力方向への移動に続いて、LZY 蛋白質の一つがその相互作用因子と共に、重力方向側の細胞膜に見出される事を明らかにしている（図3）。現在、これらの機能解析をさらに進め、重力シグナリングと根や側枝の伸長方向決定の分子機構の解明を目指している。

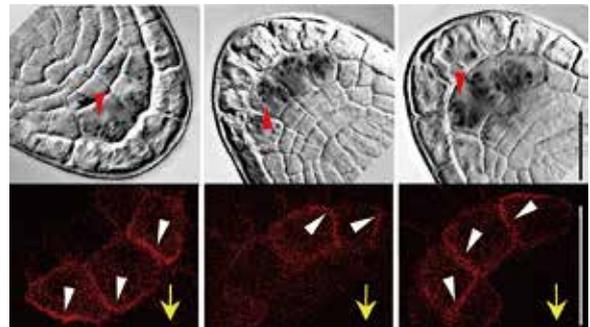


図3. 重力方向の変化に伴う LZYZ 蛋白質の細胞内局在の変化  
左から重力方向変化前、変化後 5 分及び 60 分の状態。下が重力方向。シロイヌナズナ側根のコルメラ細胞内において、重力方向側の細胞膜に見出されていた LZYZ 蛋白質（下段、赤色）が、重力方向変化後も重力方向側の細胞膜に見出される（白の矢尻で示した）。赤の矢尻はコルメラ細胞内のアミロプラストを示している。

## 参考文献

1. Furutani, M., Hirano, Y., Nishimura, T., Nakamura, M., Taniguchi, M., Suzuki, K., Oshida, R., Kondo, C., Sun, S., Kato, K., Fukao, Y., Hakoshima, T., Morita, M.T. (2020). Polar recruitment of RLD by LAZY1-like protein during gravity signaling in root branch angle control. *Nat. Commun.* 11, 76.
2. Nakamura, M., Nishimura, T., Morita, M.T. (2019). Bridging the gap between amyloplasts and directional auxin transport in plant gravitropism. *Curr. Opin. Plant Biol.* 52, 54-60.
3. Nakamura, M., Nishimura, T., Morita, M.T. (2019). Gravity sensing and signal conversion in plant gravitropism. *J. Exp. Bot.* 70, 3495-3506.
4. Taniguchi, M., Furutani, M., Nishimura, T., Nakamura, M., Fushita, T., Iijima, K., Baba, K., Tanaka, H., Toyota, M., Tasaka, M., Morita, M.T. (2017). The arabidopsis LAZY1 family plays a key role in gravity signaling within statocytes and in branch angle control of roots and shoots. *Plant Cell* 29, 1984-1999.
5. Mori, A., Toyota, M., Shimada, M., Mekata, M., Kurata, T., Tasaka, M., Morita, M.T. (2016). Isolation of new gravitropic mutants under hypergravity conditions. *Front. Plant Sci.* 7, 1443.

教授

森田（寺尾）美代

助教

西村 岳志

助教

四方 明格

特任助教

川本 望



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。

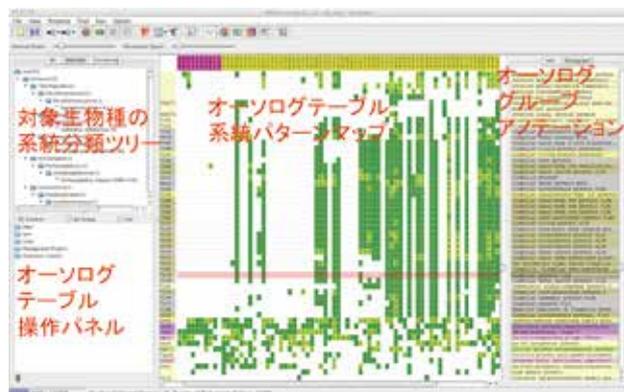


図 1. 比較ゲノム解析システム RECOG で表示したオーソログ対応テーブル

### 近縁ゲノムの比較解析

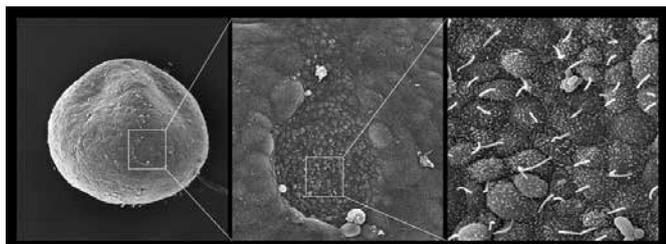
原核生物の進化においては、祖先から子孫へという垂直的な遺伝情報の流れに加えて、種を超えた水平的な遺伝情報の移動が本質的に重要な役割を果たしていることが知られており、病原性の理解などの応用面からも注目されている。しかし、こうした複雑な微生物のゲノム進化過程を包括して理解するための戦略はまだ確立していない。ゲノム進化過程の詳細な解析は、類縁度の高いゲノムを比較することによって可能になるので、MBGD のデータを活用しつつ、近縁ゲノム比較解析の戦略確立に向けた研究を行っている。特に、ゲノムの垂直的な進化プロセスをまず明確にすることを目指して、近縁ゲノム間で遺伝子の並び順が保存された「コア構造」に着目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

#### 参考文献

1. Uchiyama, I., Mihara, M., Nishide, H., Chiba, H., Kato, M. (2019). MBGD update 2018: microbial genome database based on hierarchical orthology relations covering closely related and distantly related comparisons. *Nucleic Acids Res.* 47, D382-D389.
2. Uchiyama, I., Albritton, J., Fukuyo, M., Kojima, K., Yahara, K., Kobayashi, I. (2016). A novel approach to *Helicobacter pylori* pan-genome analysis for identification of genomic islands. *PLoS One* 11, e0159419.
3. Chiba, H., Nishide, H., Uchiyama, I. (2015). Construction of an ortholog database using the Semantic Web technology for integrative analysis of genomic data. *PLoS One* 10, e0122802.
4. Chiba, H., Uchiyama, I. (2014). Improvement of domain-level ortholog clustering by optimizing domain-specific sum-of-pairs score. *BMC Bioinformatics* 15, 148.
5. Uchiyama, I. (2008). Multiple genome alignment for identifying the core structure among moderately related microbial genomes. *BMC Genomics* 9, 515.
6. Uchiyama, I. (2006). Hierarchical clustering algorithm for comprehensive orthologous-domain classification in multiple genomes. *Nucleic Acids Res.* 34, 647-658.

准教授  
内山 郁夫





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

## 発生における左右初期決定

我々の体は、心臓が左、肝臓が右というように高度に左右非対称なつくりをしている。発生においてこの左右を最初に決めるのは、胚表面に一時的に現れる、ノードと呼ばれる部位の繊毛の働きである。ノード繊毛は回転運動を行い、周囲に胚体の左に向かう水流（ノード流）を作る。この水流の向きが左右を決める遺伝子の非対称な発現のトリガーとなることがわかっている。一方、ノード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である。私達は全胚培養、Ca<sup>2+</sup> イメージング、水流の人工的改変などの手法を用いてこの謎の解明に挑んでいる。

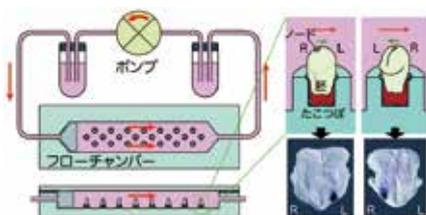


図1. 人工的に胚の左右を逆転させる実験  
チャンバー内の「たこつぼ」に胚を固定し、一定方向の水流に曝す。ノード内の水流が右向きになるような条件下では、左側特異的な遺伝子 nodal が右側に発現し、心臓などの形態も左右逆転する。

## 光シート顕微鏡の技術開発と応用

私達は光シート型顕微鏡を基生研に導入、運用している。光シート型顕微鏡とはもともと欧州分子生物学研究所(EMBL)で開発された、試料の横から薄いシート状に整形した励起光を照射する蛍光顕微鏡の方法論であり、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ある。私達はこの顕微鏡を統合イメージング共同利用研究、先端バイオイメージング支援プラットフォーム(ABiS)の枠

我々の体のどちらが右でどちらが左が決めるのは、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。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。また光シート顕微鏡と呼ばれる新しい顕微鏡技術の開発と生物学への応用にも取り組んでいる。

組みで全国の研究者に供するとともに、他には無いこの特徴を活かし、マウス原腸陥入胚の深部・長時間ライブイメージングを実現している。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いと考えている。同時に私達は、自由運動するアメーバを0.5秒間隔で立体撮影できる超高速型、2光子励起と組み合わせた光シート顕微鏡の開発など、顕微鏡そのものを改良していく試みも行っている。

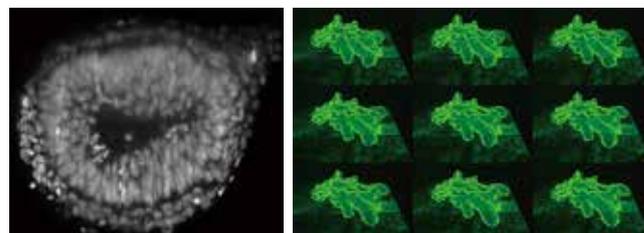


図2. 生きた試料の光シート顕微鏡撮影例  
左: 核に GFP 発現する原腸陥入期(6.5日)マウス胚の光学断面像。  
右: 3次元再構築したアメーバ運動の連続写真。

## 参考文献

1. Maruyama, A., Oshima, Y., Kajiuira-Kobayashi, H., Nonaka, S., Imamura, T., and Naruse, K. (2014). Wide field intravital imaging by two-photon-excitation digital-scanned light-sheet microscopy (2p-DLSM) with a high-pulse energy laser. *Biomed Opt Express* 5, 3311-3325.
2. Ichikawa, T., Nakazato, K., Keller, P. J., Kajiuira-Kobayashi, H., Stelzer, E. H., Mochizuki, A., and Nonaka, S. (2013). Live imaging of whole mouse embryos during gastrulation: migration analyses of epiblast and mesodermal cells. *PLoS One*. 8, e64506.
3. Takao, D., Nemoto, T., Abe, T., Kiyonari, H., Kajiuira-Kobayashi, H., Shiratori, H., and Nonaka, S. (2013). Asymmetric distribution of dynamic calcium signals in the node of mouse embryo during left-right axis formation. *Dev. Biol.* 376, 23-30.
4. 野中茂紀(2012). 光シート顕微鏡: 生体観察のための新しい顕微鏡法. *日本顕微鏡学会和文誌「顕微鏡」* 47, 163-166.
5. 野中茂紀(2009). 繊毛と脊椎動物の左右性. *細胞工学* 28, 1011-1015.
6. 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.

准教授  
野中 茂紀



特任助教  
餘家 博

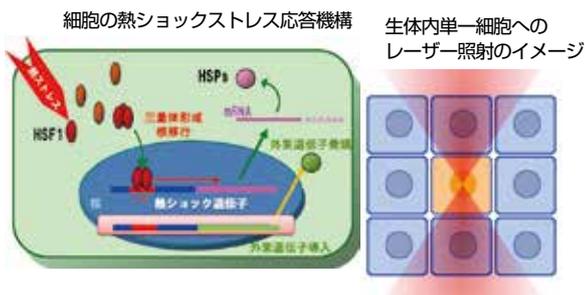


博士研究員  
谷口 篤史

技術支援員  
石橋 知子



# 熱・温度の生物学的意義の解明を目指して 生命熱動態研究室



熱・温度は生命現象と密接な関係を持つ重要な要素である。当研究室では、熱ショック応答における温度応答的な遺伝子発現メカニズムを解くことで、生物の温度適応戦略に迫る研究を行っている。また、生物にとっての熱・温度について知るためには、生体物質の物理的な温度特性について理解する必要がある。そのために、イメージングベースでの温度計測と赤外レーザーによる局所加熱技術の開発に取り組んでいる。一方、これらの研究成果を基に、赤外レーザーを用いた局所遺伝子発現技術の改良と応用も行っている。

## 温度の生物学

多くの生物は、熱ストレスから細胞を守る熱ショック応答機構（上図）を持つ。温度と生物のつながりを明らかにするための一つの手段として、熱ショック転写因子（HSF）1に着目し、その温度感知機構と活性化のキネティクスを明らかにするための研究を始めている。メダカや、メダカ近縁種、ヒラメ、カエルなど複数の生物種を用いて、比較生物学的視点から HSF1 活性化の分子機構の解明に取り組んでいる。

また、温度と生物のつながりを調べるうえで、生体物質の温度物性を知る必要がある。そこで、局所加熱しながら生体内標的細胞の温度計測ができる顕微鏡技術の開発も行っている。これまでに、2 波長の蛍光強度の比から温度計測が可能な蛍光タンパク質プローブ（文献 2）を開発した。さらにこのプローブを使った、高速生体温度イメージング系を局所加熱顕微鏡系に導入（図 1）した。これを用いて生体物質の熱物性解析に挑戦している。

鏡により赤外レーザーを集光照射し生体内の単一細胞を温めることで、目的の細胞のみで目的遺伝子を発現誘導させる（操作する）ことができる技術（Infrared laser evoked gene operator: IR-LEGO 法：文献 5）を有している。この光で細胞を操作する技術を用いて、メダカ、ゼブラフィッシュ、アフリカツメガエル、シロイヌナズナなどのモデル生物に応用してきた（文献 1, 3, 4）。現在も所外研究者との共同研究を多数実施し、様々な生物種の研究者と交流している。現行の IR-LEGO 法にはいくつかの難しさがあり、それを克服するために、前述の HSF1 研究を通じて IR-LEGO の改良も進めている。この他にも、自作可能でオープンソースな IR-LEGO システムの開発を進め、IR-LEGO を含めた顕微鏡・イメージング・光操作技術の普及も進めている。

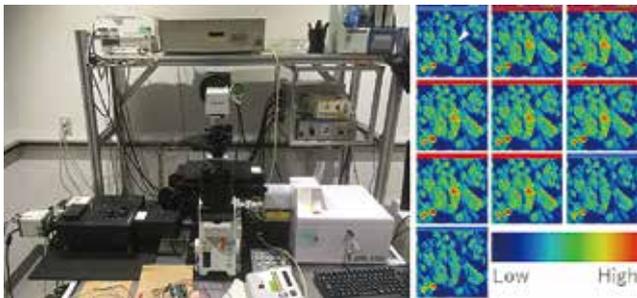


図 1. 生体物質の熱物性解析のための顕微鏡システム  
赤外レーザーを照射しながら、標的細胞の温度計測を行う。最高で約 1000 fps でのイメージングを行うことができる。

## 局所遺伝子発現技術とその改良

熱ショック応答を利用して、熱ショックプロモーターの下流に目的遺伝子を挿入して生物に導入することで、熱ショックによる目的遺伝子の発現誘導が可能になる。そこで、顕微

## 参考文献

1. Hasugata, R., Hayashi, S., Kawasumi-Kita, A., Sakamoto, J., Kamei, Y., Yokoyama, H. (2019). Infrared laser-mediated gene induction at the single-cell level in the regenerating tail of *Xenopus laevis* tadpoles. *Cold Spring Harb. Protoc.*, Dec 3; 2018(12).
2. Nakano, M., Arai, Y., Kotera, I., Okabe, K., Kamei, Y., Nagai, T. (2017). Genetically encoded ratiometric fluorescent thermometer with wide range and rapid response. *PLoS One* 12, e0172344.
3. Okuyama, T., Yokoi, S., Abe, H., Isoe, Y., Suehiro, Y., Imada, H., Tanaka, M., Kawasaki, T., Yuba, S., Taniguchi, Y., Kamei, Y., Okubo, K., Shimada, A., Naruse, K., Takeda, H., Oka, Y., Kubo, T. and Takeuchi, H. (2014). A neural mechanism underlying mating preferences for familiar individuals in medaka fish. *Science* 343, 91-94.
4. Shimada, A., Kawasishi, T., Kaneko, T., Yoshihara, H., Yano, T., Inohaya, K., Kinoshita, M., Kamei, Y., Tamura, K. and Takeda, H. (2013). Trunk exoskeleton in teleosts is mesodermal in origin. *Nat. Commun.* 4, 1639.
5. 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



特任助教  
坂本 丞



博士研究員  
上川 優子  
友井 拓実

日本学術振興会特別研究員  
鈴木 美有紀

技術支援員  
木下 千恵





# 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

<https://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、70 種類 90 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、GridION (オクスフォード ナノポア社)、PacBio Sequel (パシフィックバイオサイエンス社)、NextSeq および MiSeq システム (イルミナ社) を運用し、ライブラリ調製やデータ解析のための設備も整備されている。共同利用研究の一環として「統合ゲノミクス共同利用研究」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数回開催し、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・メタボロミクス

生物機能情報分析室では以下の 2 台の質量分析装置と 2 台のプロテインシーケンサーを保有し、プロテオーム解析のみならずメタボローム解析にも活用されている。

- 高分解能質量分析装置 (Thermo Fisher Scientific Orbitrap Elite).
- LC-Q-TOF MS (AB SCIEX TripleTOF5600)
- プロテインシーケンサー (ABI Procise 494 HT/ 492 cLC)

### 3. その他

分光光度計、化学発光・蛍光画像解析装置、セルソーター、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。以下はリストのごく一部である。

主な機器：セルソーター (SONY SH800); 汎用画像解析装置 (GE FLA9000); レーザーマイクロダイセクションシステム (Arcturus XT); キャピラリー DNA シーケンサー (ABI 3130xl); リアルタイム PCR (ABI7500); デジタル PCR (QuantStudio 3D); 超遠心機 (Beckman XL-80XP)

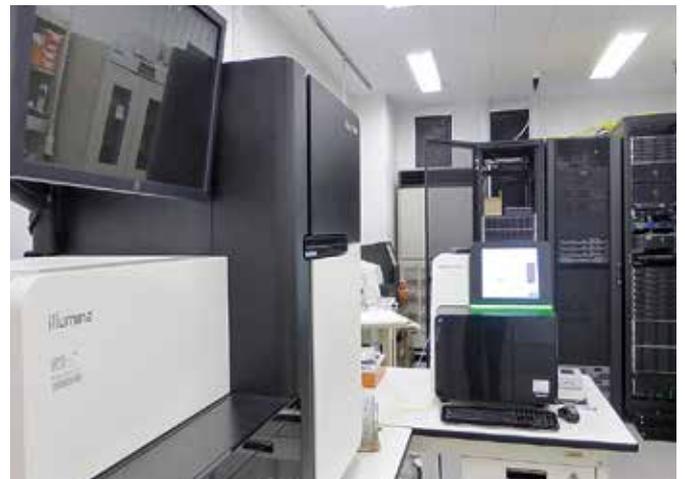
教授  
重信 秀治



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  
松本 美和子  
秋田 朝日

事務支援員  
市川 真理子



次世代 DNA シーケンサー



## 光学解析室

<https://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。画像解析に関しては画像解析分野の研究者との連携を進めている。

### 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、生命体が受ける光を個体レベルに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や、小型魚類の色覚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の協力を得て高速で 3 次元画像取得が可能な Light-sheet Microscope（図 2 右上）、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 2 右下）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进行操作するようなイメージング技術（次世代顕微鏡）で共同利用や、先端バイオイメージング支援（ABIS）を強力に推進している（図 2）。

共同利用研究の「統合イメージング共同利用研究」等により、所内外の研究者との共同研究を実施し、また、様々なトレーニングコースや、テクニカルセミナーを通じてイメージング技術普及も行っている（図 3）。

特任准教授  
亀井 保博



技術課技術職員  
近藤 真紀  
斎田 美佐子

技術支援員  
市川 千秋  
中川 真美 (ABIS)  
浅尾 桃子 (ABIS)



図 1. 大型スペクトログラフを使った魚類色覚実験の見学



図 2. 光学解析室リーフレットならびに共同利用研究の様子



図 3. トレーニングコースにも利用できる顕微鏡室 (B68 室)

# 生物機能解析センター

## 情報管理解析室

<https://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。

### 1. 生物情報解析システム

800 core を搭載する分散処理用計算機クラスターと、3TB のメインメモリを搭載する共有メモリ型計算サーバからなり、総容量 2.5PB の高速ファイルサーバを有する。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、Bowtie, Trinity 等の次世代シーケンサデータ解析ソフトウェアや BLAST/FASTA 等の分子生物学関連アプリケーションが利用できる。

### 2. ネットワークシステム

岡崎 3 機関で構成する ORION2017 ネットワークシステムの保守、運用に携わっている。ORION2017 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。

### 3. 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、所内外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。

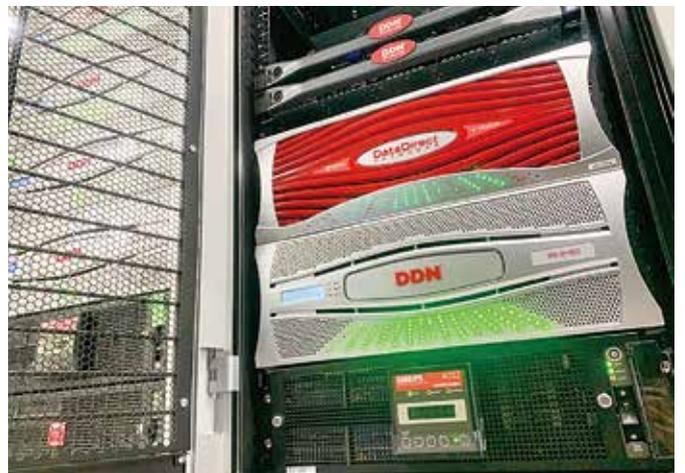
- ・ MBGD 微生物ゲノム比較解析データベース
- ・ XDB アフリカツメガエル cDNA データベース
- ・ PhyscoBASE ヒメツリガネゴケ統合データベース
- ・ Japanese morning glory Genome Database  
アサガオゲノムデータベース
- ・ The Plant Organelles Database3  
植物オルガネラデータベース
- ・ iNewt イベリアトゲイモリポータルサイト
- ・ nekkō アーバスキュラー菌根菌ゲノムポータルサイト
- ・ DB-HABs 有害赤塩藻類データベース

准教授  
内山 郁夫

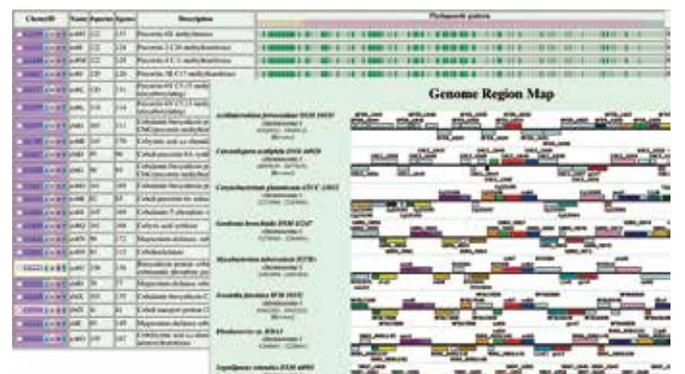


技術課技術職員  
西出 浩世  
中村 貴宣  
杉浦 宏樹

技術支援員  
小谷 慶子



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



# 新規モデル生物開発センター

センター長：上野 直人 教授

地球上には、生命誕生以来の長い歴史の中で様々な環境に適応した多種多様な生物が存在している。近年の生物学は、多くの生物に共通する基本原理の理解に重点が置かれ、実験室内での飼育が容易な限られた生物を「モデル生物」として集中的に解析することによって発展してきた。そのため、生物種に特有であるがために、解析がほとんど進んでいない興味深い生命現象が謎として多く残されており、その解明が生物学の今後の重要な課題となっている。この謎を解明するためには、それぞれの現象の解明に適した生物の安定的な飼育・繁殖に加え、実験操作技術を開発すると共に、ゲノム情報及び遺伝子発現等の解析、また遺伝子導入やゲノム編集技術を用いた遺伝子改変技術の導入を進め、新たな「モデル生物」として整備することが重要である。

新規モデル生物開発センターは2013年度に新たに設置された組織であり、共生現象を理解するためのアブラムシ、セイタカイソギンチャクやアーバスキュラー菌根菌、再生研究のためのイベリアトゲイモリ、昆虫の進化研究のためのカブトムシやテントウムシなど、今まであまり研究に用いられてこなかった生物が新たな研究モデルとして確立されつつある。現在、新規モデル動物に関する情報共有、遺伝子解析から遺伝子改変、表現型解析までをシームレスに繋げる研究のパイプライン化に取り組んでいる。また、共同利用研究「モデル生物・技術開発共同利用研究」を通して、他研究機関の研究者と協力して、新規モデル生物の探索や創成、解析技術の開発、研究者コミュニティの育成も推進している。

センター長  
教授  
上野 直人



教授  
重信 秀治



特任准教授  
鈴木 賢一



教授  
皆川 純



教授  
川口 正代司



教授  
新美 輝幸



助教  
星野 敦



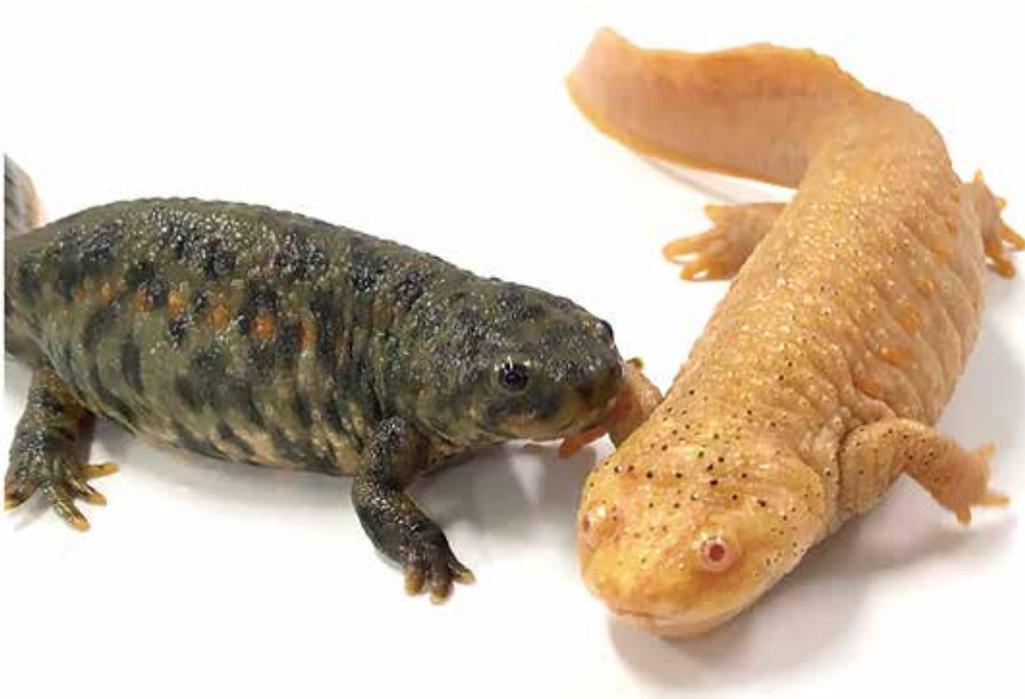
# Reading, Editing & Reconstructing

全ての生物のゲノム配列を解読し (Reading)、その配列を個体レベルで編集 (Editing) できる時代が到来しました。これまで、モデル生物のみに用いられてきた分子生物学的・逆遺伝学的研究手法を、あらゆる生物へ適応することが可能になりつつあります。21 世紀の基礎生物学は、地球上の生物が営む生命現象を広く深く探究する、新しい学問へと生まれ変わろうとしています。基礎生物学の発展に向けて、我々のグループではゲノム編集 (Editing) 技術や新規モデル生物の開発、および動物の組織再構築現象 (Reconstructing) に関する研究を行っています。

## Members

特任准教授  
(広島大学  
クロスアポイントメント)  
鈴木 賢一

技術支援員  
高山 鮎子



右が CRISPR-Cas9 で色素合成遺伝子を破壊 (ノックアウト) した当世代のイベリアトゲイモリで左は野生型。  
CRISPR-Cas9 によるゲノム編集効率が非常に高いこともイベリアトゲイモリの特徴の一つです。

# 新規モデル生物開発センター（鈴木グループ）

## Reading & Editing

次世代シーケンサー (NGS) の開発と普及により、研究者は対象生物のゲノム配列を決定し、生命現象に関わる全ての遺伝子発現の情報を得ることが可能になりました。また、高性能質量分析計を用いてタンパク質や代謝物を網羅的に同定することも容易となりました。もはや、生命現象を司る分子群（要素）のほぼすべてを明らかにすることができると言えます。さらに、CRISPR-Cas に代表される人工 DNA 切断酵素によってゲノム配列を操作する「ゲノム編集技術」が登場したことで、生物学は一転しようとしています。これまで、任意の遺伝子を破壊（ノックアウト）したり、外来遺伝子を任意の場所に挿入（ノックイン）したりする技術は、モデル生物と呼ばれるごく一部の生物種に限られた逆遺伝学的ツールとして用いられてきましたが、現在では理論上全ての生物への適応が可能となりました。興味を持った生物や生命現象について、生物学者が思う存分研究できる時代を迎えたのです。

我々のグループは、主に両生類を用いてゲノム編集技術を開発し、様々な新規モデル生物種への支援を行なっています。また、新規モデル生物であるイベリアトゲイモリを器官再生研究の中心とすべく、その研究基盤の整備にも力を入れています。我々は、CRISPR-Cas9 を用いた超高効率な遺伝子ノックアウトによって、ファウンダー（当世代）での迅速な遺伝子機能解析を実現しました。この研究戦略は、NGS 解析により見つかる大量の遺伝子や転写調節領域を解析するうえで、大いに期待されています。また、両生類における世界初の遺伝子ノックインに成功し、その際に開発した新技術は、現在様々な生物種に応用されています。

## Reconstructing

両生類が見せる再生と変態（メタモルフォーゼ）はとてもユニークな生命現象です。無尾両生類のオタマジャクシは水生ですが、約一週間で組織や器官を幼生型から成体型へと大規模に再構築することで、陸上環境に適応したカエルになります。このメタモルフォーゼの引き金が、たった一つの「甲状腺ホルモン」分子であることは昔から知られています。しかしながら、幼生型から成体型への組織再構築が行われるメカニズムの詳細は、モデル両生類であるアフリカツメガエルやネットイツメガエルのゲノム配列が解読された今もなお分かっていません。

有尾両生類であるイモリやアホロートルは、大部分の組織



図 1. ネットイツメガエルのメタモルフォーゼ。約一週間でオタマジャクシからカエルへと華麗に変身します。

や器官、例えば脳や心臓が損傷を受けたとしても、元どおりに再構築することができます。この器官再生は、古くから生物学者を魅了し、世界中の多くの研究者が注目する研究テーマの一つです。細胞の脱分化と組織の再パターン化が大きな鍵を握っていますが、そのメカニズムの詳細についても未だ明らかにされていません。

両生類が持つ組織再構築能力のメカニズムの解明は、基礎生物学のみならず再生医学への大きな貢献が期待できます。現在、我々のグループでは上述の“Reading”によってもたらされる情報を基に、“Editing”技術を駆使し、両生類の“Reconstructing”能力の謎を解き明かすべく日々努力しています。



図 2. イベリアトゲイモリの四肢再生。左図のように四肢を失っても、1~2ヶ月程度で元に戻ります。

## 参考文献

1. Matsunami, M., Suzuki, M., Haramoto, Y., Fukui, A., Inoue, T., Yamaguchi, K., Uchiyama, I., Mori, K., Tashiro, K., Ito, Y., et al. (2019). A comprehensive reference transcriptome resource for the Iberian ribbed newt *Pleurodeles waltl*, an emerging model for developmental and regeneration biology. *DNA Res.* 26, 217-229.
2. Suzuki, M., Hayashi, T., Inoue, T., Agata, K., Hirayama, M., Suzuki, M., Shigenobu, S., Takeuchi, T., Yamamoto, T., and Suzuki, K.T. (2018). Cas9 ribonucleoprotein complex allows direct and rapid analysis of coding and noncoding regions of target genes in *Pleurodeles waltl* development and regeneration. *Dev. Biol.* 443, 127-136.
3. Nakade, S., Tsubota, T., Sakane, Y., Kume, S., Sakamoto, N., Obara, M., Daimon, T., Sezutsu, H., Yamamoto, T., Sakuma, T., et al. (2014). Microhomology-mediated end-joining-dependent integration of donor DNA in cells and animals using TALENs and CRISPR/Cas9. *Nat. Commun.* 5, 5560.
4. Suzuki, K., Machiyama, F., Nishino, S., Watanabe, Y., Kashiwagi, K., Kashiwagi, A., and Yoshizato, K. (2009). Molecular features of thyroid hormone-regulated skin remodeling in *Xenopus laevis* during metamorphosis. *Dev. Growth Differ.* 51, 411-427.

特任准教授  
鈴木 賢一



# 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、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

<https://www.nibb.ac.jp/~transgen/>

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、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ないように、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。外部からの小型魚類持ち込みに対する検疫室を設置している。

准教授  
渡辺 英治



技術課技術職員  
大澤 園子  
野口 裕司

技術支援員  
高木 由香利  
杉永 友美  
藤本 大司

北住 典明



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

<https://www.nibb.ac.jp/plant/>

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、遺伝子組換え実験に対応している。また、Web 経由で植物を観察できる植物環境制御システムと、限界環境下で育成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 2 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、クラミドモナス、ヒメツリガネゴケ、ゼニゴケ、シロイヌナズナ、ミヤコグサ、アサガオ、イネ、オジギソウ、食虫植物などの植物や、カブトムシなどの動物が育成されている。

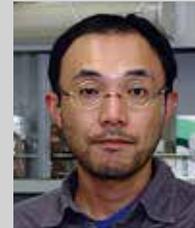
一方、基礎生物学研究所はナショナルバイオリソースプロジェクト・アサガオの分担機関に指定されている。支援室

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  
山口 千波

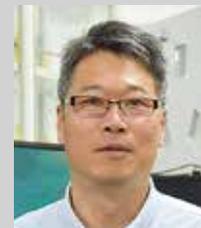
植物環境制御システム



## 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設備を備えている。

准教授  
渡辺 英治



培養室（明大寺地区）



# ナショナルバイオリソースプロジェクト

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

## NBRP メダカ

<https://shigen.nig.ac.jp/medaka/>

2017年度より始まった第4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 (600 系統以上に及ぶ汎用系統、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、配列相同性、発現プロファイルなど様々な方法で検索することができる。さらに近交系 3 系統のゲノムブラウザやメダカ野生系統・近縁種の系統関係、実験マニュアルなども公開している。また顕微注入装置を含むゲノム編集プラットフォームの提供も行っている。

2019年度の広報活動では The 15th Transgenic Technology Meeting (TT2019) (2019年4月7-10日、神戸国際会議場、神戸) においてメダカでの遺伝子導入・ゲノム編集技術の紹介を行った。海外でのメダカバイオリソースの利用を促進するため 14th International Zebrafish Conference (June 12-16, 2019, Suzhou, China) においてワークショップ "Frontier of medaka Research" を開催するとともにブースを設置して広報を実施した。またマレーシアで開催された 6th International Symposium of *Oryzias* Fish (23rd August 2019, Colmar Tropicale, Berjaya Hills Resort, Bukit Tinggi, Pahang, Malaysia) に参加し、ポスターによる NBRP 事業の広報を実施した。国内学会では日本プロテオーム学会 2019 年大会・第 70 回日本電気泳動学会総会合同大会 (2019年7月24-27日、シーガイアコンベンションセンター、宮崎) においてブースによる広報を行った。日本動物学会第 90 回大会での「動物ひろば」(2019年9月12-14日、大阪市立大学杉本キャンパス 大阪) にてブースによる一般向け広報を行った。さらに第 42 回日本分子生物学会「バイオリソース勢揃い」(2019年12月3-6日福岡国際会議場、福岡) にてブースを設置してして広報を行った。また新規モデル生物開発センター及び IBBP と共催して新規モデル生物のマイクロインジェクション技術講習会 (2020年1月16-17日、基礎生物学研究所 岡崎) を開催し、メダカを材料に、雌雄の判別、受精直後の卵の採取技術から顕微注入までの各ステップの実習を行う

とともに精子凍結による系統保存に関する実習を実施した。Medaka: Biology, Management, and Experimental Protocols, Volume 2 (WileyBlackwell ISBN: 978-1-119-57529-0) を出版することができた。2月 (9th Strategic Conference of Fish Investigators, Taipei, Taiwan) と3月 (LAZEN Perú 2020 Joint Zebrafish and Medaka Meeting, Lima, Cusco, Peru) にて予定していた海外向け講習会とワークショップは世界的なコロナウイルスの蔓延により中止・延期された。(担当: 成瀬 清)



## NBRP アサガオ

<https://shigen.nig.ac.jp/asagao/>

基礎生物学研究所は、第4期NBRP（2017～2021年度）・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。アサガオは複数の突然変異を併せ持つ系統が多いため、表現型だけでなく、遺伝子レベルで突然変異を鑑別することで収集した遺伝子型も、ネット上に公開している。各種DNAクローンについては、花や実生に由来する62,000のESTクローン、115,000のBACクローン、5つの花弁特異的発現ベクターを保存している。BACクローンを

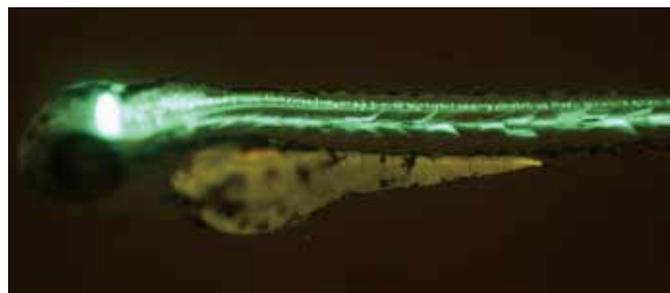
PCRで選抜できるシステムも提供している。また、これらのDNAクローンの末端配列やRNA-seqにもとづいた遺伝子の発現情報を含むアサガオのゲノムブラウザ（<http://viewer.shigen.info/asagao/>）を構築して公開している。（担当：星野 敦）



## NBRP ゼブラフィッシュ

<https://shigen.nig.ac.jp/zebra/>

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・ゼブラフィッシュの分担機関として、中核機関の理化学研究所脳科学総合研究センターと連携して活動している。基礎生物学研究所ではおもに、中枢神経系の特定の細胞で蛍光タンパク質を発現する系統を収集して保存し、国内外の研究者に提供している。ゼブラフィッシュは、胚が透明で遺伝学的アプローチが可能な最も単純なモデル実験脊椎動物として世界的に研究に用いられている重要な実験動物である。ゼブラフィッシュを用いて、神経発生・神経回路研究を行う研究者は世界的に増え続けており、基礎生物学研究所が収集して国内外の研究者へ提供する系統の重要性は増大している。（担当：東島 真一）



独自に開発した、CRISPR-Cas9ノックイン法を用いて作成したトランスジェニックフィッシュの1例

# 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）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。中核拠点として基礎生物学研究所に設置された IBBP センターは、各地域の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、全国の研究者がそれぞれの研究を行う際に作製してきた生物遺伝資源のバックアップ保管を行い、事故等によりサンプルが消失した際、返却することで迅速に研究が再開できる体制を構築する。また生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究、Cryopreservation Conference 及び技術講習会の開催を通じて生物遺伝資源の長期保存技術開発の研究拠点形成を目指す。

## IBBP センター

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

センター長：成瀬 清 特任教授

大学連携バイオバックアッププロジェクト（IBBP）は国内全ての研究者が利用できる生物遺伝資源のバックアップ拠点形成を目指したプロジェクトである。IBBP センターは、震度 7 クラスの地震にも耐えられる建物内に、気相および液相式液体窒素タンク、液体窒素自動供給システム、ドライキャビネットを備えた種子保存室、超低温フリーザー、生物遺伝資源管理データベースシステム、機器監視システム、液体窒素製造装置など生物遺伝資源のバックアップ保管に必要な最新の設備を備えている。これらの設備により災害や事故によって万一 IBBP センターの電気供給が断たれても、3 週間程度は生物遺伝資源を超低温状態で維持できる。またプログラムフリーザー、示差走査熱量計、真空冷却加熱ステージ付き蛍光顕微鏡、精子運動自動解析装置等の超低温保存技術の開発を推進するための特殊機器も整備されている。これらの機器を共同利用研究に供することで生物遺伝資源保存技術開発に関わる研究者のネットワークを作り、多種多様な生物遺伝資源のバックアップ保管を可能にする新規保存技術の開発を推進している。さらに Cryopreservation Conference を開催することで、生物遺伝資源開発者と低温生物学・化学・物理学研究者等の出会いを提供し、より多様な生物遺伝資源の長期保存技術の開発を推進している。また開発された保存技術を研究コミュニティに広げる技術講習会も開催している。

今後、次世代シーケンサーやゲノム編集技術の革新により、非モデル生物を利用した研究が飛躍的に進展し、重要な生物遺伝資源が次々に現れると予想される。これらの新規モデル生物開発の拠点と連携し、その長期保存技術開発を行うことで先端科学分野での安定した研究の推進と新分野の開拓を支援する。



特任教授  
成瀬 清



技術課技術職員  
加藤 愛

特任専門員  
田中 文子

技術支援員  
松林 尚美  
溝上 裕子  
都築 千鶴

## バックアップ保管システム

IBBP は研究者が利用している研究途上の生物遺伝資源のバックアップを目的としており、他のバンク事業と異なり第三者への配布は行わないため保管委託された生物遺伝資源に関する情報は同意なしに第三者に開示されることはない。また IBBP を利用するにあたってのバックアップ保管費用については研究者の直接負担はない。IBBP センターでは、利用者ニーズを反映しバックアップ保管するサンプルの種類も拡充してきた。現在、液体窒素タンクではライブラリ、DNA・RNA・タンパク質（抗体）、微生物、培養細胞、植物組織、動物胚の保管に加え、ストローによる齧歯類・家畜及び野生生物の精子の保管を受け入れている。また植物種子は高性能な低温低湿保管庫で保管している。2019 年度は 73 件の新規、追加または延長申請を採択した。2019 年度末までの採択件数の合計は 364 件となっている。現在 IBBP センターでは約 226 万サンプルの生物遺伝資源をバックアップ保管している。



2019年度 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究	研究代表者名・所属
ナミテントウにおける凍結保存技術の確立と非モデル昆虫への応用	新美 輝幸 自然科学研究機構 基礎生物学研究所
真骨魚類に近い形質を示す条鰭類、スポットテッドガーの遺伝的多様性の保存	神田 真司 東京大学 大気海洋研究所
近交系マウス未成熟卵を用いた効率的ガラス化法の確立	伊藤 潤哉 麻布大学 獣医学部
ニホンザルを中心としたマカク属精子凍結保存法の開発	今井 啓雄 京都大学 霊長類研究所
魚類の精子凍結保存成績向上に向けた冷蔵保存ならびに凍結条件の検討	藤本 貴史 北海道大学大学院 水産科学研究院
ラット未受精卵および初期胚における凍結保存法の開発	金子 武人 岩手大学 理工学部
急速融解による新規ガラス化保存法の開発	関 信輔 秋田大学 バイオサイエンス教育・研究サポートセンター
サトイモの茎頂超低温保存法の確立と世界中から収集した2000系統の維持	本橋 令子 静岡大学 学術院農学領域
アーバスキュラー菌根菌分離株の低温保存技術の開発	大友 量 農業・食品産業技術総合研究機構 中央農業研究センター 土壌肥料研究領域
低毒性の保存液を用いた哺乳動物胚の平衡ガラス化凍結法の開発	枝重 圭祐 高知大学 農林海洋科学部
新規モデル両生類、イペリアトゲイモリの精子凍結保存法の開発	林 利憲 広島大学 両生類研究センター
除殻卵胚子を用いたカイコの新規保存方法の開発	伴野 豊 九州大学大学院 農学研究院
磁性特性に基づく氷晶損傷防止技術を適用した遺伝子資源保存方法の開発	木原 久美子 熊本高等専門学校 生物化学システム工学科

### 共同利用研究・研究集会と技術講習会

近年、生命科学分野では次世代シーケンサーやゲノム編集技術の革新により、非モデル生物の研究が飛躍的に進展している。しかしそれらは安定した長期保存法が確立していないものが多く、それぞれの生物に適した超低温保存技術の開発が不可欠である。保存技術の開発にはガラス化や凍結のメカニズムの知識と、材料となる生物遺伝資源の生理・生態に関する知識が必要である。IBBPでは新たな保存技術の開発と技術共有のため、長期保存技術に関する共同利用研究と研究集会、技術講習会を開催している。

### 共同利用研究と技術講習会の成果

生物遺伝資源を保存するための新規保存技術開発共同利用研究では2019年度は13件を採択した(表参照)。また技術講習会では岩手大学・IBBPラット生殖技術講習会2019(2019年9月26日～27日、岩手大学 理工学部1号館)、IBBPサケ科魚類における遺伝資源保存技術講習会2019(2019年10月10日、北海道大学 北方生物圏フィールド科学センター 七飯淡水実験所)、新規モデル生物のマイクロインジェクション技術講習会(2020年1月16日～17日、基礎生物学研究所)、IBBP昆虫(カイコ)の保存技術講習会2019(2020年1月28日～29日、基礎生物学研究所)を開催した。



### 研究集会の開催

#### Cryopreservation Conference 2019

期間：2019年11月18日～19日

会場：文部科学省研究交流センター 2階国際会議場

オーガナイザー：

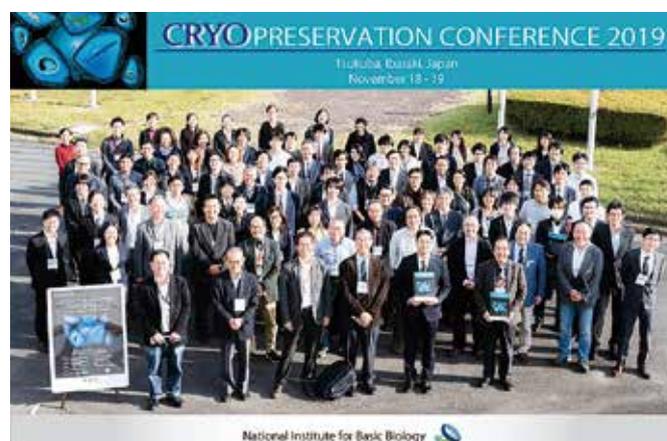
田中 大介(農業・食品産業技術総合研究機構)

菊地 和弘(農業・食品産業技術総合研究機構)

成瀬 清(基礎生物学研究所 IBBP センター)

参加者：106人、口頭発表22題、ポスター発表17題

Cryopreservation Conferenceは新規超低温保存技術の開発やガラス化メカニズムに関する最新情報と基礎知識を共有し共同研究の輪を広げることを開催理念としている。2019年度はガラス化による超低温保存で「命を繋ぐ・時間を凍結」をテーマとし、超低温保存の基礎から応用まで幅広く議論し理解する場を提供するとともに保温法が未確立の生物遺伝資源の研究支援をより積極的に推進することを目的に開催した。



# 先端バイオイメージング支援プラットフォーム

先端バイオイメージング支援プラットフォーム (ABiS: Advanced Bioimaging Support) は、科研費により助成されている学術研究課題に、最先端の顕微鏡と解析技術を提供する支援事業である。ABiS では、多様化する研究者のニーズに応えるための4つの支援活動、(1) 光学顕微鏡技術支援活動、(2) 電子顕微鏡技術支援活動、(3) 磁気共鳴画像技術支援活動、(4) 画像解析技術支援活動と、バイオイメージング普及のためのトレーニングを行っている。基礎生物学研究所は、生理学研究所とともに中核機関として ABiS のネットワーク構築と運営に携わっている。

ABiS

<https://www.nibb.ac.jp/abis/>

ABiS は、文部科学省科学研究費助成事業において、2016年度より新たな枠組みとして開始された、新学術領域研究「学術研究支援基盤形成」(2016年度～2021年度)に採択された生命系プラットフォームの1つである(研究支援代表者: 狩野方伸(生理学研究所/東京大学))。生命科学の研究分野において、イメージング技術は分子、細胞、組織から個体に至るまで広く汎用されており、バイオイメージングの必要性は今後ますます重要になると予想される。しかしながら、イメージング機器の多様化・先端化、高額化、操作技術や撮影した画像の解析技術の高度化などにより、個々の大学や研究機関において、先端イメージング機器を導入し、整備・運用することは困難になってきている。ABiS では、これまで最先端の光学顕微鏡、電子顕微鏡、磁気共鳴装置等を導入し、運用してきた基礎生物学研究所と生理学研究所を中核機関として、各種の先端・特殊イメージング機器を運用している国内の22の大学・研究機関から構成され、我が国における生命科学を包括した先端イメージングの支援を行うことを目的としている。基礎生物学研究所では、光学顕微鏡技術支援活動として4D顕微鏡観察支援活動(担当: 藤森俊彦)、IR-LEGO顕微鏡支援活動(担当: 亀井保博)、光シート顕微鏡支援活動(担当: 野中茂紀)、画像解析技術支援活動として、生物画像処理・解析用アルゴリズムの開発と技術支援活動(担当: 上野直人、加藤輝、太田裕作)、画像解析トレーニング(担当: 上野直人、小山宏史)を担当している。また、生理学研究所とともに ABiS 事業をとりまとめる総括支援活動を担っている(担当: 阿形清和、上野直人、高田慎治、真野昌二)。

2019年度は、273件の支援と9回のトレーニングを行うとともに、ABiS Symposium 'Forefront and Future of Electron Microscopic Imaging' やイメージング研究の活性化を目的とした第2回イメージングコンテストを開催した(図1)。また、各学会でのブース出展やシンポジウムやワークショップ、研究会の共催を行い、ABiS 活動の周知とイメージングに関わる活動のサポートを行った。

国際連携活動として、欧州諸国を対象としたバイオイメージング関連施設のネットワーク組織の Euro-Bioimaging (EuBI) が展開する国際ネットワーク Global Bioimaging (GBI) に、2018年より参加している。画像解析トレーニングコースを合同で開催するなど、イメージングの最先端技術や情報の共有を進めている。毎年開催されている EoE (Exchange of Experience、実績・経験に基づく意見交換のための実務者会議) の第5回 (EoE V) を、2020年9月に岡崎にて開催す

ることとなり、その準備を開始している。

さらに、他の生命系プラットフォーム(先端モデル動物支援プラットフォーム、先進ゲノム解析プラットフォーム、コホート・生体試料プラットフォーム)とともに生命科学連携推進協議会に参画し(総括班メンバー: 阿形清和、上野直人)、各プラットフォーム機能を横断した技術支援提供の連携体制の強化を進めた。本年度は、第92回日本生化学会と第42回日本分子生物学会において、4プラットフォームの合同によるブース出展や公募説明会を行った(図1)。

## 2019年度活動実績

### 研究支援活動

- ・光学顕微鏡技術支援活動: 134件
- ・電子顕微鏡技術支援活動: 83件
- ・磁気共鳴画像技術支援活動: 38件
- ・画像解析技術支援活動: 18件
- ・トレーニング: 9回



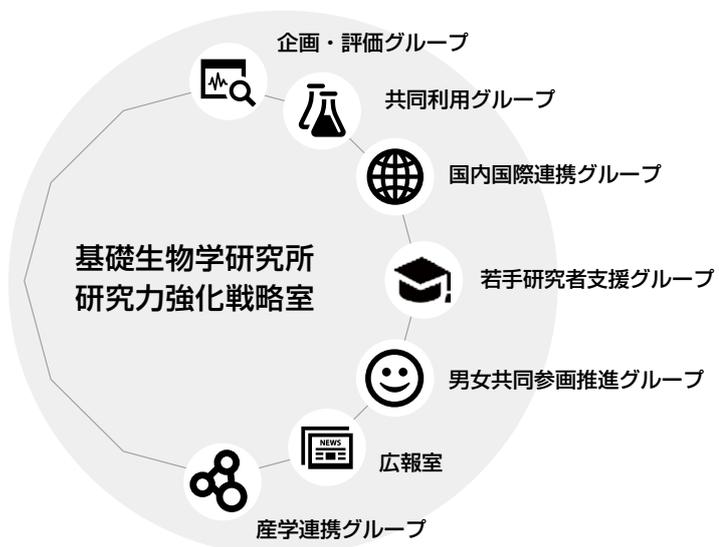
図1. 2019年度の ABiS 活動

2019年度は、4つの学会においてブース出展を行い、ABiS の周知活動を行った(左上、第42回日本分子生物学会での様子)。第42回日本分子生物学会では、4プラットフォーム合同によるランチョンイベントを開催し、支援成果と公募の説明を行った(右上)。シンガポールで開催された EoE IV では、GBI の参加国が発表を行い情報共有を図った(左下)。イメージング研究の活性化を目的として、2回目となるイメージングコンテストを日本生物物理学会において開催した。ユーモア部門、知的部門、美的部門のカテゴリーを設定し、8月上旬より約1ヶ月間応募を募り、多数の応募の中から、各部門でグランプリを決定した(右下、左からイメージングコンテスト担当の宮田先生、年會会頭の永井先生、プレゼンターの上野先生)。



# 研究力強化戦略室

研究力強化戦略室は、自然科学研究機構として採択された文部科学省研究大学強化促進事業のサポートのもと、2013年度に設置された組織である。企画・評価グループ、国内国際連携グループ、広報室、共同利用グループ、若手研究者支援グループ、男女共同参画推進グループに加え、2020年度より産学連携グループを設置し、自然科学研究機構の研究力強化推進本部との連携の基に、基礎生物学研究所における研究力強化のための中心的な活動を行っている。



## 研究力強化戦略室

室長

副所長・教授

長谷部 光泰

副室長

教授

吉田 松生

副室長

准教授

真野 昌二



## 研究力強化戦略室 共同利用グループ

基礎生物学研究所は、基礎生物学研究の中核拠点として、大学や研究機関などに所属する所外の研究者に対し、共同研究、および所内の共通機器や共通施設を利用して行われる共同利用研究の場を提供し、生物学コミュニティ全体の研究力の強化を目指している。研究力強化戦略室共同利用グループは、基礎生物学研究所で行われている、共同研究・共同利用のサポートを行っている。

### 共同利用グループ

担当

教授

高田 慎治



室員

教授

重信 秀治



室員

特任准教授 URA

亀井 保博



室員

准教授

内山 郁夫



事務支援員  
市川 真理子  
市川 千秋

# 研究力強化戦略室 企画・評価グループ

研究力強化戦略室企画・評価グループは、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、広報活動、若手研究者育成、男女平等参画推進、産学連携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。研究力強化戦略室企画・評価グループはこのような資料整備を集中して行っている。



企画・評価グループ制作の印刷物



外部点検評価会議

## 現在行っている主な活動

1. 概算要求資料の作成
2. 自己点検評価、個人業績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
3. 外部点検評価会議開催に関する庶務
4. 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）
5. 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
6. 研究所の研究業績データの整備・維持
7. 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

### 企画・評価グループ

担当

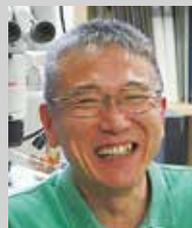
副所長・教授  
長谷部 光泰

担当

教授  
川口 正代司

室員

准教授  
真野 昌二



室員

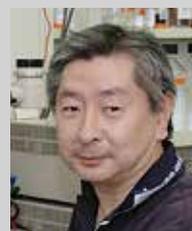
准教授  
児玉 隆治

室員

助教  
定塚 勝樹

室員

助教  
藤田 浩徳



# 研究力強化戦略室 国内国際連携グループ

研究力強化戦略室国内国際連携グループは、基礎生物学研究所の学術交流事業の支援を行っている。主な業務は、研究所が主催する会議や実習コースの企画・運営および連携する国内外の学術機関などとの研究者や学生の人材交流活動支援などである。また、海外からの訪問研究者、インターンシップ生受入れへの対応も行っている。

基礎生物学研究所は、基礎生物学研究所コンファレンスなどの研究所主催の国際会議や各種研究会の開催を通して、生物学研究の最先端や新たな領域を切り拓く努力を続けるとともに、研究者同士を繋ぐ研究者コミュニティの形成を目指している。海外学術機関の欧州分子生物学研究所 (European Molecular Biology Laboratory, EMBL)、ハイデルベルグ大学 Center for Organismal Studies (COS、ドイツ)、プリンストン大学 (アメリカ) などと交流協定を結び、シンポジウム開催や人材・技術交流などを行っている。また、北海道大学低温科学研究所、熊本大学発生医学研究所などとの連携協定や大学連携バイオバックアップ (IBBP) 事業を通じて、国内の大学・研究機関との学術交流を進めている。

研究力強化戦略室国内国際連携グループでは、会議・研究会や実習コースの開催、研究者や学生の派遣、受入れなど、連携・共同研究事業のサポートを通して、基礎生物学研究所の研究者交流活動、研究者コミュニティ形成を支えている。



第 67 回 NIBB コンファレンスでの受付業務



Cryopreservation Conference 2019 での受付業務

## 現在行っている主な活動

1. 欧州分子生物学研究所 (EMBL)、プリンストン大学やハイデルベルグ大学 COS などとの共同研究活動に対する支援、合同会議や合同実習コースの開催支援
2. 新たな海外学術機関との連携に向けた各種活動の支援
3. 国内学術機関との連携に係る各種活動に対する支援
4. 基礎生物学研究所コンファレンス (NIBB Conference) や基礎生物学研究所国際実習コース (International Practical Course)、Cryopreservation Conference など、研究所主催の会議・研究会、講習会の開催支援
5. 各種海外派遣・受入事業を通じた研究者や大学院生の交流に対する各種支援
6. 外国人研究者や大学院生の来所時、滞在中の生活、研究活動に対する各種支援

### 国内国際連携グループ

国際連携担当  
教授  
上野 直人



国内連携担当  
教授  
長谷部 光泰



IBBP 担当  
特任教授  
成瀬 清



室員  
教授  
森田 (寺尾) 美代



室員  
特任助教 URA  
立松 圭



技術課技術職員  
加藤 愛

特任専門員  
田中 文字

事務支援員  
Cowan Glen  
高橋 律江

# 研究力強化戦略室 若手研究者支援グループ

トップレベルの研究を行っている教員・研究者と最新鋭の研究設備を擁する基礎生物学研究所にとって、その優れた環境を活かして、次の世代を担う研究者を育成することは、重要な使命の一つである。若手研究者支援グループは、大学院生を中心とする若手研究者の研究・教育を効果的にサポートする部署として様々な活動を行っている。

基礎生物学研究所は、総合研究大学院大学（全国18カ所の大学共同利用機関等で教育を行う大学院大学、以下、総研大）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生の教育を担当している。また、国内外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、研究指導を行っている。さらに、短期訪問中の学生なども加わり、当研究所には50名あまりの博士学位取得を目指す学生・研究生が在籍している。

若手研究者支援グループでは、総研大本部や岡崎統合事務センターなどの担当部署とも連携して、各担当教員とともに大学院生に関連する業務を行っている。大学院生・若手研究者の声を直接聞き、各方面からの情報をとりまとめることで、より実りのある支援ができることを目指している。

## 現在行っている主な活動

1. 大学院生向け授業科目のシラバスのとりまとめ
2. 大学院説明会、体験入学など、研究所における総研大関連事業の運営支援
3. 英語教育担当教員と協力して、大学院生や若手研究者向けの英語教育プログラムの立案、実施、実施補助
4. フレッシュマンコース、生命科学リトリートなど、総研大における専攻横断的な授業科目・プログラムへの協力、実施支援
5. 基礎生物学専攻・教育担当教員として、総研大での教育研究に関わる事項の審議への参画
6. 学生、教員向け各種情報の集約・提供

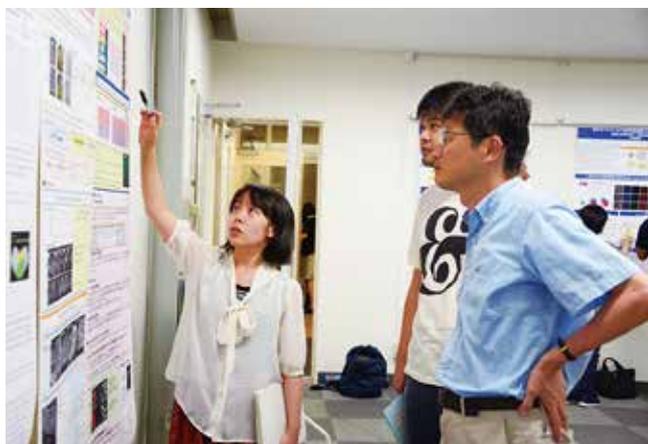


生物学英語論文読解コース

## 若手研究者支援グループ

担当  
教授  
新美 輝幸

室員  
助教  
小峰 由里子



生命科学プロGRESS発表



大学院説明会・大学院生による学生生活の紹介

# 研究力強化戦略室 男女共同参画推進グループ

研究力強化戦略室男女共同参画推進グループは、男女が互いを尊重し、それぞれが能力を発揮できる環境整備を目指して、子育てなどのライフイベントに直面する研究者に対する支援に関するニーズの調査や、研究者のキャリア形成に関する情報交換、子供の帯同を可能とする多目的室の運営を行っている。

自然科学研究機構では第三期中期計画として「新たな男女共同参画推進アクションプログラムを設定・実行することにより、男女共同参画の環境を整備・強化する」ことを掲げている。研究力強化戦略室男女共同参画グループは、所内における男女共同参画推進に関して、所員からの意見の集約窓口の機能を果たしている。

## 現在行っている主な活動

1. 所内女性研究者や育児世代の男女の情報交換のためのメーリングリストの運営
2. 研究者のワークライフバランスやキャリア形成に関する情報収集
3. 子供の帯同を可能とする多目的室の運営
4. 自然科学研究機構が行う育児支援制度に関する所内における相談窓口
5. 「さくら保育園」に関する所内における相談窓口



授乳スペース（左）やシンク（下）も完備し、子供帯同が可能な部屋として本格的に稼働を開始した多目的室

## 男女共同参画推進グループ

担当

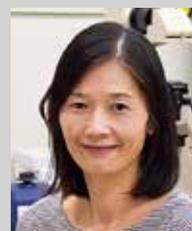
教授

東島 眞一

室員

准教授

坪内 知美



# 研究力強化戦略室 広報室

研究力強化戦略室広報室は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。

広報室は、基礎生物学研究所の活動や研究成果を様々な形で可視化し、発信する活動を行なっている。

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。また、メディア対応窓口として、各メディアの記者や担当者との関係構築を進めている。

独自メディアの構築も重要なミッションであり、映像やインターネットを活用し、コンテンツの作成を進めている。

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や顕微鏡観察などの体験型の展示の企画を行っている。

総合研究大学院大学 生命科学研究所 基礎生物学専攻の広報活動も担当している。

## 現在行っている主な活動

1. プレスリリースの発行
2. メディア対応
3. 研究所ホームページのコンテンツ制作
4. 要覧・パンフレットの編集
5. 映像制作・インターネット中継の実施
6. 基礎生物学分野の展示の企画・運営
7. 出前授業等のアウトリーチ活動のコーディネート
8. 所内ニュースレター「基生研ニュース」の編集
9. 寄付に関する広報活動



広報室制作のパンフレット類

広報室  
担当  
教授  
藤森 俊彦

室員  
特任助教 URA  
倉田 智子



技術支援員  
伴 美里  
星野 真喜  
内村 愛



ニコニコ生放送の実施



# 研究力強化戦略室 産学連携グループ

基礎生物学研究所で行われている研究は、産業上有用な知見や新技術のきっかけとなる可能性を有している。これら先端的な研究成果から生まれた知的財産の活用を通じて、革新的な技術開発や新たな産業の創出などの経済効果が生まれる。産学連携グループは、特許取得や民間企業との共同研究をサポートする部署として、基礎生物学研究所の研究者と民間企業との橋渡しを担う活動を行っている。

基礎生物学研究所における様々な研究活動から生み出される成果は、生物学における真理の探求や基本原理の解明のみならず、産業上有用な知見や新技術のきっかけを含み、新たな産業のシーズとなる可能性を有している。

産学連携グループでは、自然科学研究機構産学連携室、および岡崎統合事務センターの担当部署と連携して、特許取得の支援から実用化に向けた共同研究や受託研究のサポートまで、産学連携に関連する業務を行っている。基礎生物学研究所の研究から生み出された知的財産やリソース、研究設備を有効活用し、基礎研究から生まれた成果を社会に還元することを目指している。

## 現在行っている主な活動

1. 特許取得の支援
2. JST 等の研究成果の実用化を目的としたファンディングの相談
3. 民間企業との共同研究、受託研究の調整
4. ライセンス交渉等のサポート

### 産学連携グループ

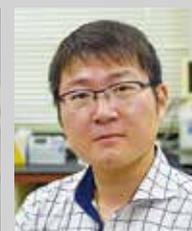
担当  
教授  
皆川 純



室員  
准教授  
児玉 隆治



室員  
特任助教  
金井 雅武



# 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・事務室の業務は高田慎治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」）の保管、各種手続き

### 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. 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  
小谷 慶子

受付・事務室（明大寺地区）



# 安全衛生管理室

安全衛生管理室は、快適な職場環境の実現と労働条件の改善を通じて所員の安全と健康を確保することを目的として、安全及び衛生に関する企画立案・作業指導・実情調査等の活動を行っている。

安全衛生管理室は、基礎生物学研究所で研究に関わる所員全員が快適に研究活動できる環境を維持することを目的として、研究室や研究施設内の安全及び衛生面を向上するための様々な活動を行っている。

安全衛生巡視の企画・実施では、法令で定められている週1回の安全衛生巡視を行っている。基礎生物学研究所の安全委員も同行し研究室・研究施設内を点検し日々改善を行っている。

有害業務（化学物質の使用）や小型圧力容器、遠心機、レーザー機器、局所排気装置等の各機器において法令で定められている自主点検を安全委員の協力を得て行っている。

安全衛生講習会（雇入れ教育）を年2回、新任者を対象に実施している。

岡崎3機関で導入している薬品管理システム CRIS の運用管理を行っている。

自然科学研究機構の各機関（国立天文台、核融合科学研究所、岡崎3機関）を相互に巡視を行う、自然科学研究機構特別相互巡視及び自然科学研究機構安全衛生相互巡視に加わり自然科学研究機構内での安全衛生に関する情報交換を行っている。

安全衛生管理室会議を開催し、安全衛生に関する法令への対応、基礎生物学研究所内の安全衛生に関わる問題点の改善、巡視項目などを議論し改善に努めている。

その他、安全衛生に関する調査などの対応を行っている。

## 現在行っている主な活動

1. 法令で定められている週1回の安全衛生巡視の企画・実施
2. 有害業務（化学物質の使用）に関する調査
3. 小型圧力容器、遠心機、レーザー機器、局所排気装置等の自主点検
4. 安全衛生講習会（雇入れ教育）の実施
5. 薬品管理システムの運用管理
6. 自然科学研究機構特別相互巡視の実施
7. 自然科学研究機構安全衛生相互巡視の実施
8. 安全衛生管理室会議の開催
9. その他、安全及び衛生に関する調査・対応

安全衛生管理室長  
教授  
皆川 純



技術課技術職員

三輪 朋樹  
水谷 健  
松田 淑美

諸岡 直樹  
澤田 薫  
飯沼 秀子



自然科学研究機構特別相互巡視



安全衛生講習会

# 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、技術課内でセミナーや研修等の活動を行い、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、遺伝子やタンパク質解析の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、情報ネットワーク・セキュリティ及びNGSデータ解析や生物データベースの構築、実験動植物の飼育・栽培や施設の管理及び形質転換生物の作製・維持、アイソトープ実験施設の管理等を行い、共同利用研究を支援している。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、形質転換生物の作製等を行い、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。

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報告し、相互理解と情報交換を行い、知識の向上に努めている。

3. 技術報告会：配属先での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、1年間の日常業務に関する技術の

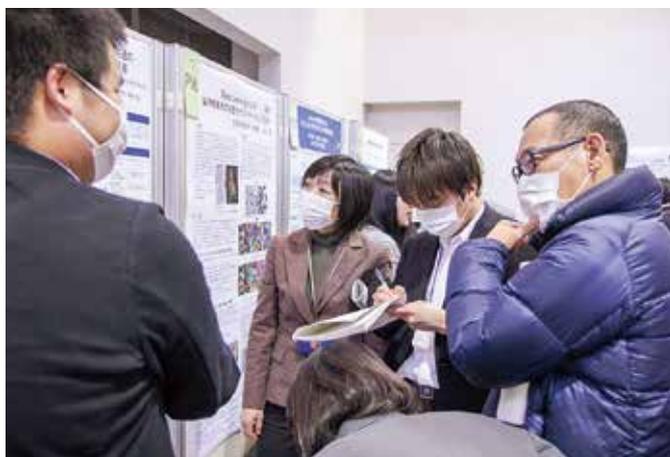
成果をまとめて発表し、討論することにより、情報交換及び技術・知識の向上に努めている。

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。

5. 生物学技術研究会：全国の大学や研究機関における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、生物学技術研究会を毎年開催している。日常関わっている幅広い分野での研究支援の成果や問題点を発表し、討論することにより資質の向上を目指している。「生物学技術研究会報告」としてまとめ、関係機関に配布している。

6. 自然科学研究機構技術研究会：機構の5研究機関の技術系職員による、自然科学研究機構技術研究会を持ち回りで毎年開催している。多様な科学技術の交流と連携を通し、機構内の技術系職員のネットワークの構築を目的としている。

7. 研究所への支援活動：配属先における研究支援の他、研究所の共通機器、プレゼンテーション用機器等の保守管理、及び見学者の対応等の支援業務を行っている。また、各種分野の有資格者を育成し、化学物質の管理、実験廃液の回収等、安全衛生に関する業務を支援している。



生物学技術研究会



自然科学研究機構技術研究会・参加型実習体験



自然科学研究機構技術研究会



技術課長 三輪 朋樹

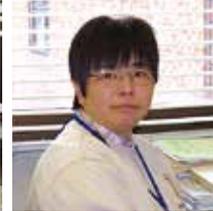
研究施設技術班



技術班長 森 友子



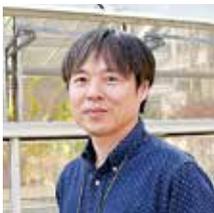
技術係長 松田 淑美



技術係長 近藤 真紀



技術係長 大澤 園子



技術係長 諸岡 直樹



技術主任 澤田 薫



技術主任 牧野 由美子



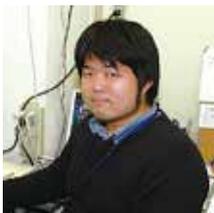
技術主任 山口 勝司



技術主任 西出 浩世



技術職員 飯沼 秀子



技術職員 中村 貴宣



技術職員 野口 裕司



技術職員 斎田 美佐子



技術職員 杉浦 宏樹

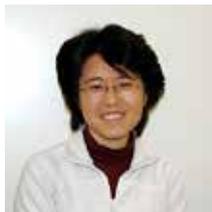


技術職員 加藤 愛

研究系技術班



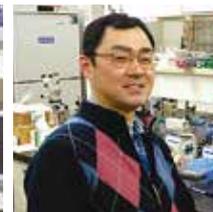
技術班長 水谷 健



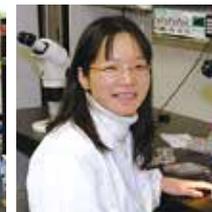
技術係長 田中 幸子



技術主任 林 晃司



技術主任 竹内 靖



技術主任 高木 知世



技術主任 内海 秀子



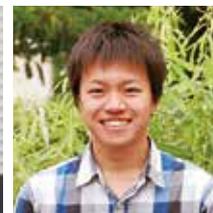
技術主任 岡 早苗



技術職員 野田 千代



技術職員 水口 洋子



技術職員 尾納 隆大



技術職員 西本 裕希



技術職員 大井 祥子

技術支援員  
市川 真理子  
市川 千秋  
高木 由香利  
柴田 恵美子  
小谷 慶子  
杉永 友美  
山口 千波

事務支援員  
片岡 ゆかり  
都築 志保子  
宇野 智子

# 岡崎共通研究施設

## アイソトープ実験センター

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

センター長：長谷部 光泰 教授

センターは、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、主に生物学、生理学および分子科学の研究に使用するための施設である。

センター運営は、センター長（兼任）、准教授 1 名、技術職員 3 名、技術支援員 1 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

$^3\text{H}$ ,  $^{14}\text{C}$ ,  $^{32}\text{P}$ ,  $^{33}\text{P}$ ,  $^{35}\text{S}$ ,  $^{36}\text{Cl}$ ,  $^{45}\text{Ca}$

山手地区実験施設

$^3\text{H}$ ,  $^{14}\text{C}$ ,  $^{32}\text{P}$ ,  $^{33}\text{P}$ ,  $^{35}\text{S}$ ,  $^{125}\text{I}$

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  
林 友子

施設利用者のため教育訓練（2019 年度 RI 取扱使用者講習会）



RI 使用室



RI 排気設備



RI 排水設備

## 計算科学研究センター

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

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。

## 動物資源共同利用研究センター

<https://www.nips.ac.jp/animal/>

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。

計算科学研究センターの大型計算機



# 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。

機器研究試作室





# 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

- ・職員証・入館証による 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。



岡崎コンファレンスセンター 外観

大隅ホール 208 名、中会議室 112 名、小会議室 100 名の利用ができる。



大隅ホール

## 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 14] 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：18 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

## 職員会館

食堂（1 階）、売店（2 階）、トレーニングルーム（地階）などがある。



職員会館 外観



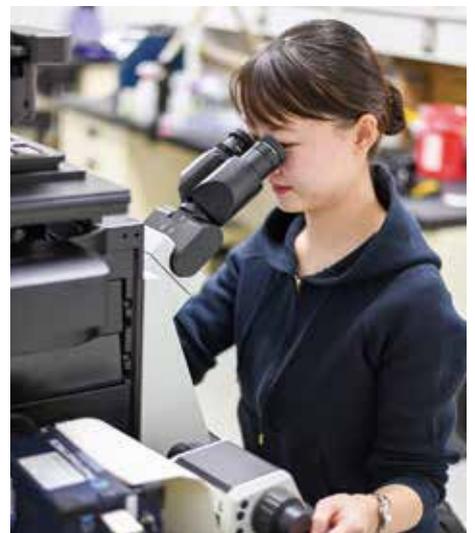
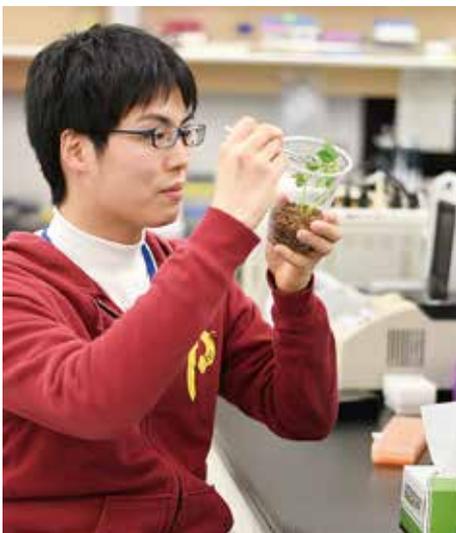
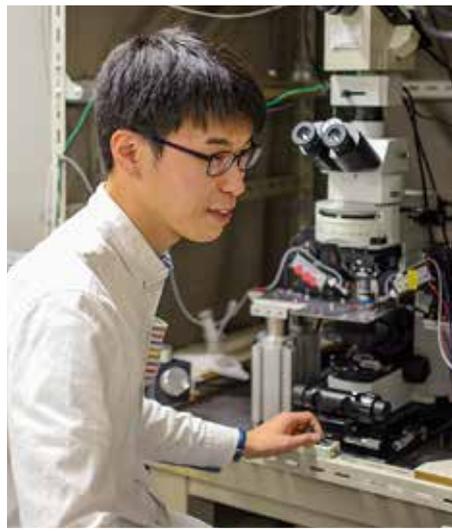
食堂



売店



トレーニングルーム



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ています。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、大学院教育を行っています。

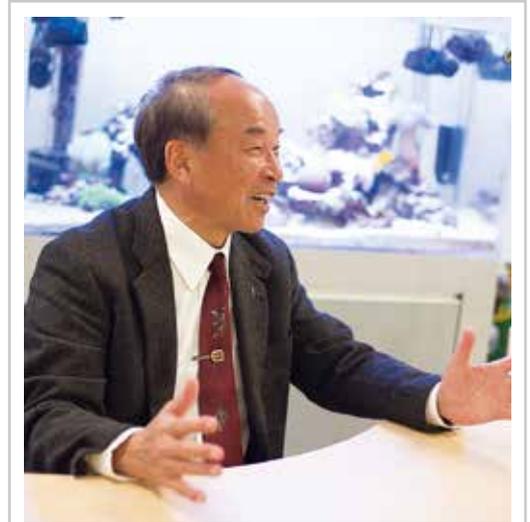


最近博士課程へ行く研究者が減ったと嘆く大学人が多い。学位を取った後の就職が難しくなったとか、大学の研究者や教員になったところで任期がついて、とてもやってられない、と言った理由が良く聞かれる。しかし、われわれより上の世代も＜オーバードクター問題＞といって、博士学位を取得しても全く大学教員のポストがないことが社会問題化していた。予備校の講師で生計を立てたり、配偶者の経済的支援の元で、研究を続ける人も多かった。私は博士課程の一時期に新聞配達をしていた。そんなにまでして研究者を目指していたのは、研究にわくわく感があり、研究をしたかったからである。

分子生物学の台頭とともに、生物学は現象を個々の遺伝子レベルへと分解できるようになり、自分が決めた ATGC 配列で今まで理解不能だった生命現象を説明できるようになったのだ。そんなわくわく感のある生物学を長い間楽しめたのだから、若い頃に生活に困ったことも鬱になったことも古き良き思い出となった。今は、要素を分解して、この遺伝子が機能しなくなるとこんなことが起こるとわかって、残念ながら昔のような高揚感はない。

今では、＜構成生物学＞なる学問が謳われ、還元論に対して、逆に部品を組み立てればそうなるのかを検証する時代へと転換している。さらに、全ゲノム配列決定が容易になった時代に合わせるようにゲノム編集技術が開発され、今までにないわくわく感のある生物学が創出された。こんな生物学が成立するなんて誰が想像しただろうか。そう、諸君らの世代は、今までとは全く違う次元の生物学を楽しめる時代を生きているのだ。

そんな若者の受け皿となるのが基礎生物学研究所だ。修士で就活するかどうかなんて考えることなく、5年間ひたすらわくわく感を求めて新しい生物学に没頭する。そんな場を提供するのが基礎生物学研究所だ。もちろん、新時代の実験進化学も逆進化学も基礎生物学研究所では可能だ。対象となる生き物のゲノム・シーケンスをし、その生物を飼育してゲノム編集をできるような環境が最も先鋭的に整備されているからだ。若い世代の参画で、基礎生物学研究所が世界のフロント研究所として認知される日は近い。わくわく感求める若者を研究所は待っている。



## 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、生命科学研究科基礎生物学専攻があり、大学院生を募集しています。

生命科学研究科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。基礎生物学専攻には、学部卒業生を対象とする5年一貫制のコースと、修士課程修了者を対象とする博士後期編入があり、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し、その解決に挑む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

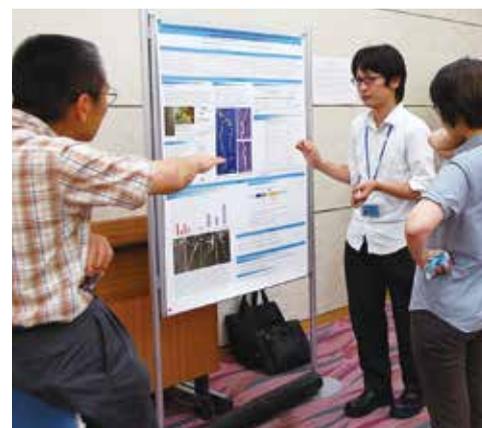
総合研究大学院大学は、他大学に比べて大学院生に対する教員数が非常に多く、それぞれの学生にあった十分な個別指導が行える体制を整えています。現在基礎生物学専攻では、総研大生47名に対して教員66名の体制で教育を行っています。また、一人の学生を複数の教員が指導をする複数教員指導体制をとっており、所属研究室の枠を超えて指導を受けることができます。また研究所には教員以外にも多くの研究者が在籍しており、共同研究や交流を行うことができます。

### 質の高い多くのセミナー

基礎生物学研究所では、国内外から講師を招き、数多くのセミナーが日常的に開催されています。また、隣接する生理学研究所や分子科学研究所で行われているセミナーに参加することもできます。セミナーは研究者としての視野を広げる良い機会となっています。

### 国際感覚を養う多くの機会

基礎生物学研究所では世界各国の研究機関（EMBL 欧州分子生物学研究所や、シンガポールのテマセク生命科学研究所）と学術交流協定を結び、連携活動を行っています。大学院生にも、連携先の研究機関を訪問するなどの学術交流の機会があります。また、基礎生物学研究所では、研究所主催の国際会議を岡崎の地で数多く開催しています。本専攻は、このような国際的学術交流を通じて、世界を身近に感じられる環境にあります。



## 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(科学英語コミュニケーションコースとプレゼンテーションコース)が開講されています。また、日本人教員による論文読解コースなど、ニーズに合わせた内容を取り入れています。

## 大学共同利用機関としての設備と環境

基礎生物学研究所には、大学共同利用機関として全国の大学や研究所と共同研究を進めるための十分な設備と環境が整備されています。モデル生物研究センターや生物機能解析センターなどには数多くの最新鋭の共通機器があり、専門職員のサポートの元に利用することができます。

## 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100万円の給与を得ることができます。

## 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約70%が、助教や博士研究員などの研究者として活躍しています。

## 幅広い分野にわたる学習の機会

総合研究大学院大学では、高い専門性ととも幅広い分野の教養を持った人材の育成を目指しています。また、国際交流や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学生。

## 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による面接によって、学習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、論理的な思考を展開して発表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生命科学研究所の募集要項をご覧ください。

# 大学院説明会

年間4回の大学院説明会を行っています。研究内容の紹介、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。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。



## 生命科学リトリート

生命科学研究という共通基盤を持ちながら専門分野が異なる、生命科学研究科の3専攻（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生命共生体進化学専攻の計4専攻の学生・教員が学術交流を行うプログラムです。学生が主体となって企画・運営を行い、合宿形式により密度の高い議論を行います。専攻をまたいだ人的ネットワークを作る機会にもなっています。



生命科学リトリート集合写真

## 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

生命科学実験演習Ⅰ～Ⅴ  
生命科学論文演習Ⅰ～Ⅴ  
生命科学プログレスⅠ～Ⅴ  
生命科学セミナーⅠ～Ⅴ  
分子細胞生物学Ⅱ  
バイオインフォマティクス概論  
バイオインフォマティクス演習  
イメージング科学  
生命科学のための統計入門  
など

### 基礎生物学専攻専門科目

基礎生物学概論Ⅰ～Ⅱ  
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

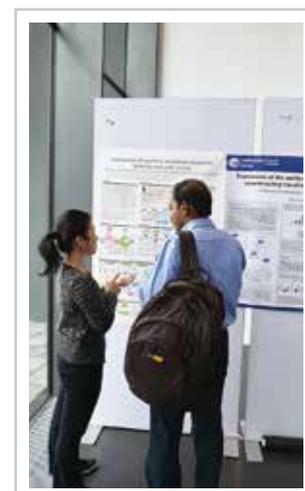
## 特別カリキュラム

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出来ます。

### 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

## 海外派遣の制度

総合研究大学院大学には、大学院生の国内外での研究活動の経費を支援する各種制度が整っています。また、基礎生物学専攻の学生には、自然科学研究機構と共同研究協定を結んでいる EMBL（欧州分子生物学研究所）で開催される EMBL PhD シンポジウムに参加する機会があります。



EMBL PhD シンポジウムのポスター発表にて

## 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 旭川工業高等専門学校 弘前大学 奥羽大学 東京大学 東京農工大学 横浜国立大学 早稲田大学 慶應義塾大学 立教大学 学習院大学 お茶の水女子大学 東京理科大学 東京農業大学 山梨大学 横浜薬科大学 法政大学 東海大学 信州大学 岐阜大学 福井工業大学 静岡大学 愛知教育大学 名古屋大学 名古屋工業大学 名古屋市立大学 三重大学 京都府立医科大学 京都工芸繊維大学 同志社大学 立命館大学 神戸大学 奈良女子大学 広島大学 島根大学 新居浜工業高等専門学校 高知大学 九州大学 Bei Hua Univ. (China), Capital Normal Univ. (China), China Agricultural Univ. (China), Haerbin Inst. of Technology (China), Peking Univ.(China), Justus Liebig Univ. (Germany), Mulawarman Univ. (Indonesia), Univ. of Texas at Austin (USA), Univ. of Victoria (Canada), Univ. of pécs (Hungary), Stellenbosch Univ. (South Africa), Vietnam National Univ.(Vietnam), Univ.of Sains Malaysia(Malaysia), Univ of Belgrade(Serbia)[2006年度 - 2020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 筑波大学大学院 千葉大学大学院 東京大学大学院 東京工業大学大学院 日本大学大学院 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 麻布大学大学院 横浜国立大学大学院 長岡科学技術大学大学院 信州大学大学院 石川県立大学大学院 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 奈良女子大学大学院 京都府立医科大学大学院 大阪薬科大学大学院 岡山大学大学院 鳥取大学大学院 徳島大学大学院 高知大学大学院 福岡大学（薬学部） Capital Normal Univ. (China) [2006年度 - 2020年度 入学者]

## 基礎生物学専攻修了者の進路

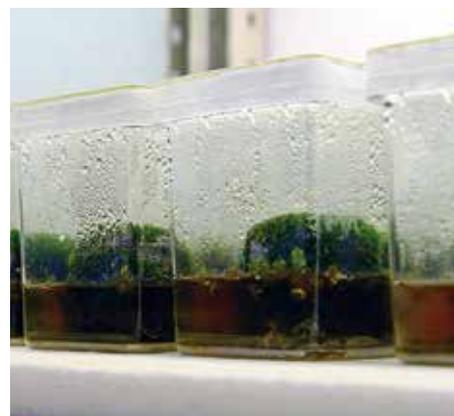
博士研究員や助教など（基礎生物学研究所 生理学研究所 北海道大学 東京大学 東京工業大学 慶應義塾大学 立教大学 理化学研究所 東京海洋大学 明治大学 富山大学 浜松医科大学 名古屋大学 奈良先端科学技術大学 大阪大学 九州大学 沖縄科学技術大学院大学 西南大学 (China) 湖北医薬学院 (China), Cold Spring Harbor Laboratory (USA), Hong Kong Univ.of Science and Technology (China), Inst. for Research in Biomedicine Barcelona (Spain), IST Austria (Austria), Univ. of Cambridge (UK), Univ. of Texas (USA), Univ. of Tronto(Canada), Univ. of Colorado Denver(USA)、津山高専講師、高校教員、民間企業研究員 [2006年度 -2019年度 修了者]

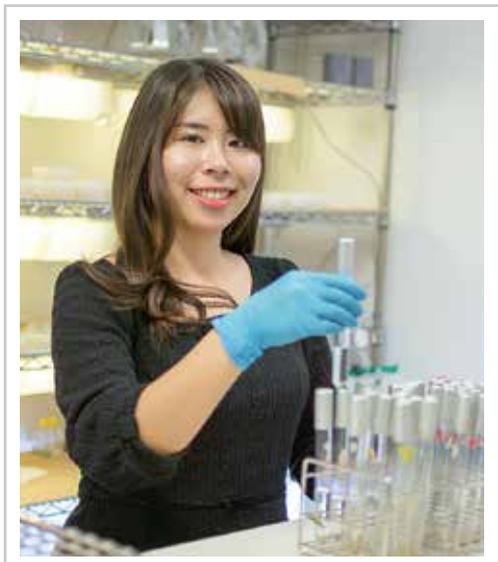
## 体験入学 " 研究三昧 "

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。2019年度は全国の大学・大学院から20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。

## 大学生のための夏の実習

夏休みに開催される、大学生（1年～4年）を対象とした2泊3日の実習コースです。自分の興味にあったコースを選択し、基礎生物学研究所の教員の指導の下に実習を行い、最終日には成果発表を行います。2019年度には7コースに分かれて25名が参加しました。受講生の募集等の情報は基礎生物学研究所ホームページをご覧ください。





私は、総研大の博士課程の学生として、基礎生物学研究所でサンゴの白化現象のメカニズム解析をテーマに研究しています。もともと私は、名古屋大学出身ですが、基生研で行うサンゴの研究に興味があって、修士の時から特別共同利用研究員として基生研で研究をさせてもらっていました。名古屋大学の修士課程を修了した後に、3年次編入で総研大に入学しました。

基礎生物学研究所は、学生よりも圧倒的に研究者の人数が多いため、自身も自立した研究者として活動する感覚があり、アカデミックな楽しさがあります。修士の頃から、研究報告会は英語で、研究テーマは与えられるのではなく、自分で研究を企画するスタイルでした。初めは上手くできず、難しく思っていたのですが、周りの研究者の方も優しく教えてくれ、英語も研究も日々成長している気がして楽しいです。

私が所属する総研大は、学生の海外派遣に力を入れています。総研大の海外派遣プログラム（長期）では、まず自分で研究を企画し、受け入れ先の研究所とも連絡を取り合って滞在の計画書を作ります。そしてその計画をもとに審査があり、通るとその滞在に関わる資金が支援してもらえらるという制度です。私は、この制度を利用して、二ヶ月間オーストラリアに滞在してきました。世界最大のサンゴ礁域であるグレートバリアリーフでサンゴのサンプルを採集し、シドニーにある研究所へ輸送して実験しました。夏でサンゴ採集シーズンだったため、様々な国からサンゴ研究者がオーストラリアへ集まっていた、たくさんの出会いがありました。海外の研究者は、より国境の壁を超えて国際的に活動を楽しんでいる印象でした。あるイタリア人の女の子は、オーストラリアで博士課程の学生をしているけれど、サウジアラビアの研究所にも籍があり、そちらで実験をすることもあると言っていました。また、あるイスラエル人の女の子は、博士課程の数ヶ月を使って沖縄の研究所に滞在し、技術習得を目指す予定だと言っていました。彼女たちの話を聞いて、私もそんな風に一つの国に閉じこもらない、国際的に活躍する研究者になりたいと思いました。海外に行くと、考え方や働き方の違いなど視野が広がって学ぶことが多いので、ぜひ学生のうちに機会を作ることをお勧めします。





福島 健児  
コロラド大学 研究員（執筆当時）  
現ドイツ ヴェルツブルク大  
グループリーダー

私が総合研究大学院大学基礎生物学専攻の5年一貫博士課程で食虫植物の研究を始めたのは2010年春のことです。中学生の頃に芽生えてその後一旦は枯れてしまった植物への興味が再燃したのは、なんとこの世には動物を狩る植物がいるらしいという驚きがきっかけでした。そのとき生じた推進力で愛知県岡崎市まで辿り着き、基礎生物学研究所の長谷部光泰先生のもとで、当時の驚きを科学的問いに写し直す作業が始まりました。

長谷部研究室は研究材料のつぼでした。コケ植物ヒメツリガネゴケの再生や発生が研究室の主流テーマではありましたが、それを尻目に複数の学生・ポスドクが思い思いの材料で独自の研究を進めていました。ヒメツリガネゴケの培養プレートがうず高く積まれる実験台の横で、ハナカマキリやクルマホソガが跳ね、あるいはタバコの培養細胞が揺られ、あるいはドクダミやオジギソウなど奇抜な植物が運ばれてくる光景が研究室の日常でした。外部から訪問された研究者にラボ内を紹介して回ると、「この研究室はその辺の学科よりも研究が多様だね」などと呆れとも感心ともとれる感想が得られました。試行錯誤の多い研究テーマばかりでしたが、若手の自主性に寛容な雰囲気は誇るべき特色であったと思います。思い返せば、直接に若者を指南することこそ多くはありませんでしたが、成長を決して阻害しないだけの資源と機会を確保する努力があったのだらうと思います。学生であった私は専らその恩顧をこうむるばかりでした。

さて、いざ入学が許されると決まった後、少なからずの準備をしました。食虫植物の進化を考えるにあたって、最初に形の研究が面白そうだと思い至りました。植物の葉は大抵平らなものですが、食虫植物の中には壺型の葉を作るものがあります。平らな葉のどこを変えれば壺形になるか、その仮説と研究計画を練りました。“仮説”などといういかにも科学的な匂いのする大仰なものを作ってやったぞウハハハと、少し自信を持って研究室の門を叩きました。研究室の末席に連なってすぐに察せられたのが、当時在籍されていた先輩方が傑物揃いだったということです。彼らの研究計画は緻密でした。そしてその計画の目的とするところが実に面白い。確かにその通りに事を進めれば目的を達するだろうという説得力を伴っていました。たとえば、当時日本学術振興会特別研究員PDとして在籍されていた大島一正博士（現・京都府立大学）は、潜葉性昆虫クルマホソガにクルマ食の集団とネジキ食の集団がいることに着目して、集団遺伝学を駆使して食草転換を可能にする遺伝的基盤を研究されていました。それは明らかに私には思いつけない問題設定とアプローチでした。そういった研究に触れてから自分の研究計画を見返すと、とても陳腐なものに思えました。先輩たちのような芸当が自分にもできるだろうかと、最初の数ヶ月は悶々と過ごしたのを記憶しています。

食虫植物ムラサキヘイシソウを材料に、土台は陳腐ながらも当初の計画をツギハギして研究を進めると、一旦は仮説に合う結果が得られました。これはすぐさま論文になるぞと意気込んで実験を繰り返してみると、どうにも違った結果になります。「前回の結果は何かの間違いだったのでまた一から考え直しです」とラボミーティングで報告すると、セミナー室の奥に陣取った長谷部先生が「君は今2つの結果を持っているだけだから、矛盾していると考えるのは早計だ」と意見をぶつけてきました。ミーティングは英語で行われていたので実際にはニュアンスの違う表現だったかもしれませんが、とにかく、新しく得られた結果こそが真で古いデータはすべて間違いだと断じる私の態度に疑問を投げかける内容でした。意見を受けた直後は、現場で実際に手を動かしている自分の判断こそ正しいはずだと否定的に考えたものですが、一晩寝かせてみると情緒的な反発が抜けて、一考の余地はあるかもしれないと思いはじめました。その後、確かに2つの結果はどちらも正しく、捕虫葉の形作りの過程で結果1の状態から結果2の状態へと移り変わることが明らかになり、研究は大きく前進するこ

とになりました。いくらかのデータを伴ったこともあり、その頃には愛着を差し引いてもなお学問的魅力を備える研究になりつつあったと思います。その後、所内の飲み会で始めた議論が発展して、同研究所の藤田浩徳博士らと数理シミュレーションの共同研究が始まり、その結果が仮説検証の決定打となって2015年に無事論文を発表することができました。

あるとき、これまたラボミーティングで「君のデータ処理は甚だ間違っている」と先輩諸氏から指摘を受けたのと、当時の私の目線からは魔術めいて見えた統計学へのミーハー心から、研究所の統計勉強会へと通い始めました。勉強会は、教科書を各自予習しながら互いの疑問を解決するという相互扶助の理想を掲げ、その実、会の発起人であり統計学に習熟した佐藤昌直博士（現・北海道大学）にその他大勢が教えを請うという構図でした。私もその他大勢の一員として佐藤博士の親切に寄生するかたちで、なんとか学習曲線の停滞期を抜けることができました。一旦理解が進み始めるとあとは楽しいもので、教科書の例題をこなしていくうちに「とにかく3点ずつ反復実験をやって検定と名のつく呪文で有意差と呼ばれる印籠が得られればそれでよいのだろう」と、今思えば甚だ統計を軽んじていた態度の私であっても、統計解析用のプログラミング言語 R を使い、データの分布を見ながら統計モデルを選ぶ、といった作法が身についていきました。統計の初歩を学べたことで、思考停止3回反復の実験スタイルもいくらか改善されたように思います。統計に限らず、基生研では若手を中心にした勉強会がゆるやかにターンオーバーしながら常時複数運営されているようです。有志の勉強会で得た知識や方法論は取得単位数には影響しませんが、私の基生研生活の中で最も実用的な学びであったように思います。

在学中、ムラサキヘイシソウの研究と並行してもうひとつ研究プロジェクトを進めていました。食虫植物フクロユキノシタを使った研究です。この植物はとても特徴的で、ムラサキヘイシソウと同じように袋型の捕虫葉を作るのですが、それに加えて普通の植物と同じような平らな葉も作ることができるのです。捕虫葉は平らな葉から進化したことが分かっているので、フクロユキノシタの中には祖先と子孫が同居しているようなものです。二種類の葉を一個体の植物の中で比較できれば、食虫植物の進化研究は飛躍的に進むと考えました。

そこでまずは葉の作り分けの制御に取り組みました。フクロユキノシタをとにかく様々な環境で培養して、どちらかの葉だけを作る条件を見つけようという目論見です。フクロユキノシタは成長が遅いため、植え継ぎ後三ヶ月程度待って作り分けの結果が分かります。必然的に暢気な実験になるので、できるだけたくさん条件を同時に試したいと考えました。「年単位で人工気象機を8台くらい使いたいけれど入学初年度の大学院生に割けるリソースじゃないよな」などと考えながらもダメで元々とモデル植物研究支援室へお伺いを立ててみると、意外にも「ちょっと型が古いけど」と控えめな前置きとともに8台の人工気象機を即日貸し出してくれました。このおかげで、光量・光質・光周期・栄養・植物ホルモンなど思いつく限りの条件検討を実施することができ、温度の違いによって最も顕著に葉の作り分けを制御できることがわかりました。

研究所からのリソース支援はそればかりではありません。あるとき参加した国際学会のツテで総説論文を書かないかという依頼があったので、葉の形の多様化をテーマに執筆することにしました。園芸店を巡って買い漁った奇々怪々な植物の形作りについて、最新の知見でどこまで説明可能かを議論した総説は納得のいく出来になりました。その過程で大温室の半分を単独使用できていたのも、基礎生物学研究所の懐の深さゆえでしょう。総研大からの支援にも大いに助けられました。総研大には気前のよい海外学生派遣事業があり、それを利用して米国ハーバード大学の Elena Kramer 教授のもとへヶ月ほど修行に出ました。フクロユキノシタの遺伝子抑制を実現するためです。派遣期間中の成功には至りませんでした。そのとき習得した技術を発展させ、帰国からほどなくしてフクロユキノシタの遺伝子抑制法が確立できました。

フクロユキノシタの2種類の葉で働いている遺伝子を網羅するためにゲノム解読にも取り組みました。フクロユキノシタの核ゲノムはおよそ20億塩基対あります。モ

デル植物シロイヌナズナの15倍以上ですから、その解読は容易ではありませんでした。しかし、私が基礎生物学研究所に在籍していた2010－2015年は超並列塩基配列読み取り装置、いわゆる次世代シーケンサーが普及し始めた時期で、私もその大波に乗れたのか攫われたのか議論の余地を残しますが、とにかくその恩恵に与りました。Beijing Genomics Instituteや、基礎生物学研究所に設置された当時最新の第三世代シーケンサー（長谷部先生が代表を務めた新学術領域研究「複合適応形質進化の遺伝子基盤解明」において導入）、そして何よりも多数の共同研究者の力を借りながら、核ゲノムの76%程度を読み取り、36,503個の遺伝子を特定しました。遺伝子の解析中にも協力者は増えていき、ベルギー、カナダ、中国、デンマーク、日本、スペイン、米国からの研究者が参加する大きな共同研究へと発展しました。2017年に発表した論文には33名が名を連ね、葉の作り分け実験を起点にして、獲物の誘引・捕獲・消化・吸収に関与する可能性が高い遺伝子を一挙に報告しました。

基生研で研究を始めた当初は、自分は学位をとった後もしばらく食虫植物の研究を続けていくものだと思っていました。しかし、今は米国コロラド大学に研究員として異動し、収斂進化を研究対象に、リソースが豊富だからという理由で動物のゲノム情報の解析に取り組んでいます。食い詰めてやむにやまれずの分野転向であったなら当時の自分に言っても得心してくれるかもしれませんが、実際には自ら進んで食虫植物を放り出しました。それもフクロユキノシタの研究はこれからが本番、軌道に乗ってどんどん成果を出すぞという時期にです。断じて飽きたわけではありません。ゲノムプロジェクトの道すがらに見つけた遺伝子レベルでの収斂進化に抗いがたい魅力を見て、その専門家であるDavid Pollock教授のもとでその研究に専念することを決めました。

収斂進化とは別々の生物が同じような形質を獲得する現象を指します。食虫植物はいくつかの分類群から別々に出現していて互いに良く似るので、形や機能に関する収斂進化の典型例と見做されてきました。それら独立起源の食虫植物たちが同じタンパク質に同じアミノ酸置換を蓄積して消化酵素として利用している、つまり遺伝子レベルでも収斂進化が起こっていることがゲノムプロジェクトの副産物として分かったのです。他人のそら似のはずの生物同士がよく似た遺伝子を使っていたことに、形容し難い衝撃を受けました。

よく知られた進化学への批判に、「再現可能性は科学の根幹であり、進化は再現不可能であるから科学ではない」というものがあります。細菌の人工進化など実験室で再現可能な進化過程もありますが、たとえば食虫植物などは現状とても作り出せませんから、このような批判を受けたときはぐぬぬと引き下がるほかないかもしれません。しかしどうでしょう。自分で再現せずとも、自然界で既に繰り返し実験が済んでいる例がたくさんあるのです。それが収斂進化です。食虫植物に限らず、鳥類とコウモリの飛翔能力、クジラ・カバ・カモノハシなどの潜水能力、その他生物進化の様々な場面に収斂進化は生じています。そのような複数回進化でどのような遺伝的変化が繰り返され、あるいは繰り返されないか、それを突き詰めていけば、一見して無限にも見える生物の多様化にどのような法則が存在するのか、その答えに手が届くかもしれません。

このような経緯から、私は食虫植物を志して基生研へ辿り着き、そこで収斂進化に逢着して基生研をあとにしました。筆を進めるうちに気を大きくして厳密性を損なう表現があったかもしれません。科学的な解説手順にそぐわない経験を描写するため、筆が滑ったと多めに見ていただければ幸いです。現在・未来の学生諸氏におかれまして、基礎生物学研究所が描写困難なほどの体験と衝動を生み出す場となることを願っております。

(2017年7月記)

## 大学院生が第一著者の発表論文例 (2017 - )

- Yasuhiko Chikami, H.K., Takamasa Suzuki, Hirofumi Yoshioka, Yutaka Sato, Toshinobu Yaginuma, Teruyuki Niimi (2020). Oral RNAi of *diap1* results in rapid reduction of damage to potatoes in *Henosepilachna vigintioctopunctata*. *Journal of Pest Science*. 10.1007/s10340-020-01276-w
- Watanabe, A., and Minagawa, J. (2020). Structural characterization of the photosystems in the green alga *Chlorella sorokiniana*. *Planta* 252, 79.
- Suda, H., Mano, H., Toyota, M., Fukushima, K., Mimura, T., Tsutsui, I., Hedrich, R., Tamada, Y., and Hasebe, M. (2020). Calcium dynamics during trap closure visualized in transgenic Venus flytrap. *Nat Plants* 6, 1219-1224.
- Sakae, Y., Oikawa, A., Sugiura, Y., Mita, M., Nakamura, S., Nishimura, T., Suematsu, M., and Tanaka, M. (2020). Starvation causes female-to-male sex reversal through lipid metabolism in the teleost fish, medaka (*Oryzias latipes*). *Biol Open* 9.
- Palfalvi, G., Hackl, T., Terhoeven, N., Shibata, T.F., Nishiyama, T., Ankenbrand, M., Becker, D., Forster, F., Freund, M., Iosip, A., *et al.* (2020). Genomes of the Venus Flytrap and Close Relatives Unveil the Roots of Plant Carnivory. *Curr Biol* 30, 2312-2320 e2315.
- Nakazawa, K., Shichino, Y., Iwasaki, S., and Shiina, N. (2020). Implications of RNG140 (*caprin2*)-mediated translational regulation in eye lens differentiation. *J Biol Chem*.
- Kishimoto, M., Baird, A.H., Maruyama, S., Minagawa, J., and Takahashi, S. (2020). Loss of symbiont infectivity following thermal stress can be a factor limiting recovery from bleaching in cnidarians. *ISME J*.
- Kato, H., Tokutsu, R., Kubota-Kawai, H., Burton-Smith, R.N., Kim, E., and Minagawa, J. (2020). Characterization of a Giant PSI Supercomplex in the Symbiotic Dinoflagellate Symbiodiniaceae. *Plant Physiol* 183, 1725-1734.
- Hasegawa, R., Ebina, T., Tanaka, Y.R., Kobayashi, K., and Matsuzaki, M. (2020). Structural dynamics and stability of corticocortical and thalamocortical axon terminals during motor learning. *PLoS One* 15, e0234930.
- Ishikawa, M., Morishita, M., Higuchi, Y., Ichikawa, S., Ishikawa, T., Nishiyama, T., Kabeya, Y., Hiwatashi, Y., Kurata, T., Kubo, M., *et al.* (2019). Physcomitrella STEMIN transcription factor induces stem cell formation with epigenetic reprogramming. *Nat Plants* 5, 681-690.
- Tanga, N., Kuboyama, K., Kishimoto, A., Kiyonari, H., Shiraishi, A., Suzuki, R., Watanabe, T., Fujikawa, A., and Noda, M. (2019). The PTN-PTPRZ signal activates the AFAP1L2-dependent PI3K-AKT pathway for oligodendrocyte differentiation: Targeted inactivation of PTPRZ activity in mice. *Glia* 67, 967-984.
- Tanga, N., Kuboyama, K., Kishimoto, A., Kihara, M., Kiyonari, H., Watanabe, T., Fujikawa, A., and Noda, M. (2019). Behavioral and neurological analyses of adult mice carrying null and distinct loss-of-receptor function mutations in protein tyrosine phosphatase receptor type Z (PTPRZ). *PLoS One* 14, e0217880.
- Shinozuka, T., Takada, R., Yoshida, S., Yonemura, S., and Takada, S. (2019). Wnt produced by stretched roof-plate cells is required for the promotion of cell proliferation around the central canal of the spinal cord. *Development* 146.
- Liu, M., Soyano, T., Yano, K., Hayashi, M., and Kawaguchi, M. (2019). ERN1 and CYCLOPS coordinately activate NIN signaling to promote infection thread formation in *Lotus japonicus*. *J Plant Res* 132, 641-653.
- Kamemizu, C., and Fujimori, T. (2019). Distinct dormancy progression depending on embryonic regions during mouse embryonic diapause. *Biol Reprod* 100, 1204-1214.
- Yu, Y., Shintani, T., Takeuchi, Y., Shirasawa, T., and Noda, M. (2018). Protein Tyrosine Phosphatase Receptor Type J (PTPRJ) Regulates Retinal Axonal Projections by Inhibiting Eph and Abl Kinases in Mice. *J Neurosci* 38, 8345-8363.
- Tominaga, H., Satoh, N., Ueno, N., and Takahashi, H. (2018). Enhancer activities of amphioxus Brachyury genes in embryos of the ascidian, *Ciona intestinalis*. *Genesis* 56, e23240.
- Kosuge, K., Tokutsu, R., Kim, E., Akimoto, S., Yokono, M., Ueno, Y., and Minagawa, J. (2018). LHCSR1-dependent fluorescence quenching is mediated by excitation energy transfer from LHCII to photosystem I in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Proc Natl Acad Sci U S A* 115, 3722-3727.
- Hayashi, K., Yamamoto, T.S., and Ueno, N. (2018). Intracellular calcium signal at the leading edge regulates mesodermal sheet migration during *Xenopus* gastrulation. *Sci Rep* 8, 2433.
- Nishida, H., Tanaka, S., Handa, Y., Ito, M., Sakamoto, Y., Matsunaga, S., Betsuyaku, S., Miura, K., Soyano, T., Kawaguchi, M., and Suzaki, T. (2018). A NIN-LIKE PROTEIN mediates nitrate-induced control of root nodule symbiosis in *Lotus japonicus*. *Nat Commun* 9, 499.
- Koshimizu, S., Kofuji, R., Sasaki-Sekimoto, Y., Kikkawa, M., Shimojima, M., Ohta, H., Shigenobu, S., Kabeya, Y., Hiwatashi, Y., Tamada, Y., Murata, T., and Hasebe, M. (2018). Physcomitrella MADS-box genes regulate water supply and sperm movement for fertilization. *Nat Plants* 4, 36-45.
- Sugimori, S., Kumata, Y., and Kobayashi, S. (2018). Maternal Nanos-Dependent RNA Stabilization in the Primordial Germ Cells of *Drosophila* Embryos. *Dev Growth Differ* 60, 63-75.
- Matsuda, T., Hiyama, T.Y., Niimura, F., Matsusaka, T., Fukamizu, A., Kobayashi, K., Kobayashi, K., and Noda, M. (2017). Distinct neural mechanisms for the control of thirst and salt appetite in the subfornical organ. *Nat. Neurosci.* 20, 230-241.
- Tokue, M., Ikami, K., Mizuno, S., Takagi, C., Miyagi, A., Takada, R., Noda, C., Kitadate, Y., Hara, K., Mizuguchi, H., Sato, T., Taketo, M. M., Sugiyama, F., Ogawa, T., Kobayashi, S., Ueno, N., Takahashi, S., Takada, S., and Yoshida, S. (2017). SHISA6 confers resistance to differentiation-promoting Wnt/ $\beta$ -catenin signaling in mouse spermatogenic stem cells. *Stem Cell Rep.* 8, 561-575.
- \*Hayashi, M., \*Shinozuka, Y., Shigenobu, S., Sato, M., Sugimoto, M., Ito, S., Abe, K., and Kobayashi, S. (2017). Conserved role of Ovo in germline development in mouse and *Drosophila*. *Sci. Rep.* 6, 40056 (\* contribute equally)
- Li, C., Sako, Y., Imai, A., Nishiyama, T., Thompson, K., Kubo, M., Hiwatashi, Y., Kabeya, Y., Karlson, D., Wu, S.-H., Ishikawa, M., Murata, M., Benfey, P.N., Sato, Y., Tamada, Y., and Hasebe, M. (2017). A Lin28 homolog reprograms differentiated cells to stem cells in the moss *Physcomitrella patens*. *Nat. Commun.* 8, 14242.



# 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。

## 2019 年度 特別共同利用研究員

氏名	所属	研究題目
法月 拓也	東京大学大学院 理学系研究科生物科学専攻	ゼニコケの精子変態過程におけるミトコンドリアの数の制御の解析
佐藤 俊之	名古屋大学大学院 医学系研究科総合医学専攻	精細管周期および周期波の動態解析、並びにその制御機構の解明
勝田 紘基	名古屋大学大学院 医学系研究科総合医学専攻	リンパ管弁形成における Piezol の果たす役割
植村 悠人	名古屋大学大学院 理学研究科生命理学専攻	ゼブラフィッシュの胸鰭のリズム運動を制御する神経回路の解析
坂崎 匠哉	名古屋大学大学院 理学研究科生命理学専攻	ヒメツリガネゴケの幹細胞新生時におけるオーキシン動態の解明
森 祥伍	名古屋大学大学院 生命農学研究科応用生命科学専攻	シロイヌナズナ根の重力シグナリングに関わる LZYZ3 の量的制御機構の研究
蜂須賀 亜季	福井大学大学院 工学研究科生物応用化学	ヘテロクロマチン構造形成に関わる分子メカニズムの解明
Gu,Nan	Cell Biology, College of Life Science and Technology, Huazhong Agricultural University	The function of ATR and STEMIN on reprogramming induced by DNA damage in the moss <i>Physcomitrella patens</i>
Yu,Changxiu	Cell Biology, College of Life Science and Technology, Huazhong Agricultural University	The mechanism of PpTOP1 regulating sperm cell formation in the moss <i>Physcomitrella patens</i>
友井 拓実	北海道大学大学院 生命科学院生命科学専攻	アブシジン酸による原形質連絡の制御とそれに伴う代謝物の変化に関する研究
IMAEDA YASSUMOTO, Tamiris	名古屋大学大学院 生命農学研究科動物科学専攻	メダカの種内変異を利用した秋季感知機構の解明
梶原 啓司	名古屋大学大学院 理学研究科物質理学専攻	超解像マルチカラーイメージングを指向したオルガネラ特異的な超耐光性蛍光プローブ



# 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、所内の研究者との共同研究、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

基礎生物学分野において、独創的で世界を先導する研究を創成し、発展させるため、所外の研究者と基礎生物学研究所の教員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。1件あたり年間上限300万円の研究費を助成します。

## 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、所外と基礎生物学研究所の教員が共同して行う研究。1年以上5年を超えない期間で実施。1件あたり年間上限100万円の研究費を助成します。

## 個別共同利用研究

所外の研究者が、基礎生物学研究所の教員と協力して行う個別プロジェクト研究。共同利用研究の実施に必要な基礎生物学研究所までの交通費及び日当・宿泊料を本研究所の予算の範囲内において配分します。

## 統合ゲノミクス共同利用研究

基礎生物学研究所が運用している次世代DNAシーケンサーを使用したハイスループット遺伝子解析、および、大規模計算機システム(生物情報解析システム)を活用したゲノム関連データ解析を中心に、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と共同して行う研究。共同利用研究の実施に必要な基礎生物学研究所までの交通費及び日当・宿泊料を本研究所の予算の範囲内において配分します。

## 統合イメージング共同利用研究

基礎生物学研究所が運用している特色ある先端光学機器を用いた実験・研究を行うとともに、生物画像処理・解析に関するニーズや課題を解決することを目的とします。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教員と共同して行う研究です。最先端の光学機器と最先端の解析技術による共同研究を幅広くサポートします。共同利用研究の実施に必要な基礎生物学研究所までの交通費及び日当・宿泊料を本研究所の予算の範囲内において配分します。

## 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。大型スペクトログラフ共同利用実験の実施に必要な基礎生物学研究所までの交通費及び日当・宿泊料を本研究所の予算の範囲内において配分します。

## 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究

研究に利用される様々な生物遺伝資源を安定に長期保存する技術を確立・改良し、将来的にはそれら資源のIBBPセンターでのバックアップ保管に資することを目指して行う研究。所外あるいは所内の研究者が、IBBPセンターあるいはIBBP大学サテライト拠点の教員と共同して、生物遺伝資源の新規長期保存方法の樹立を目指すもので、以下の研究が含まれます。「長期保存技術が確立していない生物遺伝資源の凍結、低温、常温を含む新規保存技術の開発」「低温保存技術の改良に資する基礎的な低温生物学的研究」。1件あたり年間上限100万円の研究費を助成します。

## 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小人数の研究討論集会です。研究会における発表者の基礎生物学研究所までの交通費及び日当・宿泊料を本研究所の予算の範囲内において配分します。

## トレーニングコース

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の開催です。トレーニングコース開催における講師及び補助者の基礎生物学研究所までの交通費及び日当・宿泊料、また実施に必要な試薬等の消耗品費を本研究所の予算の範囲内において配分します。

共同利用研究の申請に関する詳しい情報は、基礎生物学研究所ホームページをご覧ください。<https://www.nibb.ac.jp/>

2019年度 重点共同利用研究	研究代表者名・所属	
哺乳類冬眠の理解に向けた分子生理機構解析とその種間比較解析	山口 良文	北海道大学 低温科学研究所
2019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	
求愛行動の進化をもたらす神経基盤を解明するためのプラットフォームの構築	石川 由希	名古屋大学大学院 理学研究科
有尾両生類の新規モデル確立に向けた、イペリアトゲイモリの研究基盤の開発	林 利憲	広島大学 両生類研究センター
2019年度 個別共同利用研究	研究代表者名・所属	
植物二次代謝の多様性を支えるメチルトランスフェラーゼの分子進化	加藤 美砂子	お茶の水女子大学 基幹研究院
植物ステロール合成制御機構の解明	島田 貴士	千葉大学大学院 園芸学研究所
植物 RAB5 のエフェクターを介した機能実行機構の研究	伊藤 瑛海	国際基督教大学 自然科学デパートメント
ゼニゴケにおけるクローン繁殖の制御機構	石崎 公庸	神戸大学大学院 理学研究科
ARFGAP タンパク質の制御する新規小胞輸送経路の解明	竹内 雅宜	東京大学大学院 理学系研究科
細胞分裂時の植物ステロール生合成マシナリーの動態解析	太田 大策	大阪府立大学大学院 生命環境科学研究科
The role of polr1c in regulating endodermal cells in Type 3 Treacher Collins syndrome	謝 家暉	九州大学 農学研究院
光遺伝学とゲノム編集を用いたゼブラフィッシュ心臓の制御と機能解析	中條 浩一	自治医科大学 医学部
アンドロゲン受容体の魚類二次性徴発現および繁殖行動に果たす役割の解明	荻野 由紀子	九州大学 農学研究院
ゼニゴケの細胞分化関連変異体の 3 次元形態観察	近藤 侑貴	東京大学大学院 理学系研究科
発生期のホルモン環境に依存する生殖器の発達	宮川 信一	東京理科大学 基礎工学部
周期的一斉開花植物コダチスズムシソウの進化と 6 年を測る生物時計機構の解明	柿嶋 聡	国立科学博物館 分子生物多様性研究資料センター
Mechanism of DNA damage inducing stem cell formation in the moss Physcomitrella patens	Chunli CHEN	Huazhong Agricultural University, College of Life Science and Technology
ヒメツリガネゴケの受精決定因子及び胚発生因子の解析	榊原 恵子	立教大学 理学部
D14L/KAI2 経路で動く新規アーバスキュラー菌根共生シグナル分子の探索と受容機構の解明	亀岡 啓	大阪府立大学大学院 生命環境科学研究科
ミヤコグサ種内の一年生・多年生の分化プロセスの解明	若林 智美	奈良女子大学 理系女性教育開発共同機構
共生窒素固定の強化に関するマメ科宿主植物遺伝子の解析	鈴木 章弘	佐賀大学 農学部
マメ科植物根粒共生系の脂質代謝に関する研究	今井 博之	甲南大学 理工学部
ツツジ科スノキ属ナガボナツハゼの絶滅回避に向けた菌根菌共生メカニズムの解明	富永 晃好	静岡大学 農学部
女王アリの長期間にわたる大量の精子貯蔵メカニズムの解明	後藤 彩子	甲南大学 理工学部
メダカを用いた長鎖ノンコーディング RNA の生理機能解析	横井 佐織	北海道大学大学院 薬学研究院
光操作による細胞死誘導システムの開発と遺伝子組換えメダカの創出 (第2期)	酒巻 和弘	京都大学大学院 生命科学研究所
メダカ属内における心臓再生能の比較評価	ディディエスタニエル	Max Planck Institute for Heart and Lung Research, Department of Developmental Genetics
メダカにおける血球の分化と機能および造血制御に関する解析	加藤 尚志	早稲田大学 教育・総合科学学術院
異体類変態関連遺伝子のモデル生物を用いた機能解析	横井 勇人	東北大学大学院 農学研究科
メダカを用いたリラキシン遺伝子の機能解析	日下部 誠	静岡大学 理学部
メダカ近縁種における性決定機構の解明	竹花 佑介	長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部
頭索動物ナメクジウオの生殖ホルモンの研究	吉国 通庸	九州大学大学院 農学研究院
イネ内在性トランスポゾン nDART の挿入隣接ゲノム配列の同定	野々村 賢一	国立遺伝学研究所 実験圃場
花卉の老化過程におけるオートファジーの重要性	吉本 光希	明治大学 農学部
CRISPR/dCas9 を用いたエピゲノム編集による育種法の開発	池田 陽子	岡山大学 資源植物科学研究所
単細胞藻類の微小環境応答と「共生遺伝学」創成に向けた研究基盤の構築	丸山 真一郎	東北大学大学院 生命科学研究所
マウス胚ノド細胞のカルシウム動態観察	水野 克俊	理化学研究所 生命機能科学研究センター
アブラムシの新奇形質・角状管にみられる関節構造形成とその進化	小川 浩太	九州大学 比較社会文化研究院
シロアリの高度な社会システムの進化を促した分子機構の解明	前川 清人	富山大学大学院 理工学研究部 (理学)
シロアリの社会性進化に伴うゲノム変異の同定	林 良信	慶應義塾大学 生物学教室
キノコ栽培を行うシロアリの栽培共生系におけるシロアリ社会行動制御の分子機構	北條 優	琉球大学 研究推進機構
社会性アブラムシの兵隊カーストに関する生態進化発生学的研究	服部 充	長崎大学 水産・環境科学総合研究科
遺伝子発現レポーターアッセイ多検体・並列解析系の構築：時間的解像度と多点観察のバランスが取れたレポーター系の確立	佐藤 昌直	北海道大学大学院 農学研究院
メダカを用いた味覚情報入力・出力に関わる脳神経経路の可視化	藍原 祥子	神戸大学大学院 農学研究科
歯周病のメダカ感染モデル作製についての検討	神谷 重樹	大阪府立大学 総合リハビリテーション学類
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
タンパク質架橋化酵素とその関連タンパク質に関する創薬科学研究	人見 清隆	名古屋大学大学院 創薬科学研究科
II 型糖尿病モデルメダカのためのモノクローナル抗体の作製	松山 誠	重井医学研究所 分子遺伝部門
雌性配偶体特異的遺伝子発現誘導系を用いたシロイヌナズナ極核融合機構の解析	西川 周一	新潟大学 理学部
赤外レーザーによる温度操作に基づいた細胞走化性制御法の探索	広井 賀子	山口東京理科大学 薬学部

メダカの顔認知に関わる神経基盤の解明	竹内 秀明	岡山大学大学院 自然科学研究科
リュウキュウカジカガエルの高温耐性獲得に関わる HSF1 の分子進化及び機能解析	井川 武	広島大学 両生類研究センター
タウタンパク質過剰発現メダカの行動解析	上野 智弘	京都大学大学院 医学研究科
半策動物ギボシムシの遺伝情報と表現型情報の整備およびそのゲノム編集系の確立	川島 武士	国立遺伝学研究所 生命情報研究センター
チャハマキにおけるオス殺しウイルスの感染動態と致死要因の解明	井上 真紀	東京農工大学 農学府
染色体分配に関わる CENP-C の変異マウスの作成	深川 竜郎	大阪大学大学院 生命機能研究科
イネと宿主域根粒菌とのエンドファイト共生の成立機構の解明	内海 俊樹	鹿児島大学大学院 理工学研究科
アブラムシの共生器官特異的抗菌活性ペプチドの機能の解明	内海 俊樹	鹿児島大学大学院 理工学研究科
細胞骨格付随タンパク質の機能解析	小田 祥久	国立遺伝学研究所 遺伝形質研究系
食性テントウムシにおいて種分化に関わる嗅覚受容体遺伝子の特定と機能解析	松林 圭	九州大学 基幹教育院
有用海産甲殻類の幼生変態を司る内分泌動態の解明	豊田 賢治	神奈川大学 理学部
基部陸上植物における精子走化性の分子機構	大和 勝幸	近畿大学 生物理工学部
Functional investigation of ApoD gene family in fishes	Yang Liu	Sun Yat-sen University, School of Life Sciences, Department of Ecology
ライブイメージングと数理モデリングによる糖感知機構の解析	佐野 浩子	久留米大学 分子生命科学研究所遺伝情報研究部門

2019年度 統合ゲノミクス共同利用研究	研究代表者名・所属	
昆虫新奇形質の形成メカニズムの解明	新美 輝幸	自然科学研究機構 基礎生物学研究所
D14L/KAI2 経路で働く新規アーバスキュラー菌根共生シグナル分子による植物の遺伝子発現応答の解析	亀岡 啓	大阪府立大学大学院 生命環境科学研究科
ミズタマショウジョウバエ工模形成因子の探索	越川 滋行	北海道大学 地球環境科学研究院
アストロサイトによる慢性疼痛への治療アプローチ	竹田 育子	自然科学研究機構 生理学研究所
爬虫類における温度依存性決定のメカニズム解析	宮川 信一	東京理科大学 基礎工学部
エダアシクラゲを用いた環境応答および再生を制御する機構の解明	中嶋 悠一朗	東北大学 学際科学フロンティア研究所
特異的な脂質を蓄積する植物の脂質合成機構の解明	真野 昌二	自然科学研究機構 基礎生物学研究所
ホタルにおける発光形質の進化プロセスの解明と地域個体群の保全を志向した、ポストホタルゲノムとしてのメタボロミクスとリシーケンス解析	大場 裕一	中部大学 応用生物学部
ショウジョウバエ種群における精子形成機構と脳神経系の発生機構の遺伝的多様性の解析	栗崎 健	杏林大学 医学部
発生時・分化後に腸神経サブタイプを特異化する遺伝子コードのトランスクリプトームによる解明	二階堂 昌孝	兵庫県立大学大学院 生命理学研究科
アキノキリンソウ群 (キク科) の生態ゲノム学的研究	伊藤 元己	東京大学大学院 総合文化研究科
異なる染色体レース間に見られる遺伝構造: サッポロフキバツタを用いた解析	立田 晴記	琉球大学 農学部
ゲノム解析、及びトランスクリプトーム解析によるネコブセンチュウの病原性機構の解明	門田 康弘	理化学研究所 環境資源科学研究センター
昆虫工場で作製した VLP (Virus like particle) 内容物の解析	日下部 宜宏	九州大学 農学研究院
社会性アブラムシにおける比較ソシオゲノミクス	植松 圭吾	東京大学大学院 総合文化研究科
薬用植物トコンの不定芽形成過程に発現する遺伝子の RNA-seq を用いた網羅的解析	梅原 三貴久	東洋大学 生命科学部
超長鎖 DNA を用いた新規ゲノム配列解析	郷 康広	自然科学研究機構 生命創成探究センター
アリ類の新奇カーストの分化決定を司る遺伝的基盤の解明	宮崎 智史	玉川大学 農学部
道管液のペプチドミクス・プロテオミクスを用いた地下部-地上部間の相互作用の探索	岡本 暁	新潟大学 農学部
スギの全ゲノム配列の解読	上野 真義	森林研究・整備機構 森林総合研究所
カメムシ類の共生器官で特異的に発現する免疫関連遺伝子の網羅的解明	菊池 義智	産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門
オミクス解析を用いたシジミチョウ-アリ共生系の分子基盤	北條 賢	関西学院大学 理工学部
生体内少数細胞から代謝物質を測定する新規方法 (TriVersa-qTOF 法) の開発の試み	林 良樹	筑波大学 生存ダイナミクス研究センター
介在ニューロンサブタイプ同定により解き明かす、脊髄運動系神経回路の動作機構	東島 真一	自然科学研究機構 基礎生物学研究所
タツノオトシゴの育児嚢の形成に関わる分化因子の探査	川口 真理	上智大学 理工学部物質生命理工学科
RAD シーケンスを用いたウズラ遺伝連鎖地図の作製と突然変異遺伝子の同定	松田 洋一	名古屋大学 生命科学研究科附属鳥類バイオサイエンス研究センター
根圏における植物-放線菌相互作用の分子機構の解明	石垣 祐二	理化学研究所 環境資源科学研究センター
キューバアノルトカゲのゲノム配列比較による進化可能性	河田 雅圭	東北大学 生命科学研究科
DNA 倍加誘導に関わるエピゲノム制御機構の解明	高塚 大知	奈良先端科学技術大学院大学 先端科学技術研究科・バイオサイエンス領域
ミヤコグサの異変異性ならびに新規草型変異体の原因遺伝子同定	深井 英吾	新潟大学 自然科学系 (農学部)
出生前後におけるライディッチ細胞の分化転換機構の解明	嶋 雄一	川崎医科大学 解剖学教室
精子形成における CCR4-NOT 脱アデニル化酵素複合体による転写後制御の解析	柳谷 朗子	沖縄科学技術大学院大学 細胞シグナルユニット
ラン科植物シランを用いた寄生的菌根共生システムの解明	上中 弘典	鳥取大学 農学部



送粉適応した花形質の進化：夜咲きの遺伝子基盤と進化過程の解明	新田 梢	東京大学大学院 総合文化研究科
脳の進化が種分化を促した？：交配前隔離を制御する脳内因子の同定	川口 将史	富山大学大学院 医学薬学研究部
根粒共生およびアーバスキュラー菌根共生の分子機構と進化の解明	川口 正代司	自然科学研究機構 基礎生物学研究所
生物進化の分子機構の解明	長谷部 光泰	自然科学研究機構 基礎生物学研究所
ゼブラフィッシュ精原細胞で発現する rRNA の解析	酒井 則良	国立遺伝学研究所 系統生物研究センター
麹菌 <i>Aspergillus oryzae</i> の比較ゲノムによる多様性創出機構の解明	丸山 潤一	東京大学大学院 農学生命科学研究科
ショートリードシーケンサーによる解析が困難な藻類のゲノム解析	広瀬 侑	豊橋技術科学大学 環境・生命工学系
クローディン完全欠失上皮細胞の作製による細胞間隙輸送の再構成	古瀬 幹夫	自然科学研究機構 生理学研究所
Patch-seq を用いた大脳皮質神経回路内における抑制性サブタイプの機能解析	森島 美絵子	自然科学研究機構 生理学研究所
昆虫—微生物共生可能性の探索と分子基盤の解明	古賀 隆一	産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門
トゲオオハリアリのゲノム解読およびエピゲノム解析	岡田 泰和	首都大学東京 理学部
マウスの発生・成長に伴う生殖細胞の系譜動態と、変異や環境変化による遺伝子発現変動の解析	吉田 松生	自然科学研究機構 基礎生物学研究所
新口動物に共通する生殖ホルモンとしてのリラキシンの研究	吉国 通庸	九州大学大学院 農学研究院
p53 誘導性プロテインホスファターゼ PPM1D およびそのファミリーの機能解明	坂口 和靖	北海道大学大学院 理学研究院
オオミジンコのエピゲノム解析	渡邊 肇	大阪大学 工学研究科
有害赤潮原因種ヘテロカプサの毒性発現機構の解明	山崎 康裕	水産研究・教育機構 水産大学校生物生産学科
MBGD と MAPLE システムの融合によるゲノム解析の高度化	高見 英人	海洋研究開発機構 海底資源研究開発センター
ゼノバスの四肢再生と皮膚再生で発現する遺伝子の網羅的解析	横山 仁	弘前大学 農学生命科学部
トランスクリプトーム解析による有害赤潮プランクトンに対する魚類の応答解析	紫加田 知幸	水産研究・教育機構 瀬戸内海区水産研究所
新しい進化指標を用いての数十年前の生体システムの仕組みの解析	堀越 正美	東京大学 定量生命科学研究所
一塩基分解能メチローム解読に基づくピロリ菌エピゲノム進化の解析	小林 一三	杏林大学 医学部感染症学教室
実用珪藻キートセラスのゲノム解析と遺伝子発現データベースの構築	伊福 健太郎	京都大学大学院 生命科学研究科
R ベースのアンプリコン解析用 web アプリケーション：CLICKAR の導入と運用	飯田 緑	九州工業大学大学院 情報工学研究院
上皮恒常性維持過程における平面内細胞極性の維持機構の解明	藤森 俊彦	自然科学研究機構 基礎生物学研究所
PacBio Sequencer を用いた DNA ミスマッチ直接検出法の確立	竹本 訓彦	国立国際医療研究センター 感染症制御研究部
軟体動物クサイロアオガイのゲノム解読と系統特異的転写因子の役割の解明	守野 孔明	筑波大学 生命環境系
テトラヒメナにおける大規模ゲノム再編成機構の解明	片岡 研介	自然科学研究機構 基礎生物学研究所
scRNA-seq から探る進化的に保存された脊椎動物器官形成期の細胞構成解明	入江 直樹	東京大学大学院 理学系研究科
Flexible ddRAD-seq 法による作物の集団遺伝学的解析および分子系統解析への適用	矢嶋 俊介	東京農業大学 生物資源ゲノム解析センター
Cilia での輸送を担う IFT139 の結合分子の探索	橋本 寛	名古屋市立大学大学院 医学研究科
集団ゲノミクスによる性染色体進化プロセスの解明	菊池 潔	東京大学大学院 農学生命科学研究科付属水産実験所
キイチゴ属をモデルとした種分化と多様化の解明	三村 真紀子	岡山大学大学院 自然科学研究科
神経マクロファージの機能解析とその特異的マーカーの探索	檜山 武史	岡山大学大学院 医歯薬学総合研究科

2019年度 総合イメージング共同利用研究	研究代表者名・所属	
ゼブラフィッシュ胚を用いた血管形態形成メカニズムの解明	木村 英二	岩手医科大学 解剖学講座
糖尿病合併アルツハイマー病モデルマウスにおける大脳皮質・海馬神経細胞イメージング	鈴木 香	国立長寿医療研究センター 分子基盤研究部
Evolutionary morphology of Crustacea, in the light of State-of-the-art microscopy	梶 智就	University of Alberta, Department of Biological Sciences
線虫 <i>C. elegans</i> における全脳イメージング技術の開発	小田 茂和	自然科学研究機構 基礎生物学研究所
細胞形状から解明する原生生物の行動様式	西上 幸範	北海道大学 電子科学研究所
細胞内伝熱過程の温度イメージングに基づくモデル化と解析	富樫 祐一	広島大学大学院 理学研究科
開口放出センサーを終神経 GnRH3 ニューロン特異的に発現させたトランスジェニックメダカを使用した、脳内ペプチド開口放出のライブイメージング	阿部 秀樹	名古屋大学大学院 生命農学研究科
アフリカツメガエルの四肢再生の研究に対する IR-LEGO の適用	横山 仁	弘前大学 農学生命科学部
精神疾患モデル動物大脳皮質樹状突起構造の解析	佐々木 哲也	筑波大学 医学医療系
発達初期の小胞子の表面に現れる多糖モジュールの構造解析	石黒 澄衛	名古屋大学大学院 生命農学研究科
IR-LEGO 法を用いたオオミジンコにおける細胞特異的な遺伝子発現誘導システムの開発と応用	加藤 泰彦	大阪大学大学院 工学研究科
Identification of Subtype-Specific Cells and Their Biological function after Spinal Cord Injury in Zebrafish Embryos	Huai-Jen Tsai	Mackay Medical College, Institute of Biomedical Sciences
Single-cell labeling to trace single neuronal precursors in zebrafish embryonic brain	Yung-Shu Kuan	National Taiwan University, Institute of Biochemical Sciences
肢芽再生過程の細胞系譜追跡を長期かつマクロレベルで行うための IR-LEGO 実験系の開発	森下 喜弘	理化学研究所 生命機能科学研究センター
R-Avr 認識後の細胞間防御応答シグナルの解析	別役 重之	筑波大学 生命環境系
Quantitative analysis of endothelial cortical actin organization in vascular tubes.	Li-Kun Phng	理化学研究所 生命機能科学研究センター

CCR4-NOT 脱アデニル化酵素複合体による転写後制御の生理学的機能解析	柳谷 朗子	沖縄科学技術大学院大学 細胞シグナルユニット
Targeted perturbation of root growth with IR-LEGO	バスキン トビアス	University of Massachusetts, Biology Department
イモリ変異体の骨パターン解析	竹内 隆	鳥取大学 医学部
コンピューター断層撮影法によるネッタイツメガエル近交系の 3D 表現型解析	鈴木 誠	広島大学 両生類研究センター
接合藻類アオミドロ傷害応答による原形質集積機構の解明	池谷 仁里	兵庫県立大学大学院 生命理学研究科
Establishment of 4D Single Cell Resolution Developmental Atlas of Zebrafish embryo	中村 哲也	Rutgers University, Human Genetics Institute of New Jersey

2019 年度 研究会	研究代表者名・所属	
細胞内共生起源学 - 光合成共生体を認識し、取込み、維持するメカニズムを探る -	丸山 真一朗	東北大学大学院 生命科学研究所
再生学異分野融合研究会	田村 宏治	東北大学大学院 生命科学研究所
異分野融合による次世代光生物学	寺北 明久	大阪市立大学大学院 理学研究科

2019 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	
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・細胞応答に関する研究	有元 佐賀恵	岡山大学大学院 医歯薬学総合研究科
可視光線による皮膚細胞の応答	山本 博之	日本薬科大学 薬学部
視運動反応を用いた魚類における波長感受性の計測	深町 昌司	日本女子大学 理学部
南極の気生緑藻 <i>Prasiola crispa</i> の光合成の波長依存特性	小杉 真貴子	中央大学 理工学部
光照射が及ぼす渦鞭毛藻類へのウイルス感染の影響評価	中山 奈津子	水産研究・教育機構 瀬戸内海区水産研究所
単色光照明による反射分光スペクトル画像を利用したホールマウント色素濃度計測系の開発	爲重 才覚	横浜市立大学 木原生物学研究所
植物体内を通して根へ到達した光による微生物共生の活性化	鈴木 章弘	佐賀大学 農学部
遊泳藻類の集団による非対称パターン形成機構の解析	西上 幸範	北海道大学 電子科学研究所
緑藻ミルの新規フォトレセプターの探索	藤井 律子	大阪市立大学 複合先端研究機構

2019 年度 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究	研究代表者名・所属	
ナミテントウにおける凍結保存技術の確立と非モデル昆虫への応用	新美 輝幸	自然科学研究機構 基礎生物学研究所
真骨魚類に近い形質を示す条鰭類、スポットテッドガーの遺伝的多様性の保存	神田 真司	東京大学 大気海洋研究所
近交系マウス未成熟卵を用いた効率的ガラス化法の確立	伊藤 潤哉	麻布大学 獣医学部
ニホンザルを中心としたマカク属精子凍結保存法の開発	今井 啓雄	京都大学 霊長類研究所
魚類の精子凍結保存成績向上に向けた冷蔵保存ならびに凍結条件の検討	藤本 貴史	北海道大学大学院 水産科学研究院
ラット未受精卵および初期胚における凍結保存法の開発	金子 武人	岩手大学 理工学部
急速融解による新規ガラス化保存法の開発	関 信輔	秋田大学 バイオサイエンス教育・研究サポートセンター
サトイモの茎頂超低温保存法の確立と世界中から収集した 2000 系統の維持	本橋 令子	静岡大学 学術院農学領域
アーバスキュラー菌根菌分離株の低温保存技術の開発	大友 量	農業・食品産業技術総合研究機構 中央農業研究センター 土壌肥料研究領域
低毒性の保存液を用いた哺乳動物胚の平衡ガラス化凍結法の開発	枝重 圭祐	高知大学 農林海洋科学部
新規モデル両生類、イペリアトゲイモリの精子凍結保存法の開発	林 利憲	広島大学 両生類研究センター
除殻卵胚子を用いたカイコの新規保存方法の開発	伴野 豊	九州大学大学院 農学研究院
磁性特性に基づく氷晶損傷阻止技術を適用した遺伝子資源保存方法の開発	木原 久美子	熊本高等専門学校 生物化学システム工学科

## 受賞

### 2019 年度

第 26 回 日本植物生理学会 PCP 論文賞

金井 雅武 (オルガネラ制御研究室 NIBB リサーチフェロー)

第 8 回 自然科学研究機構 若手研究者賞

北舘 祐 (生殖細胞研究部門 助教)

International molecular moss science society (国際分子コケ植物学会)

Golden spore award 2019 (黄金孢子賞)

長谷部 光泰 (生物進化研究部門 教授)

第 31 回 高遠・分子細胞生物学シンポジウム ポスター発表 優秀賞

安藤 俊哉 (進化発生研究部門 助教)

2019 年度 日本動物学会 Zoological science award (論文賞)・藤井賞

新美 輝幸 森田 慎一 (進化発生研究部門)



# プレスリリース一覧

## < 2019 年度 >

2019年4月8日

ほ乳類胚の胚が発生を一旦止める機構 ～胚の発生の休止と再開は領域により細胞間で異なる～  
(基礎生物学研究所 初期発生研究部門)

2019年4月9日

メダカのストレスに対する応答性の季節変化に長鎖ノンコーディング RNA が関与していることを発見  
(基礎生物学研究所 季節生物学研究部門)

2019年4月11日

カブトムシの角(ツノ)にオスとメスの違いが現れる時期の特定に成功  
(基礎生物学研究所 進化発生研究部門)

2019年4月24日

イモリの再生能力の謎に迫る遺伝子カタログの作成 ～新規の器官再生研究モデル生物イペリアトゲイモリ～  
(基礎生物学研究所 生物機能解析センター・新規モデル生物開発センター、鳥取大学、琉球大学、広島大学、中央大学、産業技術総合研究所、学習院大学)

2019年4月26日

ゲノム編集技術と顕微鏡技術を駆使し、内在性のタンパク質の濃度とタンパク質間相互作用の強さを生きた細胞で定量することに成功  
(基礎生物学研究所 定量生物学研究部門、自然科学研究機構 生命創成探究センター)

2019年4月30日

カイコの「核を持たない精子」の形成に関わる遺伝子の特定に成功  
(基礎生物学研究所 進化発生研究部門)

2019年5月22日

魚類が高速遊泳をするときに遅筋の活動を抑える神経機構を特定  
(基礎生物学研究所 神経行動学研究部門、自然科学研究機構 生命創成探究センター)

2019年6月7日

植物の葉の配列における対称性の破れ  
(東京大学、基礎生物学研究所、自然科学研究機構 アストロバイオロジーセンター)

2019年6月20日

ダイズの油の品質と収量を向上させる新たな仕組みの発見  
(基礎生物学研究所 オルガネラ制御研究室)

2019年6月25日

アーバスキュラー菌根菌の純粋培養に世界で初めて成功 ～微生物肥料としての大量生産に道～  
(大阪府立大学、基礎生物学研究所 共生システム研究部門、信州大学、北海道大学、科学技術振興機構)

2019年7月9日

単独で普通の細胞を直に幹細胞に変えるステミン遺伝子の発見  
(基礎生物学研究所 生物進化研究部門、名古屋大学、金沢大学)

2019年7月24日

プラナリアの生殖戦略の転換にはアミノ酸代謝の変化が関与している～トリプトファン代謝産物セロトニンは卵巣誘導因子として働く～  
(弘前大学、基礎生物学研究所 生物機能解析センター、慶応義塾大学)

2019年8月28日

脊椎動物のからだの繰り返し構造のもととなる「体節」が迅速に形成される仕組みを解明  
(埼玉大学、基礎生物学研究所 分子発生学研究部門)

2019年9月3日

オートファジーは活性酸素の蓄積を抑え気孔開口を可能にする！ ～植物の光合成を支える新しいメカニズムを発見～  
(山口大学、基礎生物学研究所 オルガネラ制御研究室)

2019年9月10日

花作りのスイッチを入れる遺伝子の新たな機能を発見 ～花は咲かせずとも緑藻の光防御を制御する～  
(基礎生物学研究所 環境光生物学研究部門、名古屋大学、高知大学)

2019年9月24日

哺乳類と鳥類における SOX9 機能の保存性の比較解析 ～軟骨形成と精巣形成でそれぞれの保存性を持つ～  
(東京医科歯科大学、基礎生物学研究所 生物機能解析センター)

2019年9月27日

遺伝子を OFF にする仕組みに寄与する染色体の新たな修飾を発見  
(基礎生物学研究所 クロマチン制御研究部門)

2019年10月11日

植物がクローン繁殖体をつくる仕組みをコケで解明 ～重要遺伝子 "KARAPPO" を発見～  
(神戸大学、基礎生物学研究所 細胞動態研究部門・生物機能解析センター、熊本大学、理化学研究所、近畿大学)

2019年10月11日

虹色に輝く「クシ」の謎 ～クシクラゲに特有のタンパク質を発見～  
(筑波大学、基礎生物学研究所 進化ゲノミクス研究室)

2019年10月16日

有害赤潮藻シャットネラの遺伝子配列を解読し、データベースを公開  
(瀬戸内海区水産研究所、基礎生物学研究所 ゲノム情報研究室)

2019年11月15日

植物のユニークな細胞分裂の仕組みを解明  
(国立遺伝学研究所、北海道大学、基礎生物学研究所 生物進化研究部門、名古屋大学)

2019年11月22日

マメ科植物の根粒と側根の発達は共通した遺伝子が制御することを発見  
(基礎生物学研究所 共生システム研究部門、理化学研究所)

2019年11月26日

光化学系 II-集光装置超複合体の立体構造を決定 ～分子量 166 万の巨大集光マシンの全貌が明らかに～  
(基礎生物学研究所 環境光生物学研究部門、生理学研究所)

2020年1月7日

植物の根に重力方向を伝える新しい因子の発見 ～オーキシンを重力側へより多く分配するしくみ～  
(基礎生物学研究所 植物環境応答研究部門、東京大学、奈良先端科学技術大学院大学、科学技術振興機構)

2020年1月22日

サンゴは環境変化に合わせて産卵日を選ぶ ～海水温や風速などの環境要因が同調的な産卵行動に与える影響を解析～  
(東北大学、基礎生物学研究所 形態形成研究部門、お茶の水女子大学)

2020年2月5日

生殖細胞形成に関わる遺伝子の発現を選択的に抑制する仕組みを発見  
(基礎生物学研究所、自然科学研究機構 新分野創成センター)

2020年2月18日

愛情ホルモンが左右するメダカの異性の好み ～オスとメスで逆に働くオキシトシン～  
(北海道大学、岡山大学、東北大学、基礎生物学研究所 バイオリソース研究室・生命熱動態研究室)

2020年2月28日

フラボノイド生合成酵素の「影武者」カルコン異性化酵素類似タンパク質 ～陸上植物の生存戦略におけるその役割～  
(東北大学、金沢大学、基礎生物学研究所 多様性生物学研究室、理化学研究所)

2020年3月4日

左右の協調的な運動を担う交叉型抑制性神経細胞の重要性が明らかに  
(基礎生物学研究所 神経行動学研究部門、自然科学研究機構 生命創成探究センター)

2020年3月13日

細胞内の物流を促す分子のパスポートを利用したバイオ医薬品の生産向上  
(名古屋市立大学、自然科学研究機構 生命創成探究センター、分子科学研究所、基礎生物学研究所 定量生物学研究部門)

2020年3月18日

力による細胞-細胞間接着の制御機構 ～力で組織が強くなるしくみ～  
(基礎生物学研究所 形態形成研究部門)

2020年3月30日

無花粉スギの原因遺伝子 (MALE STELARITY 1) を同定 ～ MALE STELARITY 1 を持つスギを DNA 分析で迅速・正確に識別する手法を開発～  
(新潟大学、森林総合研究所、東京大学、基礎生物学研究所 生物機能解析センター・進化ゲノミクス研究室)

# 基礎生物学研究所コンファレンス

基礎生物学研究所コンファレンスは、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場として、また最先端の研究発表と議論の場として、国内外から多くの研究者が参加しています。

## 第67回基礎生物学研究所コンファレンス

### Quest for Orthologs

#### 「オーソログの探求」

開催期間：2019年7月31日～8月2日

会場：岡崎コンファレンスセンター

オーガナイザー：

Christophe Dessimoz (University of Lausanne, Switzerland)

Toni Gabaldón (Centre for Genomic Regulation (CRG), Spain)

Erik Sonnhammer (Stockholm University, Sweden)

Paul D. Thomas (University of Southern California, USA)

岩崎 渉 (東京大学)

内山 郁夫 (基礎生物学研究所)

工樂 樹洋 (理化学研究所)

重信 秀治 (基礎生物学研究所)

#### 招待講演者

Christophe Dessimoz (University of Lausanne, Switzerland)

Dannie Durand (Carnegie Mellon University, USA)

Toni Gabaldón (Centre for Genomic Regulation (CRG), Spain)

Steven Kelly (University of Oxford, UK)

Aida Ouangraoua (University of Sherbrooke, Canada)

Erik Sonnhammer (Stockholm University, Sweden)

Paul D. Thomas (University of Southern California, USA)

岩崎 渉 (東京大学)

内山 郁夫 (基礎生物学研究所)

金久 實 (京都大学)

工樂 樹洋 (理化学研究所)

重信 秀治 (基礎生物学研究所)



#### 開催報告

内山 郁夫

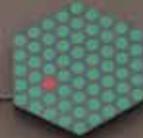
(ゲノム情報研究室)

本会議は、多様な生物に対象が拡大しているゲノム研究において、それらを種間で比較する際の基盤技術である「オーソログ解析」に焦点をあて、その基礎から応用までを俯瞰することを旨として開催された。本会議の母体は、オーソログ推定の方法論の開発者を中心として形成された国際コンソーシアム Quest for Orthologs 会議である。2009年から隔年で開催されており、オーソログ解析にまつわる最新の研究発表や情報交換に加えて、手法評価のためのベンチマークや、入力に用いるリファレンス配列セット、オーソログ関係を表現する共通フォーマットなど、共通の課題について議論を行い成果を挙げてきた。10年目の節目となる本会議は、欧米以外としては初めて日本での開催となり、約半数が日本からの参加者であった。本分野における日本の存在を一定程度アピールできたと思う。また、今回「NIBBB コンファレンス」として開催するにあたり、当研究所で行われている多様な生物を用いた研究への応用を念頭に、オーソログ解析手法の遺伝子機能推定や進化学研究への応用にも焦点を置いた構成とした。方法論の開発者が中心のコンソーシアムにとっても刺激的な会となったのではないかなと思う。

会議は、それぞれオーソログ解析の手法やデータベースの開発、機能推定への応用、進化解析への応用、オーソログ解析に関する新たな課題をテーマとした4つのセッションからなり、4件の基調講演を含む招待講演22件に加え、若手研究者による一般口頭発表8件とポスター発表14件が行われた。2日目の最後には Round table discussion が行われ、オーソログ解析手法を開発する立場と応用する立場の研究者の間で活発な議論が展開された。

全体的に、本会議はオーソログ解析の方法論という分野にフォーカスしつつ、基礎から応用まで幅広い観点からの発表が揃い、ゲノム研究を支える基盤として、本分野の現状と将来を俯瞰する良い機会となったと思う。また、コンソーシアムの意向もあって、若手研究者向けの旅費支援に予算の多くをあて、国内外から多くの若手研究者が参加したことも、議論を活性化する助けとなった。本会議を盛り上げていただいたすべての発表者・参加者の皆様、財政的支援をいただいた日本バイオインフォマティクス学会と大幸財団、並びに会の運営を強力に支援していただいた研究力強化戦略室国際連携グループの皆様に深く感謝します。





## EMBLとの連携活動

欧州分子生物学研究所 (EMBL) は欧州 19 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。2019年7月に、阿形清和所長と上野直人副所長が EMBL を訪問し、連携協定が更新されました。



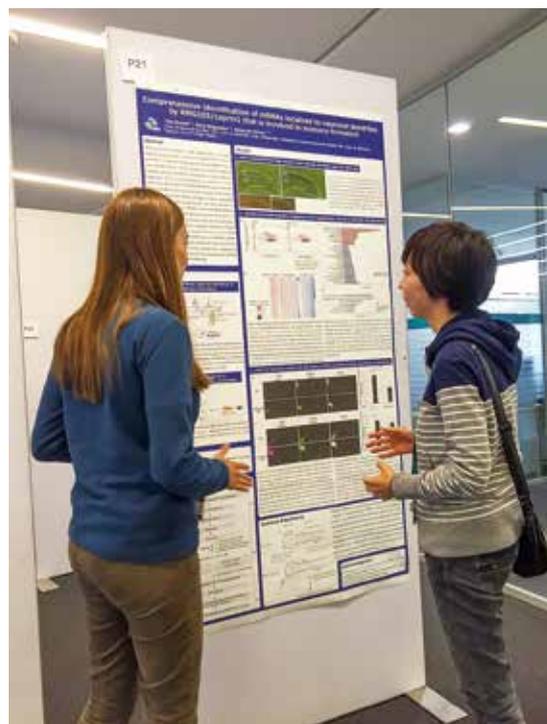
小森彰夫自然科学研究機構長の署名による協定更新文書を持参した阿形清和所長（右）と EMBL 所長 Edith Heard 博士（左）

### 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 2013年3月17日～19日  
Quantitative Bioimaging (岡崎)

### 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)
- 2013年11月21日～23日  
The 15th International EMBL PhD Symposium への学  
生派遣 (Heidelberg Germany) と EMBL ラボ訪問
- 2015年10月22日～24日  
The 17th International EMBL PhD Symposium への学  
生派遣 (Heidelberg Germany) と EMBL ラボ訪問
- 2017年10月19日～21日  
The 19th International EMBL PhD Symposium への学  
生派遣 (Heidelberg Germany) と EMBL ラボ訪問





## 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

2016年7月12日  
"An atypical RNA-binding Tropomyosin recruits kinesin-1 to oskar mRNA for transport in the Drosophila oocyte"  
Anne Ephrussi 博士

2019年8月21日  
"Outbred Genetics in Medaka fish and humans - bringing models and medicine together"  
Ewan Birney 博士



## NIBB 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

2019年8月21日  
Ewan Birney 博士



## EMBL 訪問

2005年10月10日～22日  
斎藤 大助 (生殖遺伝学研究部門)  
田中 実 (生殖遺伝学研究部門)

2013年12月4日～6日  
村田 隆 (生物進化研究部門)

2015年3月10日～11日  
上野 直人 (形態形成研究部門)  
野中 茂紀 (時空間制御研究室)  
亀井 保博 (光学解析室)

## EMBO ミーティング参加

2013年6月26日～29日  
三井 優輔 (分子発生研究部門)

2014年1月18日～27日  
宮川 一志 (分子環境生物学研究部門)  
角谷 絵里 (分子環境生物学研究部門)

2014年10月6日～9日  
陳 秋紅 (分子発生研究部門)

2014年10月9日～12日  
伊神 香菜子 (生殖細胞研究部門)

2015年5月6日～9日  
藤森 俊彦 (初期発生研究部門)

## 共同研究

豊橋近郊の野生メダカ集団の集団遺伝学解析  
成瀬 清 (バイオリソース研究室)

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・斎藤 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)



## プリンストン大学との連携活動

2010年3月に自然科学研究機構（NINS）がアメリカのプリンストン大学と締結した学術交流協定に基づき、基礎生物学研究所はプリンストン大学との間で、生命科学分野での研究者の交流を進めています。2018年には、自然科学研究機構が、連携協定を結ぶ海外研究機関等との国際共同研究を推進するために、NINS 国際連携研究センター（NINS-IRCC）を設立しました。これまでのプリンストン大学との生命科学分野での交流を発展させ、さらなる国際共同研究を推進するために、IRCCに定量・イメージング生物学研究部門（IRCC-QIB）が2019年4月に設置されました。IRCC-QIBの部門長は形態形成研究部門の上野直人教授が兼任しています。

### 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）

第2回 2019年10月28日～30日  
Imaging and Quantitative Biology（岡崎）

### NIBB - プリンストン大学 合同トレーニングコース

2017年7月19日～21日  
NIBB - Princeton Joint Proteomics Training Course  
Protein Identification, Quantification and Characterization（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）

2018年11月5日～6日  
上野 直人（基礎生物学研究所）  
青木 一洋（基礎生物学研究所）  
重信 秀治（基礎生物学研究所）

2019年6月4日～6日  
上野 直人（基礎生物学研究所）  
青木 一洋（基礎生物学研究所）  
椎名 伸之（基礎生物学研究所）

### NIBB 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)

2017年7月18日～22日  
Prof. Ileana M. Cristea (Department of Molecular Biology, Princeton University)  
Dr. Todd Greco (Department of Molecular Biology, Princeton University)

2017年10月17日  
Prof. Pablo Debenedetti (Dean of Research, Department of Chemical and Biological Engineering, Princeton University)

2019年4月1日  
Mr. Dean Edelman (Office of Corporate Engagement and Foundation Relations, Princeton University)

### NIBB 滞在

2010年3月～5月  
Dr. Dayalan Srinivasan  
(Ecology and Evolution Dept., Princeton University)

### プリンストン大学滞在

2016年9月22日～2017年8月31日  
鈴木 誠（基礎生物学研究所 形態形成研究部門）  
自然科学研究機構「戦略的国際交流加速事業」

2016年10月10日から3年間  
橋本 寛（基礎生物学研究所 形態形成研究部門）  
自然科学研究機構「戦略的国際交流加速事業」

### ゲストセミナー

2016年9月23日  
“Virology meets Proteomics: Understanding human organelle remodeling in space and time during viral infection”  
Prof. Ileana M. Cristea (Department of Molecular Biology, Princeton University)

2018年6月11日  
“New Roles for Motile Cilia in Development and Disease”  
Associate Prof. Rebecca D. Burdine (Department of Molecular Biology, Princeton University)

2019年1月15日  
“Single cell resolution of animal development”  
Prof. Michel Levine (The Lewis-Sigler Institute for Integrative Genomics / Department of Molecular Biology, Princeton University)

## 第2回 NIBB - プリンストン大学 合同会議

### Imaging and Quantitative Biology

開催期間：2019年10月28日～30日

会場：岡崎コンファレンスセンター

オーガナイザー：

Michael S. Levine (Princeton Univ.)

Danelle Devenport (Princeton Univ.)

青木一洋 (基礎生物学研究所 / ExCELLS / IRCC-QIB)

上野直人 (基礎生物学研究所 / IRCC-QIB)

#### 招待講演者

Rebecca D. Burdine (Princeton Univ., USA)

Ileana Cristea (Princeton Univ., USA)

Danelle Devenport (Princeton Univ., USA)

Michael S. Levine (Princeton Univ., USA)

Jared E. Toettcher (Princeton Univ., USA)

Haw Yang (Princeton Univ., USA)

青木一洋 (基礎生物学研究所 / ExCELLS / IRCC-QIB)

飯野亮太 (分子科学研究所 / IRCC-QIB)

内橋貴之 (ExCELLS / 名古屋大学)

大澤志津江 (名古屋大学)

北館祐 (基礎生物学研究所)

木下典行 (基礎生物学研究所)

郷康広 (生理学研究所 / ExCELLS)

椎名伸之 (基礎生物学研究所 / ExCELLS)

重信秀治 (基礎生物学研究所)

征矢野敬 (基礎生物学研究所)

高田慎治 (基礎生物学研究所 / ExCELLS)

高橋俊一 (基礎生物学研究所)

近添淳一 (生理学研究所)

根本知己 (ExCELLS / 生理学研究所)

深谷雄志 (東京大学)

藤森俊彦 (基礎生物学研究所)

森田(寺尾)美代 (基礎生物学研究所)

#### 開催報告

青木一洋 (基礎生物学研究所 / ExCELLS / IRCC-QIB)

上野直人 (基礎生物学研究所 / IRCC-QIB)

第2回 NIBB-Princeton 合同シンポジウム "Imaging and Quantitative Biology" が、2019年10月28日(月)～30日(水)に岡崎コンファレンスセンターにて開催された。2010年から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学術交流と共同研究が始まり、2011年の第1回 NIBB-Princeton 合同シンポジウムが開催された。今回は、基礎生物学研究所、プリンストン大学だけでなく、自然科学研究機構 国際連携研究センター (IRCC) も主催として、また生理学研究所、分子科学研究所、生命創成探究センター、先端バイオイメージング支援プラットフォーム (ABiS) が共催として本合同シンポジウムの企画や運営にたずさわった。

本シンポジウムでは、分子から細胞、胚発生、個体や個体間の共生や感染、さらには脳の情報処理など非常に多岐にわたる生命現象を対象とした話題提供であったが、いずれも「イメージングと定量生物学」をキーワードに緩く結びついており、良くオーガナイズされたシンポジウムの編成であった。イメージング技術や光遺伝学を駆使した解析から1細胞シーケンシングや質量分析を使ったオミックス解析、さらには液-液相分離や機械学習といった最新の技術を余すことなく網羅しており、生命科学のダイナミックな進展をいやがうえにも感じさせる講演であった。ポスター発表では、自然科学研究機構の研究所やセンター、さらには他大学の研究者らによる活発な議論が行なわれた。プリンストン大学からは4名の研究者が参加し、さらに国内からの参加も含めた85名の参加者が集い、3日間にわたって熱い議論を交わした。自然科学研究機構とプリンストン大学との連携が大きく発展してきたことを十分に裏付けるものであった。

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基礎生物学研究所 国際連携室、自然科学研究機構 国際連携研究センター、およびオーガナイザー研究室の方々に感謝する。



The 2nd NIBB-Princeton Joint Symposium  
"Imaging and Quantitative Biology"  
Oct 28 (Mon) to 30 (Wed), 2019  
Venue: Okazaki Conference Center (Okazaki, Aichi, Japan)

**Speakers**

- Kazuhiko Aoki (IRCC-QIB, NIBB)
- Rebecca D. Burdine (Princeton Univ., USA)
- Junichi Chikazoe (IRCC-QIB)
- Ileana Cristea (Princeton Univ., USA)
- Danelle Devenport (Princeton Univ., USA)
- Toshihiko Fujimori (IRCC-QIB)
- Takashi Fukaya (IRCC-QIB)
- Yasuhiko Go (IRCC-QIB)
- Ryota Ino (IRCC-QIB)
- Noriyuki Kinoshita (IRCC-QIB)
- Yu Kitadate (IRCC-QIB)
- Michael S. Levine (Princeton Univ., USA)
- Tomomi Nemoto (IRCC-QIB)
- Miyo T. Morita (IRCC-QIB)
- Shizuo Ohsawa (IRCC-QIB)
- Joshua W. Shaevitz (Princeton Univ., USA)
- Shuji Shigenobu (IRCC-QIB)
- Nobuyuki Shiina (IRCC-QIB)
- Takashi Soyano (IRCC-QIB)
- Shinji Takada (IRCC-QIB)
- Shunichi Takahashi (IRCC-QIB)
- Jared E. Toettcher (Princeton Univ., USA)
- Takayuki Uchihashi (IRCC-QIB)
- Haw Yang (Princeton Univ., USA)

**Organizers**

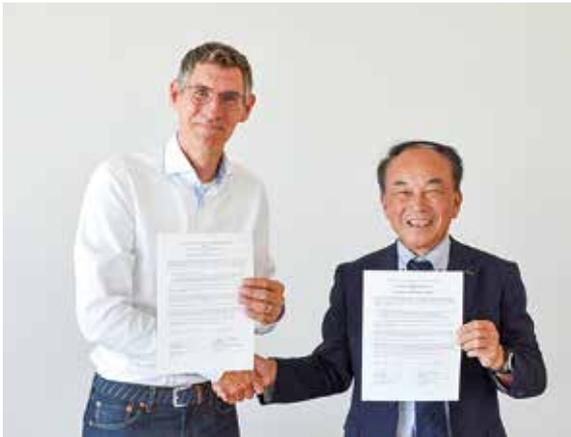
- Kazuhiko Aoki (IRCC-QIB)
- Rebecca D. Burdine (Princeton Univ., USA)
- Michael S. Levine (Princeton Univ., USA)
- Danelle Devenport (Princeton Univ., USA)

[http://www.nibb.ac.jp/nibb\\_princeton2](http://www.nibb.ac.jp/nibb_princeton2)



# COS Heidelberg との連携活動

ドイツ・ハイデルベルグ大の Centre for Organismal Studies Heidelberg (COS Heidelberg) は、生物学研究を推進する研究センターです。基礎生物学研究所と COS Heidelberg との間では、これまでも小型魚類、サンゴ、植物、顕微鏡に関する共同研究や、研究者や大学院生の相互訪問などが行われてきました。2019年7月に両者の間で連携協定を締結し、今後、共同研究の推進、技術や情報の共有、研究者や大学院生の相互訪問が活発に行われることが期待されます。



連携協定調印式にて、COS Heidelberg 所長の Jan Lohmann 博士(左)と基礎生物学研究所 阿形清和所長

## COS Heidelberg 訪問

2019年7月1日～2日  
阿形 清和 (基礎生物学研究所)  
上野 直人 (基礎生物学研究所)

## NIBB 訪問

2019年5月21日～22日  
Prof. Jan Lohmann (Managing Director, COS Heidelberg)

2019年5月30日  
Dr. Alex Meizel (W2 Professorship, COS Heidelberg)



2019年9月8日～9日  
Dr. Annika Guse (W2 Professorship, COS Heidelberg)



## COS Heidelberg ゲストセミナー

2019年5月21日  
“Signal Integration in Plant Stem Cells”  
Prof. Jan Lohmann (Managing Director, COS Heidelberg)

2019年9月9日  
“Molecular Mechanisms of Coral-Algal Endosymbiosis”  
Dr. Annika Guse (W2 Professorship, COS Heidelberg)

## 共同研究

刺胞動物の光応答メカニズムの解明  
Dr. Annika Guse (W2 Professorship, COS Heidelberg)  
上野 直人 (基礎生物学研究所)

# 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行っています。また、2015年8月には、連携協定の継続期間を5年間延長しています。

## NIBB-TLL 合同会議

2011年11月21日～22日

The 3rd NIBB-TLL-MPIZ Joint Symposium 2011 "Cell Cycle and Development" (Singapore, Singapore)

2012年11月19日～21日

The 4th NIBB-MPIZ-TLL Symposium "Arabidopsis and Emerging Model Systems" (岡崎)

2014年11月24日～26日

The 5th NIBB-MPIZ-TLL Symposium "Horizons in Plant Biology" (Cologne, Germany)

## NIBB-TLL 合同プラクティカルコース

2011年11月14日～21日

The 6th NIBB International Practical Course and The 1st NIBB - TLL Joint International Practical Course "Developmental Genetics of Medaka IV" (岡崎)

2012年7月22日～31日

The NUS/TLL/NIBB joint practical workshop on "Genetics, Genomics and Imaging in Medaka & Zebrafish" (Singapore)

2014年9月22日～10月1日

The 8th NIBB International Practical Course, The 3rd NIBB-TLL-DBS/NUS Joint International Practical Course "Experimental Techniques using Medaka and Xenopus - The Merits of using both -" (岡崎)

2016年8月18日～30日

The 9th NIBB International Practical Course, The 4th NIBB-TLL Joint International Practical Course "Genetics and Imaging of Medaka and Zebrafish" (岡崎)

## 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)

## NIBB 訪問

2010年11月16日～18日

(Plant Science Communications 2010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)



The NUS/TLL/NIBB joint practical workshop on "Genetics, Genomics and Imaging in Medaka & Zebrafish" (Singapore 2012)



テマセク生命科学研究所 (TLL 提供)



第3回 NIBB-TLL-MPIZ 合同シンポジウム  
Cell Cycle and Development  
(TLL, Singapore 2011)

# Global BiImaging との連携活動

基礎生物学研究所は、先端的な顕微鏡や新たな画像解析手法の開発、統合イメージング共同利用研究や生物画像解析トレーニングコースの実施、先端バイオイメージング支援プラットフォーム (ABiS) の中核拠点としての研究支援活動に取り組んでいます。“Global BiImaging (GBI)” は、欧州のバイオイメージング研究拠点ネットワークである “Euro-BiImaging (EuBI)” が進める、国を超えたネットワーク構築によって国境を超えた相互協力体制を整備する地球規模の取組です。2018年9月に ABiS と EuBI が連携協定を結んだのを機に、基礎生物学研究所は、毎年開催される “Exchange of Experience (EoE、実績・経験に基づく意見交換のための実務者会議)” に参加するなど、その連携活動に携わっています。



EoE III での連携協定調印式

ABiS 事業の中核機関の実施責任者である山本正幸基礎生物学研究所長と井本敬二生理学研究所長の署名による締結文書を持参した上野直人教授と EuBI 代表の Jan Ellenberg 博士

## Exchange of Experience (EoE) への参加

2018年9月14日～15日

Exchange of Experience III (Sydney, Australia)

上野 直人 (基礎生物学研究所)

2019年9月13日～14日

Exchange of Experience IV (Singapore, Singapore)

上野 直人 (基礎生物学研究所)

真野 昌二 (基礎生物学研究所)

立松 圭 (基礎生物学研究所)

2020年9月8日～9日

Exchange of Experience V (オンライン)

上野 直人

(基礎生物学研究所)



Exchange of Experience IV (Singapore, Singapore)

## ABiS-GBI 合同シンポジウム

2018年10月31日

ABiS-GBI-OIST-ResonanceBio Joint Symposium  
“Frontiers in Bioimaging” (OIST, 沖縄)

## ABiS-GBI 合同トレーニングコース

2018年11月1日～4日

GBI-ABiS International Training Course for Bioimage Analysis (OIST, 沖縄)



ABiS-GBI-OIST-Resonance Bio Joint Symposium “Frontiers in Bioimaging” (OIST, 沖縄, 2018)



GBI-ABiS International Training Course for Bioimage Analysis (OIST, 沖縄, 2018)

# 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1回 2007年1月15日～24日

The 1st course "Developmental Genetics of Zebrafish and Medaka" (Heidelberg, Germany)

第2回 2008年3月3日～12日

The 2nd course "Developmental Genetics of Zebrafish and Medaka II" (岡崎)

第3回 2008年6月30日～7月4日

The 3rd course "The NIBB Laboratory Course and Workshops on Physcomitrella patens 2008" (岡崎)

第4回 2009年6月29日～7月3日

The 4th course "The NIBB Laboratory Course and Workshops on Physcomitrella patens 2009" (岡崎)

第5回 2010年1月26日～2月2日

The 5th course "Developmental Genetics of Zebrafish and Medaka III" (岡崎)

第6回 2011年11月14日～21日

The 6th NIBB International Practical Course and The 1st NIBB - TLL Joint International Practical Course "Developmental Genetics of Medaka IV" (岡崎)

第7回 2012年7月22日～31日

The NUS/TLL/NIBB joint practical workshop on "Genetics, Genomics and Imaging in Medaka & Zebrafish" (Singapore)

第8回 2014年9月22日～10月1日

The 8th NIBB International Practical Course, The 3rd NIBB-TLL-DBS/NUS Joint International Practical Course "Experimental Techniques using Medaka and Xenopus - The Merits of using both -" (岡崎)

第9回 2016年8月18日～30日

The 9th NIBB International Practical Course, The 4th NIBB-TLL Joint International Practical Course "Genetics and Imaging of Medaka and Zebrafish" (岡崎)

第10回 2018年9月20日～29日

The 10th NIBB International Practical Course "Genome Editing and Imaging of Fish and Amphibians" (岡崎)

第11回 2020年10月19日～29日

The 11th NIBB International Practical Course, 2020 Academia Sinica / NIBB Joint International Workshop

"Genome Editing, Imaging and Regeneration in Medaka and Zebrafish, and Sea Urchin Embryogenesis" (台湾) (延期)



**Genome Editing, Imaging and Regeneration  
in Medaka and Zebrafish,  
and Sea Urchin Embryogenesis**

Date: Oct. 19-29, 2020  
Location: Institute of Cellular and Organismic Biology  
Academia Sinica, Taipei, Taiwan  
Activity: Lectures and Hand-on Experiments  
Language: English

**2020 Academia Sinica / NIBB Joint International Workshop**

Registration: <http://>  
Application deadline: June 19, 2020

- **Genome Editing** (Lecture: CH Chen, ICOB, AS, Taiwan; Experiment: Zebrafish)
- **Microinjection** (Experiment: Zebrafish)
- **3-Color Staining and 3D Image Processing** (Lecture: YS Kuan, IBS, NTU, Taiwan; Experiment: Zebrafish)
- **In Situ Hybridization** (Lecture: YS Su, ICOB, AS, Taiwan; Experiment: Zebrafish, Medaka, Sea Urchin, Hemichordata)
- **Cryopreservation/Artificial Insemination** (Lecture: K Naruse, NIBB, Japan; Experiment: Medaka)
- **Cell Transplantation** (Lecture: K Naruse, NIBB, Japan; Experiment: Medaka)
- **In Vivo Cell Manipulation (IR-LEGO)** (Lecture: Y Kamei, NIBB, Japan; Experiment: Medaka)
- **Fin Regeneration and Multicolor Cell Tagging** (Lecture: CH Chen, ICOB, AS, Taiwan; Experiment: Zebrafish)
- **Sea Urchin Embryogenesis** (Lecture: YS Su, ICOB, AS, Taiwan; Experiment: Sea Urchin)

• **Seminars on Research using Medaka and Zebrafish**  
(Lecturers from Taiwan: SC Chung, IBS, AS; YJ Jiang, NIBB; LY Lin, NTNU; SC Chen, RC, AS; SL Lai, IBS, AS; MY Chou, NTU; CD Hsiao, CYU; CH Yeh, NIBB; Lecturers from Japan: Y Takehana, NIBB; H Takeuchi, Okayama Uni.; J Sakamoto, NIBB)

# 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 2019 夏

「RNA-seq 入門 - NGS の基礎から *de novo* 解析まで」

開催期間：(準備編) 2019年5月16日～5月17日  
(実践編) 2019年5月30日～5月31日

オーガナイザー：

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)

講師：

佐藤 昌直 (北海道大学大学院 農学研究院)

山口 勝司 (基礎生物学研究所 生物機能解析センター)

西出 浩世 (基礎生物学研究所 生物機能解析センター)

中村 貴宣 (基礎生物学研究所 生物機能解析センター)

尾納 隆大 (基礎生物学研究所 生物機能解析センター)

杉浦 宏樹 (基礎生物学研究所 生物機能解析センター)

### 実習内容

(準備編：UNIX・R・NGSの基本)

UNIX 基礎

シェルスクリプト

R 入門

NGS 基本データフォーマット

NGS 基本ツール

テキスト処理

演習

(実践編：RNA-seq 解析パイプライン)

RNA-seq 入門 概論

NGS 基本データフォーマット復習

NGS 基本ツール：Bowtie2、samtools、IGV など

統計学入門

RNA-seq 基礎、ゲノムベース、トランスクリプトベース、*de novo*

多変量解析

機能アノテーションと GO 解析

実践演習

まとめ

準備編：受講生 28名 (応募総数 121名)

実践編：受講生 30名 (応募総数 128名)

## ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース 2020 春

「RNA-seq 入門 - NGS の基礎から *de novo* 解析まで」

開催期間：(準備編) 2020年2月27日～2月28日  
オーガナイザー：

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)

講師：

佐藤 昌直 (北海道大学大学院 農学研究院)

山口 勝司 (基礎生物学研究所 生物機能解析センター)

西出 浩世 (基礎生物学研究所 生物機能解析センター)

中村 貴宣 (基礎生物学研究所 生物機能解析センター)

杉浦 宏樹 (基礎生物学研究所 生物機能解析センター)

### 実習内容

(準備編：UNIX・R・NGSの基本)

UNIX 基礎

シェルスクリプト

R 入門

統計学入門

NGS 基本データフォーマット

NGS 基本ツール

テキスト処理

統計学入門

演習

受講生 26名 (応募総数 109名)

## 開催報告

### ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース

オーガナイザー 内山 郁夫

(生物機能解析センター 情報管理解析室)

ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース (GITC) は、次世代シーケンサー (NGS) の登場により、大規模なシーケンズデータを解析する必要に迫られた実験生物学者を対象としたインフォマティクス技術のトレーニングコースです。手持ちのデータを解析するために直ちに必要となるプログラムの使い方など実践的な内容に加えて、大規模なデータ解析を行う際に必要となる計算機操作や統計的な考え方など、実験生物学者があまり触れてこなかったと思われる基礎的な内容にも力を入れた構成になっています。GITC はこれまで初級向け、中級向けなど複数のコースを実施してきましたが、今年度は、5月と2月に「RNA-seq 入門」のコースを実施しました。

「RNA-seq 入門」は、「準備編」と「実践編」の2部構成となっており、「準備編」は解析プラットフォームとしてのUNIX や R の使い方と NGS データの基本的な取扱いについて習熟することを、「実践編」は実際に RNA-seq データを処理し、統計解析を行って生物学的に有用な結果を得るまでの流れを習得することを目標とします。通常、両者は2〜3週間の間において開催され、両方を通して受講することで、まったくの初心者の方でも、手持ちのデータを解析するために必要な一通りの知識と技術が身につくような構成になっています。また受講者の準備状況や習熟度によっては、どちらか一方のみに参加することも可能です。GITC の看板コースであり、近年は応募者が100名を大きく超えるようになっています。受講者からも高い評価をいただいております。5月に行ったコース後のアンケートからも、「まったくの初心者であったが、丁寧なサポートがあり、なんとかついていくことができた」「実践編は内容が盛りだくさんでやや難しかったが、今後学習を継続するモチベーションを持つことができた」といった、好意的な反応が寄せられました。

ただ、2回目の「RNA-seq 入門 (2020 年春)」は、新型コロナウイルス感染症の拡大が懸念される中での開催となり、結果として「準備編」は一度延期して当初の「実践編」の日程で実施し、「実践編」の方は次年度に延期することとなりました。また実施した「準備編」においても、参加者のキャンセルが相次ぎ、当日は参加者間の情報交換の場として予定していた懇親会を中止したほか、プログラム内容を一部変更し、またマスク着用など感染防止に配慮した形での開催となりました。完全な形での開催ができなかったことは残念でしたが、延期となった「実践編」についても、コロナウイルス感染症の状況を見極めつつ、効果的に行えるようにしたいと思います。



# 生物画像データ解析トレーニングコース

## 生物画像データ解析トレーニングコース 2019

開催期間：2019年12月10日～12月12日

会場：基礎生物学研究所

オーガナイザー・講師：

代表：加藤 輝 (ExCELLS、基礎生物学研究所)

野中 茂紀 (ExCELLS、基礎生物学研究所)

村田 隆 (基礎生物学研究所)

亀井 保博 (基礎生物学研究所)

小山 宏史 (基礎生物学研究所)

### スーパーバイザー

上野 直人 (基礎生物学研究所)

藤森 俊彦 (基礎生物学研究所)

高田 慎治 (ExCELLS、基礎生物学研究所)

### プログラム

はじめに (加藤)

クイックスタート (村田)

- ・ ImageJ ことはじめ・デジタル顕微鏡画像
- 画像処理・解析の基礎 講義・実習 (加藤)
- ・ 画像の基礎 (畳み込み演算、カーネルの畳み込みの意味)
- ・ 前処理の基礎 (カーネル処理 (線形)、非線形フィルタ (中央値))
- ・ 定量化 (2値化 (自動閾値 (大津の方法))、ラベリング、面積、数などの決定)

ImageJ マクロ講義・実習 (野中)

- ・ マクロとは何か、基本編
- ・ マクロプログラミング実践編

画像の定量化について 講義・実習 (加藤、小山)

定量的生物画像解析について実践的な演習

- ・ Intensity の定量
- ・ 動き、数、形の定量
- ・ 画像の特性 (模様など) の定量

講義「画像解析のための顕微鏡の基礎知識」(村田)

講義「顕微鏡概論」(亀井)

顕微鏡見学会 (亀井)

ディスカッション

受講者数 18名



### 開催報告

オーガナイザー 加藤 輝

(生命創成探究センター 生物画像情報解析グループ)

生命創成探究センター (ExCELLS)、基礎生物学研究所、ならびに新学術領域研究「学術研究支援基盤形成」先端バイオイメージング支援プラットフォーム (ABIS) の共催により、「生物画像解析トレーニングコース 2019」を12月10日～12日に開催しました。本コースは、顕微鏡画像の取り扱いについて比較的初心者である生物系の研究者を対象に、画像処理・解析に関し「簡単な問題は自分で解決できる」あるいは「技術的に高度な課題についてはその道の専門家と生産的な議論ができる」ための基盤を習得することを目標に定めています。第6回目の開催となった本年度開催分では、16名の定員に対し43名の応募があり、本コースが設定する学習機会にたいする需要の高さを窺わせるものとなりました。

本コースでは、解析に用いる画像を取得する際に留意すべき点をはじめ、画像処理・解析の基礎に至る一連の過程についての講義を行いました。さらに、生物画像処理・解析のための代表的なソフトウェアの一つである ImageJ と教材を予めインストールした PC を参加者全員に貸与し、ImageJ の基本操作、画像処理・解析について実習を行いました。また、これらの作業を ImageJ マクロプログラムとして記述、自動化することで、近年の顕微鏡画像の多次元化・大容量化に対応できるプログラミング技法についての講義と実習を行いました。

コースの締め括りとして、各々の受講者が実際に取り組んでいる研究テーマの画像について講師による解析例を示し、解説と議論を行いました。

例年、参加者の方々から「たいへん」、「かなり疲れた」とご好評を頂いている内容ですが、画像解析技術をより身近なものとする上で一定の効果はあったと思われます。また、生物画像解析にかかる共同研究の契機となればと期待致しております。



# 新規モデル生物開発センター トレーニングコース

## 新規モデル生物開発センター トレーニングコース 「新規モデル生物のマイクロインジェクション技術講習会」

開催期間：2020年1月16日～1月17日

オーガナイザー・講師：

重信 秀治（基礎生物学研究所）

鈴木 賢一（基礎生物学研究所・広島大学）

新美 輝幸（基礎生物学研究所）

成瀬 清（基礎生物学研究所）

上野 直人（基礎生物学研究所）

### 実習内容

#### オリエンテーション

#### 生物種ごとに分かれて実習

#### （両生類コース）イベリアトゲイモリ

・受精卵調製と mRNA もしくは Cas9RNP インジェクション

#### （昆虫コース）アブラムシ、マダラシミ

・ゲノム編集を想定したエンドウヒゲナガアブラムシの卵（初期胚）へのインジェクション

・マダラシミの幼虫を用いた Larval RNAi

#### （小型魚類コース）メダカ

・雌雄の判別、受精直後の卵の採取技術から顕微注入までの各ステップの実習

・精子凍結による系統保存

#### レクチャー

「マイクロインジェクション - 定量的方法を中心に」

#### 毛利 達磨

「マイクロインジェクション関連製品の紹介と質疑応答」

#### （株）成茂科学機器研究所

「ポストゲノム時代の基礎生物学におけるゲノム編集を用いた遺伝子機能解析～両生類をモデルとして～」 鈴木 賢一

「i-GONAD: 体外での胚操作を要しないゲノム編集動物作製法」 大塚 正人

受講者数 14名



### 開催報告

オーガナイザー 重信 秀治

（新規モデル生物開発センター）

近年のシーケンス技術やゲノム編集技術の目覚ましい進歩によって、新しいモデル生物の開発が可能になってきました。モデル生物の整備のためには、生物の安定的な飼育・繁殖、ゲノム・トランスクリプトーム等遺伝情報の整備に加え、機能解析のための実験操作技術の確立が肝要です。なかでも、マイクロインジェクションはゲノム編集やRNAiなど多くの機能操作に用いられる基盤技術です。しかしながら、マイクロインジェクションはそれぞれの対象生物種ごとに最適な方法や条件が異なり、固有のノウハウを要することから、その開発と習得は新規モデル生物開発の障壁となっています。そこで、多様な新規モデル生物開発を推進している基礎生物学研究所では、マイクロインジェクションの技術講習会を企画しました。

研究者はもちろん学生や民間企業研究者を含む幅広い層の14名が参加しました。参加者を3つの班に分け、それぞれ両生類（イベリアトゲイモリ）、昆虫（アブラムシ、シミ）、小型魚類（メダカ）を用いた実習を2日間の日程で実施しました。それぞれの生物種の特性に合わせたインジェクションのノウハウを、実演を通して習得していただきました。生物種ごとの実習の後には、全員が集まり実習報告会にて、経験やノウハウを共有しました。2日目の午後には、マイクロインジェクションを応用した機能解析技術に関するレクチャーの時間を設け、主に所外から専門家を招聘して、マイクロインジェクションの歴史やゲノム編集に関する4題の講演をしていただきました。また、マイクロインジェクション機器の開発メーカーにも参加いただき、ユーザーと開発者の情報交換も実現しました。

参加者のアンケートからは、「市販のテキスト、論文やネットには掲載されていない“コツ”をいくつも知ることができ、大変参考になった」、「講師の先生方や他の受講生と情報交換ができた、参加者の皆さんと交流できたことも自分の財産になりました」などの声が聞かれ、大変好評であったことが伺えました。マイクロインジェクションは古くからある技術ですが、ゲノム編集など新しい技術を活かすために今後ますます重要性を持つ技術であることは間違いありません。我々基礎生物学研究所新規モデル生物開発センターは、研究者のニーズを掘り取りつつ、この古くて新しい技術の改良と普及に今後も取り組んでいきたいと思えます。



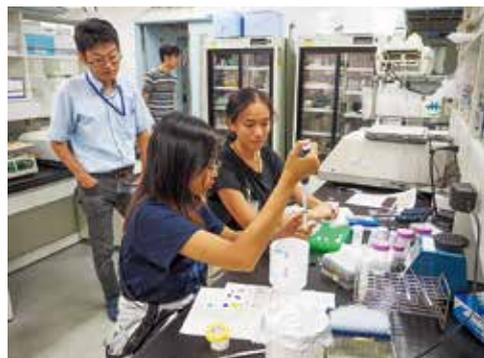
# NIBB Internship Program

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。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シップ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行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。

2019 年度は 29 名の応募があり、選抜された 11 名のインターンシップ生を受け入れました。国籍はタイ、ベトナム、ド

イツ、ハンガリーおよび米国からの参加に加え、タイ、ベトナムや韓国から国内の大学に留学する学部生 3 名、米国に留学中の日本人学生 1 名で、研究室メンバーの一員として 2 週間から 3 ヶ月ほどの研究生活を送りました。また自身のグラント利用や訪問研究室からの支援を受けイギリスとベトナムから 2 名の学生がインターンシップ生として来所しました。



## 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 年度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。2019 年度は 7 コースが行われ、全国から応募した 25 名が参加しました。

### 2019 年度 実習内容

「細胞内で起こっている化学反応を可視化し操作しよう」  
青木 一洋（定量生物学研究部門）

「植物の細胞を観る」  
上田 貴志（細胞動態研究部門）

「タンパク質を精製して機能を調べてみよう！」  
中山 潤一（クロマチン制御研究部門）

「ES 細胞の細胞周期を解析しよう」  
坪内 知美（幹細胞生物学研究室）

「神経細胞を蛍光で観察しよう」  
椎名 伸之（神経細胞生物学研究室）

「神経細胞を蛍光で可視化して、活動計測する」  
東島 真一（神経行動学研究部門）

「植物の重力屈性を観察しよう」  
森田（寺尾）美代（植物環境応答研究部門）







# 基礎生物学研究所 一般公開

2019年10月5日、基礎生物学研究所は「見て→聞いて→見る 生き物研究」と題して一般公開を行いました。明大寺地区の研究室や施設を公開し、一般の皆様へ研究の現場に足をお運びいただき、最先端の生物学研究をご紹介します。また、トークライブやクイズラリーなどを行い、2980名の方々にご来場いただきました。

## 研究室・施設公開（明大寺地区）

- 1 基生研の歴史、いまむかし（技術課・受付）
- 2 酵母の力でノーベル賞～大隅良典先生とオートファジーの話～（大隅良典名誉教授ブース）
- 3 生命を支える光・研究を支える光（光学解析室）
- 4 研究を支えるコンピューター（情報管理解析室・ゲノム情報研究室）
- 5 光合成を見てみよう！（環境光生物学研究部門）
- 6 メダカから学ぶ生き物の仕組み（バイオリソース研究室）
- 7 -196℃の世界を覗いてみませんか（IBBPセンター）
- 8 生物を光で「斬る」顕微鏡（時空間制御研究室）
- 9 VR・AIによる生物・医学情報の解析（生物画像情報解析グループ）
- 10 細胞小器官の働きとは？－油をためる仕組みを例として－（オルガネラ制御研究室・ABIS）
- 11 岡崎オルガネランド（細胞動態研究部門・植物発生理学研究グループ）
- 12 たおれても起きあがる植物（植物環境応答研究部門）
- 13 神経細胞のかたちを観察しよう（神経細胞生物学研究室）
- 14 地球外生物の可能性を考える（アストロバイオロジーセンター）
- 15 放射線を見てみよう（アイソトープ実験センター）
- 16 DNA、見えるの？（クロマチン制御研究部門）
- 17 生きた細胞をのぞいてみよう！（幹細胞生物学研究室）
- 18 細胞同士のコミュニケーションと生きものの形づくり（分子発生学研究部門）
- 19 光る魚で探る神経回路（神経行動学研究部門）
- 20 いのちかたちのはじまり - カエルの発生 -（形態形成研究部門）
- 21 コンピューターによる生物画像の情報解析（生物画像情報解析グループ）
- 22 共生研究最前線～植物と微生物の巧みな生き方をさぐる～（共生システム研究部門）
- 23 生物の、モデル養成所。（生物機能情報分析室・新規モデル生物開発センター）

## 研究室紹介展示（岡崎コンファレンスセンター）

- 1 切っても切ってもプラナリア（再生生物学研究室）
- 2 不思議な植物（生物進化研究部門）
- 3 おいでよ、昆虫の世界に！（進化発生研究部門）
- 4 とんでもないアサガオ実物図鑑（多様性生物学研究室）
- 5 動物が見る世界、人が見る世界（神経生理学研究室）
- 6 顕微鏡で細胞の働く仕組みを調べます（定量生物学研究部門）
- 7 ほ乳類の卵を見てみよう（初期発生研究部門）
- 8 精子の幹細胞、活動中（生殖細胞研究部門）





## NIBB トークライブ「研究者と一緒に見る生き物の魅力」

研究者トークと観察を組み合わせたイベントを開催。4名の研究者が生きものの魅力について熱く語り、来場者と一緒に観察を行いました。

- 「切っても切ってもプラナリア」阿形 清和 所長
- 「驚異の植物：コケ、食虫植物、オジギソウ」長谷部 光泰 教授
- 「知られざるカブトムシの角作り」新美 輝幸 教授
- 「ふしぎのアサガオ、まぼろしのアサガオ」星野 敦 助教



## オカザえもん に伝えよう、生き物の魅力

来場者の皆さんからオカザえもん に、一般公開で観察した生き物の魅力についてカードに書いて伝えてもらうイベントを開催しました。



## 大隅良典名誉教授のノーベル賞受賞記念モニュメントとノーベル賞メダル（公式レプリカ）を公開



## 愛知県立岡崎高等学校SSH部サイエンスワークショップ&研究ポスター展示



## 岡崎市PRコーナーキッチンカー出店（岡崎市観光協会）



## スタンプラリー

スタンプラリーを開催。スタンプを集めた方にオリジナル缶バッジをプレゼントしました。



基礎生物学研究所 NIBB 一般公開2019 10月5日(土) 10:00~16:30 (入場16:00まで)

見ても聞いても見る 生き物研究

生物学研究の現場を大公開！ 研究で活躍する生き物たちを観察しよう！

NIBBトークライブ「研究者と一緒に見る生き物の魅力」

- 10:30 - 「切っても切ってもプラナリア」阿形 清和
- 12:00 - 「驚異の植物：コケ、食虫植物、オジギソウ」長谷部 光泰
- 13:30 - 「知られざるカブトムシの角作り」新美 輝幸
- 15:00 - 「ふしぎのアサガオ、まぼろしのアサガオ」星野 敦

生き物の魅力をとことん探究する

大学共同利用共同研究拠点 基礎生物学研究所

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



## 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。

### 出前授業

基礎生物学研究所は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。

2019年度

甲山中学校「遺伝子とDNAと生物について」

野々村 恵子

額田中学校「基礎生物学研究所の紹介&生物学実験を体験しよう」

倉田 智子

矢作中学校「光合成から見る地球環境」

得津 隆太郎

岩津中学校「細胞の方向性を決める分泌性タンパク質」

三井 優輔

竜南中学校「多様な昆虫には不思議がいっぱい！」

新美 輝幸

美川中学校「植物の光合成」

滝澤 謙二

葵中学校「多様な昆虫には不思議がいっぱい！」

新美 輝幸

### 中学生職場体験学習

全国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。

豊田市立豊南中学校 2名

豊田市立竜神中学校 2名



### 国研セミナー

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。岡崎南ロ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。

2019年10月29日

「実物に見るアサガオの魅力」

星野 敦



### 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

2019年6月19日

SSHの日

ポスター発表指導

立松 圭



2020年1月14日

特別授業

「再生できる生き物に

再生の仕方を学ぶ

～プランナリアやイモリが

開くサイエンスの

新しい窓～」

阿形 清和



### 愛知産業大学三河高等学校 理科講演会

2019年12月20日  
「身体の左右を決める仕組み」  
野中 茂紀



### あいち科学技術教育推進協議会 科学三昧 in あいちへの協力及び展示

2019年12月27日 (岡崎コンファレンスセンター)  
発表指導  
立松 圭

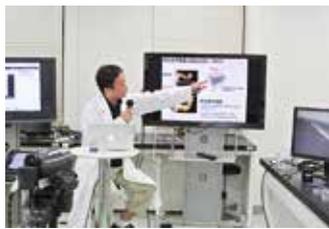


ブース展示

### ニコニコ生放送の実施 (インターネット生中継番組)

2019年8月23 - 31日  
世界最大のイモリ・イベリアトゲイモリをみんなで育てよう  
【基礎生物学研究所× niconico】  
鈴木 賢一・鈴木 美有紀・阿形 清和・森山 侑輝・林 利憲・  
倉田 智子

来場者数：452,174人  
コメント数：136,636件



### 蒲郡生命の海科学館での講演とワークショップの実施

「もうすぐムシの日! 講演会&ミニ展示解説&ワークショップ  
昆虫好き集まれ〜カブトムシ VS クワガタムシ〜」  
(蒲郡市 生命の海科学館)  
2019年6月2日  
講演  
「カブトムシの角作りの秘密」 新美 輝幸  
ワークショップ  
「カブトムシの幼虫観察」 小長谷 達郎・倉田 智子



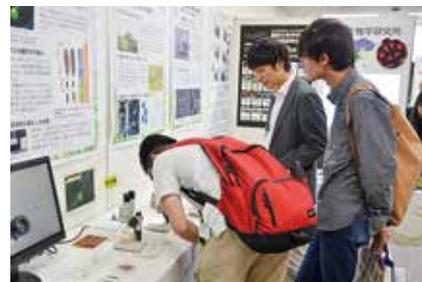
### 所長顔見世口演

2019年4月16日 (岡崎コンファレンスセンター)  
「プラナリアとイモリを使った再生生物学で再生医療を攻める」  
阿形 清和



### 大学共同利用機関シンポジウム2019

“~最先端研究大集合~” (日本科学未来館)  
2019年10月20日  
講演  
「ゲノムから読み解く昆虫の不思議」  
重信 秀治



ブース展示

### 自然科学研究機構若手研究者賞記念講演 2019

“宇宙・生命・脳・物質・エネルギー”若手研究者による  
Rising Sun VII

(日本科学未来館 未来館ホール)

2019年7月7日

講演

「多数の精子が生涯にわたって作り続けられる仕組みを探る」

北館 祐



### おかしん先端科学奨学金制度 奨学生による成果発表会

2020年2月8日(岡崎信用金庫本部ビル)

講演

「サンゴと褐虫藻の共生崩壊(サンゴの白化現象)のメカニ  
ズム解析」

岸本 真理子



特別講演

「再生できる生き物に再生医療の仕方を学ぶ」

阿形 清和



### 第28回自然科学研究機構シンポジウム

“SF/未来/科学技術 ～科学技術は夢見た未来を創れるか～”

(東京国際交流館)

2019年8月24日



ブース展示

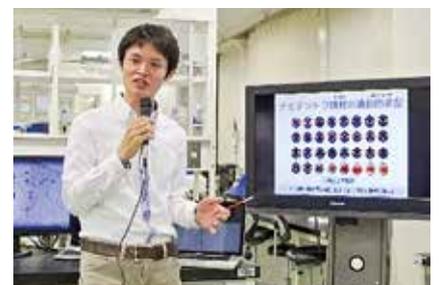
### 臨時休校対応特別企画

2020年3月11日

特別授業(ライブ配信)

「テントウムシのハネの模様をきめるしくみ」

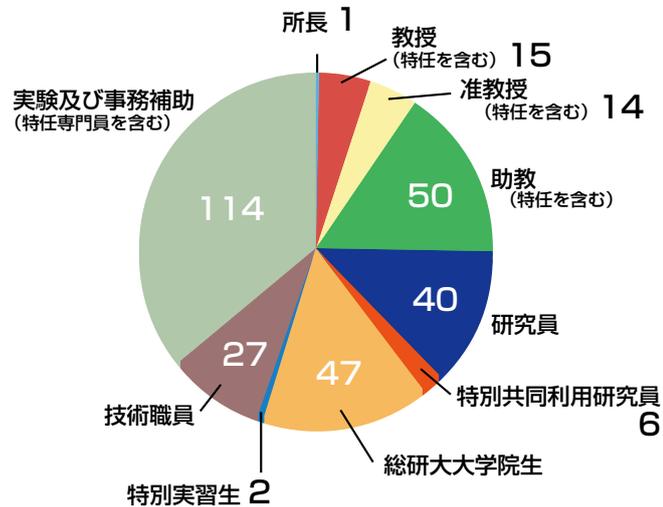
安藤 俊哉



# 研究所の現況

## 研究所で働く人たち (2020年4月1日現在)

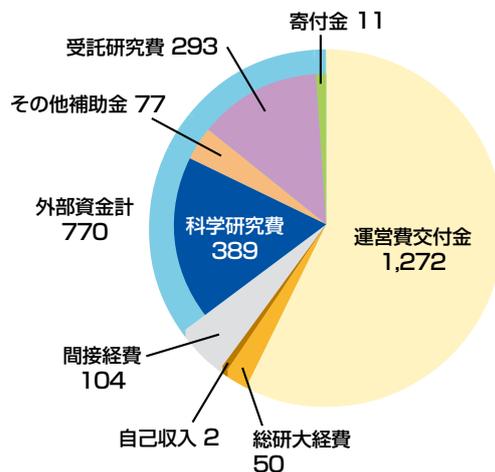
Total 316人



## 研究所の財政規模 (2019年度決算額)

Total 2,198

単位：百万円

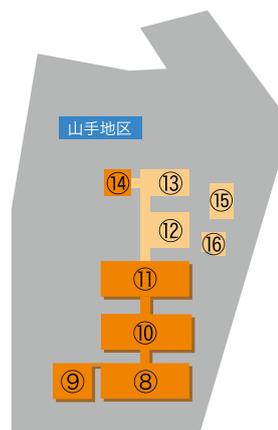


基礎生物学研究所では国からの補助（運営費交付金、総研大経費）に加え、各研究者の努力により科学研究費、受託研究費など多くの競争的資金を獲得して研究を行っています。

## 配置図



- ① 基礎生物学研究所 実験研究棟  
A 大型スペクトログラフ  
B 動物資源共同利用研究センター (水生生物実験室)
- ② 形質統御実験棟
- ③ 共通施設棟 I  
(アイソトープ実験センター・生物機能情報分析室・電子顕微鏡室)
- ④ 共通実験棟 II (機器研究試作室)
- ⑤ 動物資源共同利用研究センター
- ⑥ 実験廃液処理施設
- ⑦ 圃場



- ⑧ 山手1号館 A
- ⑨ 山手1号館 B
- ⑩ 山手2号館
- ⑪ 山手3号館
- ⑫ 山手4号館
- ⑬ 山手5号館
- ⑭ IBBPセンター棟
- ⑮ 高圧配電施設
- ⑯ 実験排水処理施設

明大寺地区  
愛知県岡崎市明大寺町字西郷中 38

山手地区  
愛知県岡崎市明大寺町字東山 5-1



# 自然科学研究機構 岡崎統合事務センター

岡崎統合事務センター組織	
総務部	
総務課	
	総務係
	企画評価係
	情報サービス係
	人事係
	労務係
	給与係
国際研究協力課	
	国際係
	大学院係
	共同利用係
	研究戦略係
	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
	物品検収室
調達課	
	基生研・生理研チーム
	分子研・事務センターチーム
	旅費計算室
施設課	
	資産管理係
	施設環境係
	電気係
	機械係

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。



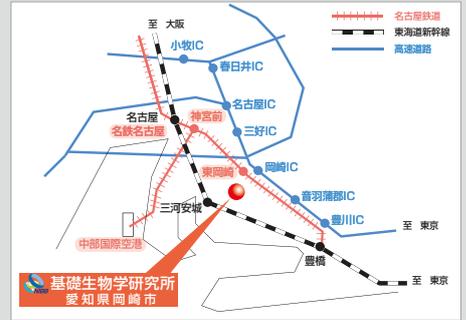
岡崎統合事務センター

# 研究教育職員・技術課技術職員 INDEX

あ	青木 一洋	17	教授	定量生物学研究部門
	阿形 清和	2,35,107	所長	再生生物学研究室
	Annika Guse	62	訪問教授	NIBB-COS Heidelberg 国際共同研究プロジェクト
	安藤 俊哉	45	助教	進化発生研究部門
	飯沼 秀子	97,99,100	技術職員	技術課、安全衛生管理室、アイソトープ実験センター
	石川 雅樹	41	助教	生物進化研究部門
	上田 貴志	15	教授	細胞動態研究部門
	上野 直人	27,79,91	教授	形態形成研究部門、新規モデル生物開発センター、研究力強化戦略室
	内山 郁夫	72,78,89	准教授	ゲノム情報研究室、生物機能解析センター、研究力強化戦略室
	内海 秀子	28,99	技術主任	技術課、分子発生学研究部門
	海老根 一生	15	助教	細胞動態研究部門
	大井 祥子	40,99	技術職員	技術課、生物進化研究部門
	大澤 園子	82,99	技術係長	技術課、モデル生物研究センター
	太田 裕作	55	特任助教	多様性生物学研究室
か	大坪 瑤子	67	特任助教	自然科学研究機構 新分野創成センター プラズマバイオ研究分野
	大野 薫	59	助教	多様性生物学研究室
	大橋 りえ	21	助教	神経細胞生物学研究室
	岡 早苗	30,99	技術主任	技術課、初期発生研究部門
	片岡 研介	19	助教	クロマチン制御研究部門
	金井 雅武	25,95	特任助教	オルガネラ制御研究室、研究力強化戦略室
	金澤 建彦	15	助教	細胞動態研究部門
	加藤 愛	86,91,99	技術職員	技術課、IBBP センター、研究力強化戦略室
	加藤 輝	54	特任助教	多様性生物学研究室
	鎌田 芳彰	51	助教	多様性生物学研究室
	亀井 保博	74,77,89	特任准教授	生命熱動態研究室、生物機能解析センター、研究力強化戦略室
	川口 正代司	43,79,90	教授	共生システム研究部門、新規モデル生物開発センター、研究力強化戦略室
	川出 健介	43	助教	共生システム研究部門
	川本 望	71	特任助教	植物環境応答研究部門
さ	北館 祐	33	助教	生殖細胞研究部門
	木下 典行	27	准教授	形態形成研究部門
	木村 有希子	37	助教	神経行動学研究部門
	倉島 公憲	23	特任助教	幹細胞生物学研究室
	倉田 智子	94	特任助教	研究力強化戦略室
	幸節 健	41	特任助教	生物進化研究部門
	児玉 隆治	50,90,95,100	准教授	構造多様性研究室、研究力強化戦略室、アイソトープ実験センター
	後藤 祐平	17	助教	定量生物学研究部門
	小林 汰輔	39	特任助教	神経生理学研究室
	小峰 由里子	92	助教	研究力強化戦略室
	小山 宏史	31	助教	初期発生研究部門
	近藤 真紀	77,99	技術係長	技術課、生物機能解析センター
	近藤 洋平	17	助教	定量生物学研究部門
	齋田 美佐子	77,99	技術職員	技術課、生物機能解析センター
齊藤 稔	57	特任准教授	多様性生物学研究室	
坂本 丞	74	特任助教	生命熱動態研究室	
作田 拓	60	助教	多様性生物学研究室	
澤田 薫	97,99,100	技術主任	技術課、安全衛生管理室、アイソトープ実験センター	
Jia-Hsin Huang	47	助教	進化ゲノミクス研究室	
椎名 伸之	21	准教授	神経細胞生物学研究室	
四方 明格	71	助教	植物環境応答研究部門	
重信 秀治	47,76,79,89	教授	進化ゲノミクス研究室、生物機能解析センター、新規モデル生物開発センター、研究力強化戦略室	
篠塚 琢磨	29	特任助教	分子発生学研究部門	
四宮 愛	56	特任助教	多様性生物学研究室	
定塚 勝樹	64,90	助教	自然科学研究機構 アストロバイオロジーセンター、研究力強化戦略室	
杉浦 宏樹	78,99	技術職員	技術課、生物機能解析センター	
鈴木 賢一	35,79,81	特任准教授	再生生物学研究室、新規モデル生物開発センター	
瀬上 紹嗣	41	助教	生物進化研究部門	
征矢野 敬	43	准教授	共生システム研究部門	

# 研究教育職員・技術課技術職員 INDEX

た	高木 知世	26,99	技術主任	技術課、形態形成研究部門	
	高田 慎治	29,89	教授	分子発生学研究部門、研究力強化戦略室	
	滝澤 謙二	63	特任准教授	自然科学研究機構 アストロバイオロジーセンター	
	高橋 俊一	69	准教授	環境光生物学研究部門	
	高橋 弘樹	27	助教	形態形成研究部門	
	竹内 靖	36,99	技術主任	技術課、神経行動学研究部門	
	立松 圭	91	特任助教	研究力強化戦略室	
	田中 幸子	42,99	技術係長	技術課、共生システム研究部門	
	谷本 昌志	37	助教	神経行動学研究部門	
	桐根 一夫	53,83	助教	多様性生物学研究室、モデル生物研究センター	
	坪内 知美	23,93	准教授	幹細胞生物学研究室、研究力強化戦略室	
得津 隆太郎	69	助教	環境光生物学研究部門		
な	中川 俊徳	33	助教	生殖細胞研究部門	
	中村 貴宣	78,99	技術職員	技術課、生物機能解析センター	
	中村 太郎	45	助教	進化発生研究部門	
	中山 啓	21	助教	神経細胞生物学研究室	
	中山 潤一	19	教授	クロマチン制御研究部門	
	成瀬 清	49,86,91	特任教授	バイオリソース研究室、IBBP センター、研究力強化戦略室	
	新美 輝幸	45,79,92	教授	進化発生研究部門、新規モデル生物開発センター、研究力強化戦略室	
	西出 浩世	78,99	技術主任	技術課、生物機能解析センター	
	西村 岳志	71	助教	植物環境応答研究部門	
	西本 裕希	18,99	技術職員	技術課、クロマチン制御研究部門	
	野口 裕司	82,99	技術職員	技術課、モデル生物研究センター	
	野田 千代	68,99	技術職員	技術課、環境光生物学研究部門	
	野中 茂紀	73	准教授	時空間制御研究室	
	野々村 恵子	31	助教	初期発生研究部門	
は	長谷部 光泰	41,89,90,91,100	教授・副所長	生物進化研究部門、アイソトープ実験センター、研究力強化戦略室	
	林 亜紀	19	特任助教	クロマチン制御研究部門	
	林 晃司	14,99	技術主任	技術課、細胞動態研究部門	
	東島 眞一	37,93	教授	神経行動学研究部門、研究力強化戦略室	
	尾納 隆大	16,99	技術職員	技術課、定量生物学研究部門	
	平 誠司	33	特任助教	生殖細胞研究部門	
	藤田 浩徳	65,90	助教	自然科学研究機構 アストロバイオロジーセンター、研究力強化戦略室	
	藤森 俊彦	31,83,94	教授	初期発生研究部門、モデル生物研究センター、研究力強化戦略室	
	星野 敦	52,79,83	助教	多様性生物学研究室、新規モデル生物開発センター、モデル生物研究センター	
	ま	牧野 由美子	76,99	技術主任	技術課、生物機能解析センター
松田 淑美		97,99,100	技術係長	技術課、安全衛生管理室、アイソトープ実験センター	
眞野 昌二		25,89,90	准教授	オルガネラ制御研究室、研究力強化戦略室	
眞野 弘明		41	特任助教	生物進化研究部門	
三井 優輔		29	助教	分子発生学研究部門	
水口 洋子		32,99	技術職員	技術課、生殖細胞研究部門	
水谷 健		44,97,99	技術班長	技術課、進化発生研究部門、安全衛生管理室	
皆川 純		69,79,95,97	教授	環境光生物学研究部門、新規モデル生物開発センター、安全衛生管理室、研究力強化戦略室	
南野 尚紀		15	特任助教	細胞動態研究部門	
三輪 朋樹		97,99	技術課長	技術課、安全衛生管理室	
森 友子		76,99	技術班長	技術課、生物機能解析センター	
森田 慎一		45	特任助教	進化発生研究部門	
森田 (寺尾) 美代		71,91	教授	植物環境応答研究部門、研究力強化戦略室	
諸岡 直樹		83,97,99	技術係長	技術課、モデル生物研究センター、安全衛生管理室	
や		Jakub Wudarski	61	特任助教	多様性生物学研究室
		矢部 泰二郎	29	助教	分子発生学研究部門
	山口 勝司	76,99	技術主任	技術課、生物機能解析センター	
	山下 朗	67	特任准教授	自然科学研究機構 新分野創成センター プラズマバイオ研究分野	
	餘家 博	73	特任助教	時空間制御研究室	
	吉田 松生	33,77,89	教授	生殖細胞研究部門、生物機能解析センター、研究力強化戦略室、	
	依田 真一	47	特任助教	進化ゲノミクス研究室	
ら	LIU,Meng	43	特任助教	共生システム研究部門	
	わ	渡辺 英治	39,82,83	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

名古屋鉄道（名鉄）にて神宮前駅経由、東岡崎駅下車。所要時間約 65 分。



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 2020**  
 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

