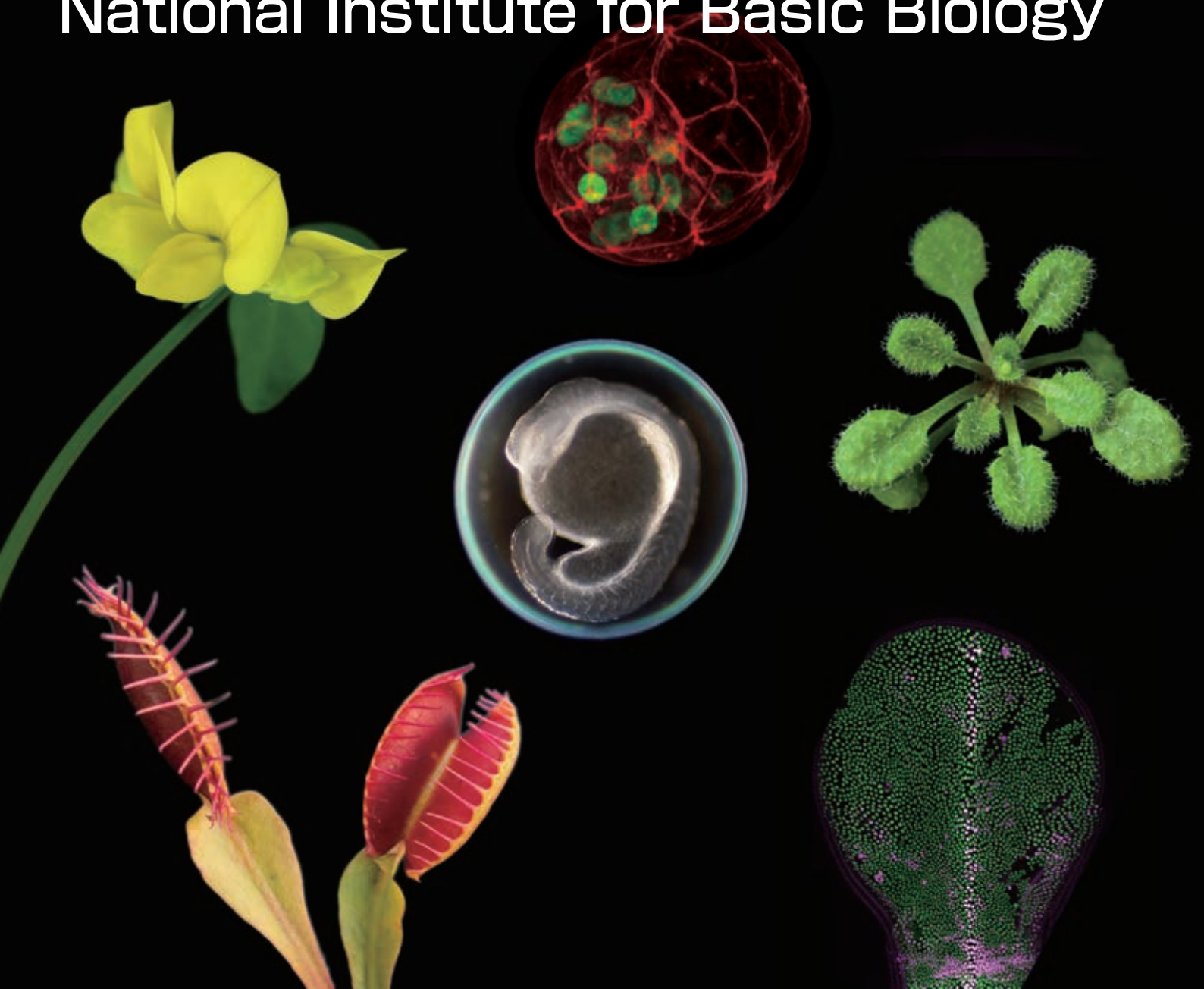




大学共同利用機関法人 自然科学研究機構

基礎生物学研究所 要覧 2026

National Institute for Basic Biology



Contents

- 002 所長挨拶
- 003 組織
- 004 基礎生物学研究所が目指すもの
- 006 年表
- 008 運営
- 010 細胞動態研究部門（上田研）
- 012 クロマチン制御研究部門（中山研）
- 014 初期発生研究部門（藤森研）
- 016 生殖細胞研究部門（吉田研）
- 018 神経行動学研究部門（東島研）
- 020 生物進化研究部門（長谷部研）
- 022 共生システム研究部門（川口研）
- 024 進化発生研究部門（新美研）
- 026 環境光生物学研究部門（皆川研）
- 028 植物環境応答研究部門（森田研）
- 030 光物理生物学研究部門（近藤研）
- 032 細胞活力制御研究室（三浦研）
- 034 神経細胞生物学研究室（椎名研）
- 036 オルガネラ制御研究室（真野研）
- 038 神経生理学研究室（渡辺研）
- 040 進化ゲノミクス研究室（重信研）
- 042 バイオリソース研究室（成瀬研）
- 043 ゲノム情報研究室（内山研）
- 044 時空間制御研究室（野中研）
- 045 分野横断研究ユニット
- 054 超階層生物学研究センター 超階層生物学共同利用推進室
- 055 超階層生物学研究センター トランスオミクス解析室
- 056 超階層生物学研究センター バイオイメーjing解析室
- 057 超階層生物学研究センター データ統合解析室
- 058 超階層生物学研究センター モデル生物研究支援室
- 060 超階層生物学研究センター 新規モデル生物開発室
- 061 超階層生物学研究センター AI 解析室
- 062 超階層生物学研究センター 生物社会学解析室
- 072 ナショナルバイオリソースプロジェクト
- 074 大学連携バイオバックアッププロジェクト
- 077 先端バイオイメーjing支援プラットフォーム
- 078 研究力強化戦略室 共同利用グループ
- 079 研究力強化戦略室 企画・評価グループ
- 080 研究力強化戦略室 国内国際連携グループ
- 081 研究力強化戦略室 若手研究者支援グループ
- 082 研究力強化戦略室 広報室
- 083 研究力強化戦略室 産学連携グループ
- 084 受付・事務室
- 085 安全衛生管理室
- 086 技術課
- 088 岡崎共通研究施設
- 090 基礎生物学研究所・生理学研究所 共通施設
- 092 岡崎共通施設
- 094 総合研究大学院大学 先端大学院 基礎生物学コース
- 106 大学院教育協力（特別共同利用研究員）
- 107 共同利用研究
- 108 受賞
- 108 プレスリリース一覧
- 111 NIBB コンファレンス
- 112 EMBL との連携活動
- 114 プリンストン大学との連携活動
- 116 COS Heidelberg との連携活動
- 118 コンスタンツ大 KoRS-CB/CRC1756 との連携活動
- 119 Global Bioimaging (GBI) プロジェクト
- 120 共同利用・共同研究拠点との連携活動
- 121 AI 解析に関する学術拠点との連携
- 122 ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース
- 124 基礎から学ぶ顕微鏡光学系実習
- 126 生物画像データ解析トレーニングコース
- 127 生物データ解析のための・Python AI プログラミングトレーニングコース
- 128 プロテオミクス・トレーニングコース (ProTC)
- 129 共同利用研究公募トレーニングコース
- 130 SABER-FISH 講習会
- 131 NIBB Academic Experience Program
- 131 大学生のための夏の実習
- 132 基礎生物学研究所 一般公開
- 135 社会との連携
- 139 研究所の現況
- 140 自然科学研究機構 岡崎統合事務センター
- 141 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 2026

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



所長挨拶

生物学は生物、物理、化学の成果が垣根なく取り込まれた分子生物学研究によって飛躍的な発展を遂げてきました。そして、1970年代に遺伝子操作する技術が導入されると、生物学が社会と密接な関わりを持つようになり、生命科学（ライフサイエンス）という、医学、薬学、農学、社会科学などを含む広い研究分野を指す言葉が定着してきました。基礎生物学研究所は1977年に設立された50年近い歴史を持つ研究所です。現在の生命科学は遺伝子操作技術導入以来の大きな変革期を迎えています。このような中、生命科学の応用・イノベーションへの期待は大きいのですが、長期的に重要なことはイノベーションを進めるに値する、イノベーション以前の種を拾い発芽・成長させることです。応用研究の一例として創薬がありますが、その種となる化合物には天然物に由来するものが多くあります。天然化合物は進化を経た生物の代謝の仕組みを使って産生されていますので、天然化合物も進化を経験しています。このような天然化合物がどうやってできたかを知る生物学の研究は、イノベーションの基礎になっています。

基礎生物学研究所は設立以来、多様な生物種を対象にした基礎的な生物学研究を強力に進めてきました。そして、大学共同利用機関として、研究者への共同研究の場の提供、先端の研究機器の利用促進、さらにはトレーニングコースによる先端解析技術の普及を行って研究者同士の交流を進めています。また、国内外の先進的な研究拠点との学術交流を進め、国際的に活躍する若手研究者、総合研究大学院大学に所属する大学院生の育成を進めています。

イノベーション創出に資する種の発見において根源的に重要なのは、生物に対する素朴な疑問に向き合い解明する研究を深化させることでしょうか。基礎生物学研究所は、生物学的に重要な疑問に対して最先端の研究手法で果敢に取り組み、進化を経て生物が保持した豊かで心躍る“生物知”を発見することを目指しています。生命科学の変革期であればこそ、新しい生物学の潮流を生み出すべく挑戦する基礎生物学研究所に、皆様のご理解とご支援をいただけますようどうぞよろしくお願い申し上げます。

基礎生物学研究所長 三浦 正幸

自然科学研究機構

機構長 川合 貞紀 副機構長 土居 守
山田 弘司 三浦 正幸 伊佐 正 渡辺 芳人
理事 上野 直人 古屋 輝夫 鈴木 規子 土居 守 渡辺 芳人 高柳 英明
監事 小川 雄一 植草 茂樹

国立天文台

核融合科学研究所

基礎生物学研究所

生理学研究所

分子科学研究所

所長
三浦 正幸

副所長
藤森 俊彦

研究主幹
上田 貴志
東島 眞一
皆川 純
中山 潤一
森田 (寺尾) 美代

研究力強化戦略室

- 企画・評価グループ
- 共同利用グループ
- 国内国際連携グループ
- 若手研究者支援グループ
- 広報室
- 産学連携グループ

名誉教授
竹内 郁夫
毛利 秀雄
長濱 嘉孝
大隅 良典
堀内 高
岡田 清孝
西村 幹夫
山森 哲雄
井口 泰泉
山本 正幸
野田 昌晴
上野 直人
諸橋 憲一郎
高田 慎治
阿形 清和
小林 悟

運営会議

研究部門

- 細胞動態研究部門 (上田研)
- クロマチン制御研究部門 (中山研)
- 初期発生研究部門 (藤森研)
- 生殖細胞研究部門 (吉田研)
- 神経行動学研究部門 (東島研)
- 生物進化研究部門 (長谷部研)
- 共生システム研究部門 (川口研)
- 進化発生研究部門 (新美研)
- 環境光生物学研究部門 (皆川研)
- 植物環境応答研究部門 (森田研)
- 光物理学研究部門 (近藤研)

研究室

- 細胞活力制御研究室 (三浦研)
- 神経細胞生物学研究室 (椎名研)
- オルガネラ制御研究室 (真野研)
- 神経生理学研究室 (渡辺研)
- 進化ゲノミクス研究室 (重信研)
- ゲノム情報研究室 (内山研)
- 時空間制御研究室 (野中研)
- バイオリソース研究室

分野横断研究ユニット

超階層生物学センター

- 超階層生物学共同利用推進室
- トランスオミクス解析室
- バイオイメージング解析室
- データ統合解析室
- 新規モデル生物開発室
- モデル生物研究支援室
- AI 解析室
- 生物社会学解析室

IBBP センター

技術課

安全衛生管理室

岡崎共通研究施設

計算科学研究センター
動物資源共同利用研究センター
アイソトープ実験センター

基礎生物学研究所・生理学研究所共通施設

廃棄物処理室・電子顕微鏡室・機器研究試作室

岡崎統合事務センター

アストロバイオロジーセンター (ABC)

生命創成探究センター (ExCELLS)

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、基礎生物学研究の中核機関として、遺伝子・高分子・細胞・組織・器官・個体・異種生物間の相互作用など、多階層にわたる研究技術・手法の開発を推進し、多くの生物に共通する基本的な仕組み、生物が多様性をもつに至った仕組み、および生物が環境に適応する仕組みなどを解き明かす研究を行っています。

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「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、共同利用および共同研究の研究課題を公募しています。2022年度より共同利用研究を強力に支援し、遺伝子から高分子、細胞小器官、細胞、組織、器官、個体、個体群にいたる様々な階層に渡る生物現象を統合的に理解する「超階層生物学」を推進する「超階層生物学センター」を設置し、「超階層生物学共同利用研究」を実施しています。また、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 (IBBP) の中核拠点である「IBBPセンター」では、「生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究」を実施しています。基礎生物学研究所の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、「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」「新規モデル生物開発共同利用研究」「個別共同利用研究」「研究会」「トレーニングコース」を公募し、実施しています。

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バイオリソースのうち、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。

国際連携活動

世界各国の研究機関との国際連携活動

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欧州分子生物学研究所 (EMBL) との学術交流協定に基づき、人的交流や共同研究、イメージングに関する技術交流を行っています。

2010年に締結された自然科学研究機構とプリンストン大学との学術交流協定に基づき、共同研究やプロテオミクスに関するトレーニングコースを開催しています。

2019年からはハイデルベルグ大 Centre for Organismal studies (COS) Heidelberg と学術交流協定を締結し、人的交流や共同研究を行っています。

2026年より新たにコンスタンツ大学の Konstanz Research School Chemical Biology (KoRS-CB) および Collaborative Research Center 1756 (CRC 1756) と連携協定 (MoU) を締結しました。



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。



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 先端学術院 基礎生物学コース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年一貫制博士課程および博士後期課程の大学院生を募集しています。



S O K E N D A I

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、大学院教育に協力しています。

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、以下のコースを定期的に開催しています。

ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース

生物情報学を必ずしも専門としない生物学研究者に向けて、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。

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。生物学研究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。



基礎から学ぶ顕微鏡光学系実習

顕微鏡を使えるようになるだけでなく、なぜ顕微鏡を通して微細な構造を観察できるのか、その原理について座学の他に顕微鏡光学系を組み立てる実習を通して学習していくことを目標としたトレーニングコースです。

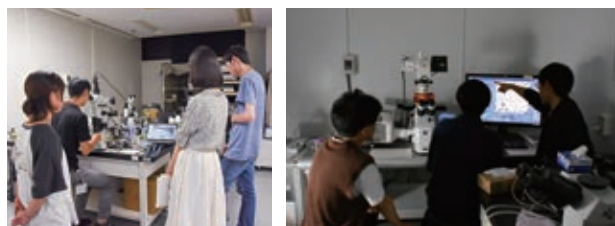


プロテオミクス・トレーニングコース

質量分析を用いた最新のプロテオーム解析について学ぶことを目的としたトレーニングコースです。理論講義と実践的な実習を組み合わせたプログラムとして実施しています。

大学生のための夏の実習

大学生向けの2泊3日の実習コースです。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。



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視点から、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、一般公開、自然科学研究機構シンポジウム、大学共同利用機関シンポジウム、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っています。



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科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。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

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。

2012年7月

災害に強い生命科学の実現のために、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。

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。

2021年4月

基礎生物学研究所と群馬大学生体調節研究所との間で連携協定を締結。

2022年4月

生物機能解析センター、モデル生物研究センター、新規モデル生物開発センターを改組し、AI 解析室を加え、超階層生物学センターを設置。

2022年7月

基礎生物学研究所、生理学研究所と中部大学との間で連携協定を締結。

2024年4月

超階層生物学センターに生物社会学解析室を設置。

2024年11月

基礎生物学研究所と琉球大学熱帯生物圏研究センターとの間で連携協定を締結。

2025年4月

三浦正幸 第10代所長就任。

運営会議委員（2026年度）

任期：2025年4月1日～2027年3月31日

◎議長 ○副議長

所外委員

上川内 あづさ	名古屋大学大学院 理学研究科 教授
木村 洋子	静岡大学 農学部 教授
経塚 淳子	東北大学大学院 生命科学研究科 教授
小迫 英尊	徳島大学 先端酵素学研究所 教授（所長）
○ 丹羽 仁史	熊本大学 発生医学研究所 教授
東山 哲也	東京大学大学院 理学系研究科 教授
福井 学	北海道大学 名誉教授
藤谷 与士夫	群馬大学 生体調節研究所 教授（所長）
前島 正義	中部大学 学長
吉田 聡子	奈良先端科学技術大学院大学 先端科学技術研究科 教授

所内委員

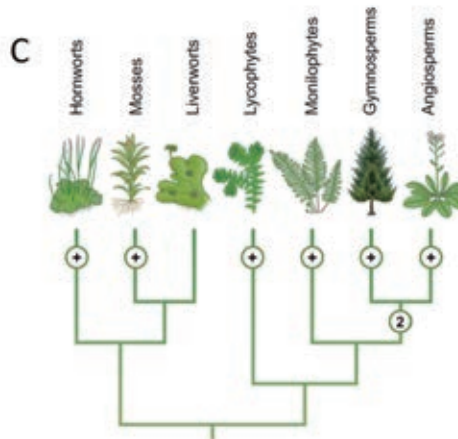
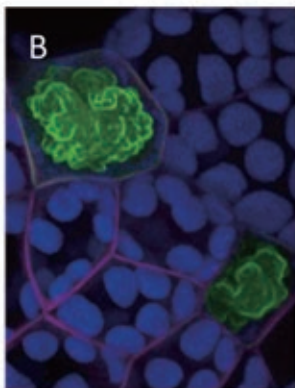
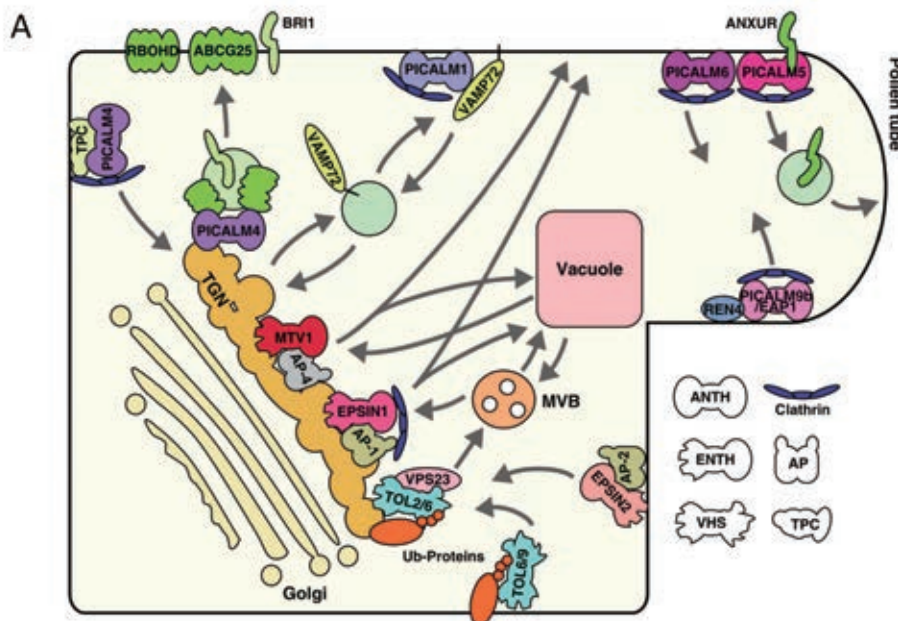
上田 貴志	細胞動態研究部門 教授
川口 正代司	共生システム研究部門 教授
中山 潤一	クロマチン制御研究部門 教授
◎ 新美 輝幸	進化発生研究部門 教授
長谷部 光泰	生物進化研究部門 教授
東島 眞一	神経行動学研究部門 教授
藤森 俊彦	初期発生研究部門 教授（副所長）
皆川 純	環境光生物学研究部門 教授
森田（寺尾）美代	植物環境応答研究部門 教授
吉田 松生	生殖細胞研究部門 教授



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。これら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、それぞれの生物が独自の膜交通の仕組みを有していることも明らかになりつつあります。我々は、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なっています。



Staff

教授
上田 貴志

准教授
伊藤 瑛海

助教
金澤 建彦

特任助教
Hugh Mulvey

技術課技術職員
林 晃司

植物細胞における膜交通経路の多様化

(A) シロイヌナズナの細胞膜やtrans-Golgi network (TGN) では様々なアダプタータンパク質複合体が積荷タンパク質を選択している (文献5,6に関連)。(B) 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対し、ホモログであるMpSYP12B (緑) は油体膜に主に局在する。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が分かる。(C) 植物の形態形成を制御する分子スイッチであるROP GTPaseの機能は進化の過程で拡張・多様化し、陸上植物の形態進化を支えてきた。(文献3より改変)

植物に特徴的なオルガネラと膜交通

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。そこではRAB GTPase、SNARE、被覆複合体などが機能しており、これらの因子の亜機能化や新機能獲得が、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。当部門では、膜交通とオルガネラ機能の多様化の観点から、植物の膜交通のなりたちと制御機構の研究を進めている。

植物の液胞は不要タンパク質の分解を担うことに加え、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る。植物における液胞輸送は、真核生物に共通の仕組みに、進化の過程で新たに獲得された制御機構が加わることで成り立っていることが明らかになってきた(文献1,2)。我々は、植物固有の液胞輸送経路について、その獲得の歴史と制御メカニズムを明らかにするべく研究を進めている。

並行して、コケ植物苔類ゼニゴケを用いた研究も進め、シロイヌナズナの研究から得られた知見と統合することにより、陸上植物における膜交通の多様化の仕組みを解明することも目指している(文献3)。例えば、苔類のみで見られるオルガネラである油体が、細胞外および細胞膜へ物質を輸送する分泌経路の方向を、一時的に細胞内方向へと転換することで形成されることを見出した。また、油体発生のマスター転写因子であるMpERF13を同定し、油体が捕食者に対する防御に役立つことも証明した(文献4)。現在は油体形成過程における分泌経路の方向転換機構の解明を進めている。

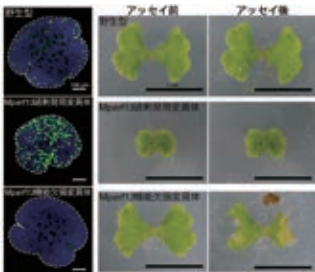


図1. 油体の形成と機能
油体形成マスター転写因子MpERF13の過剰発現変異体では油体が過剰に形成され、機能欠損変異体では油体が全く形成されない。オカダンゴムシを用いた被食アッセイでは、油体を持たない変異体が多く被食される(文献4)。

膜交通の多様化と膜交通因子の新機能化

膜交通因子の分子進化は、膜交通の多様化に密接に関連している。例えばエンドソームと液胞膜融合を担うSNAREタンパク質VAMP727は、そのタンパク質に生じた「挿入配列の出現」と「その配列の酸性化」に伴い、積み荷選別タンパク質複合体AP-4との結合能の獲得とその強化という段階的な機能変化を経て生まれたことを解明した(文献2)。

また、液胞膜との膜融合に使われたVAMP727の細胞内動態を詳細に観察することで、液胞からの逆行輸送の存在を証明し、その過程に関与する分子群を同定することに成功した(文献1)。これらの研究は、種子植物に特有の形質である貯蔵タンパク質の液胞への大量輸送能が、VAMP727のような植物特異的な膜融合装置とその液胞膜からのリサイクリング機構を背景に獲得されたことを示唆している(文献1,2,6)。一方、進化的に保存された極性形成因子であるROP GTPaseについては、進化の過程での転用や機能拡張を通して植物形態の多様化を駆動してきたと考えられており、その実験的な証明を目指して、ゼニゴケとシロイヌナズナ、緑藻類などを用いた比較解析を展開している(文献3)。引き続き、膜交通とオルガネラ機能、植物の形態の進化・多様化の観点から、植物の膜交通システムの仕組みとその成り立ちを明らかにするべく研究を進めている。

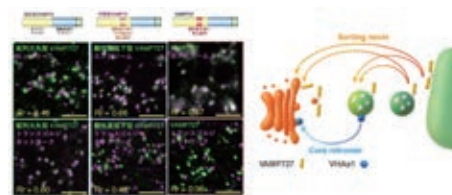


図2. VAMP727の分子進化と膜交通経路の多様化

(左図) 植物の進化の過程でVAMP7に起きた段階的な機能変化が、種子植物に特有の液胞輸送経路の成立に至る鍵となった(文献2より改変)。(右図) VAMP727を液胞膜から回収する細胞内輸送経路の存在を証明し、その過程にsorting nexinが関わることを明らかにした(文献1より改変)。

参考文献:

- Feng, Y., Ebine, K., Ito, Y., Kanazawa, T., Sawasaki, T., Nozawa, A., Uemura, T., Nakano, A., and Ueda, T. (2025). Retrieval from vacuolar and endosomal compartments underpinning the neofunctionalization of SNARE in plants. *Nat. Plants*, *11*, 2168–2180.
- Fujimoto, M., Shimizu, Y., Ito, Y., Ebine, K., Minamino, N., Kanazawa, T., Fukao, Y., Nakano, A., Uemura, T., and Ueda, T. (2025). Neofunctionalization of VAMP7 opened up a plant-unique vacuolar transport pathway. *Curr. Biol.* *35*, 2630-2641.e10.
- Mulvey, H., and Dolan, L. (2025). The evolution of RHO of plant (ROP) proteins and their morphogenetic functions. *New Phytol.* *248*, 542–548.
- Kanazawa, T., Morinaka, H., Ebine, K., Shimada, T.L., Ishida, S., Minamino, N., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Kohchi, T., Nakano, A., and Ueda, T. (2020). The liverwort oil body is formed by redirection of the secretory pathway. *Nat. Commun.* *11*, 6152. *Selected as a featured article in *Nat. Commun.*
- Fujimoto, M.*, Ebine, K.*, Nishimura, K.*, Tsutsumi, N., and Ueda, T. (2020). Longin R-SNARE is retrieved from the plasma membrane by ANTH domain-containing proteins in *Arabidopsis*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* *117*, 25150-25158.
- 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.

教授
上田 貴志



准教授
伊藤 瑛海



助教
金澤 彦彦

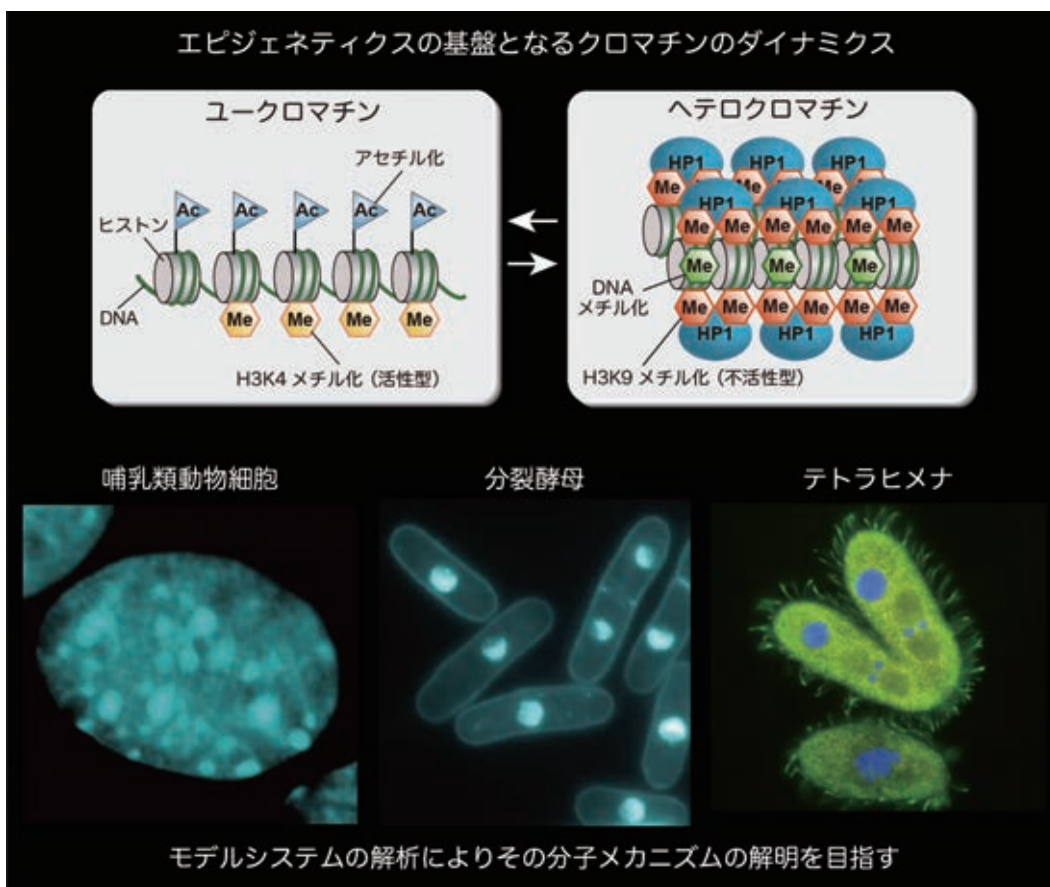


特任助教
Hugh Mulvey



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 を持っています。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ません。このように、DNA の一次配列だけでは説明できない現象を対象とする研究分野は「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研究と考えられています。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ます。



Staff

教授
中山 潤一

助教
片岡 研介
川口 隆之

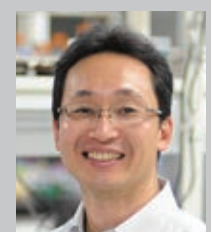
特任助教
林 亜紀
中村 凜子

技術課技術職員
西本 裕希

(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、哺乳類動物細胞、分裂酵母、原生動物テトラヒメナなどを用いて、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。

教授
中山 潤一



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る。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る。分裂酵母などのモデル生物を用いた解析から、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機構の関与が明らかにされた。しかし、高次クロマチン構造がどのように形成され維持されているのか、その分子機構にはまだまだ数多くの謎が残されている。私達の研究部門では、種々のモデル生物を用いて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る。



図1. RNAを介した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る。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与することが明らかにされてきた。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カーと考えられており、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ている。私達の研究部門では、ヒストン修飾酵素の制御機構の解明を目指している。

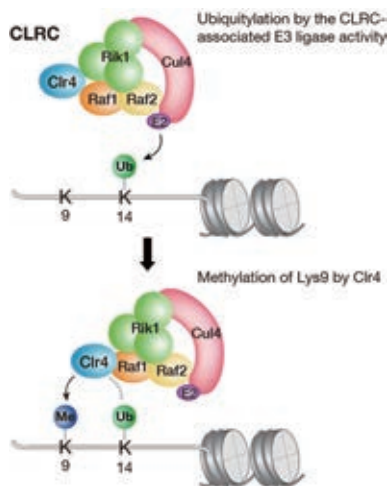


図2. ヒストンメチル化酵素複合体の活性制御機構

世代を超えたエピジェネティック情報伝播の分子機構

有性生殖を行う生物は、減数分裂の過程を経て半数体である配偶子や孢子を形成する。配偶子や孢子は、ゲノムDNAの情報に加えて遺伝子発現の記憶に相当するエピジェネティックな情報も伝播していると考えられるが、それらの情報がどのように特殊なクロマチン構造を介して伝播されるのか、その分子機構については不明な点が多く残されている。私達の研究部門では、高等真核生物の配偶子のモデルとして分裂酵母の孢子を研究材料として、エピジェネティックな情報が世代を超えて伝播される仕組みの解明を目指している。

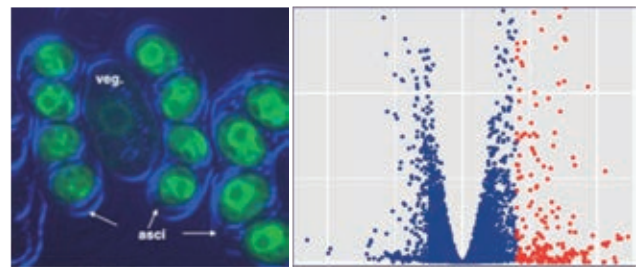
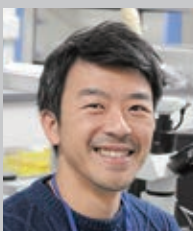


図3. 分裂酵母の孢子（左）と発現遺伝子の比較解析（右）

参考文献：

- Yoshimura, Y., Hayashi, A., Tanaka, M., Suzuki-Matsubara, M., Nakagawa, R., Nishibuchi, G., Tagami, H., Oki, M., and Nakayama, J. (2025). Mitotic Phosphorylation of Swi6/HP1 Regulates Its Chromatin Binding and Chromosome Segregation. *FASEB J.* 39, e711190.
- Nakamura, R., Hayashi, A., Nakagawa, R., Yoshimura, Y., Horikoshi, N., Kurumizaka, H., Nakayama, J. (2025). Intrinsically disordered region of Ctr4/Suv39 regulates its enzymatic activity and ensures heterochromatin spreading. *Nucleic Acids Res.* 53, gkaf8784.
- Cheng, T., Zhang, J., Li, H., Diao, J., Zhang, W., Niu, J., Kawaguchi, T., Nakayama, J., Kataoka, K., and Gao, S. (2025). Identification and characterization of the de novo methyltransferases for eukaryotic N⁶-methyladenine (6mA). *Sci Adv.* 11, eaqd4623.
- Obuse, C. and Nakayama, J. (2025). Functional involvement of RNAs and intrinsically disordered proteins in the assembly of heterochromatin. *BBA Gen Subj.* 1869, 130790.
- Oya, T., Tanaka, M., Hayashi, A., Yoshimura, Y., Nakamura, R., Arita, K., Murakami, Y., Nakayama, J. (2025). Characterization of the Swi6/HP1 binding motif in its partner protein reveals the basis for the functional divergence of the HP1 family proteins in fission yeast. *FASEB J.* 39, e70387.
- Ding, D.Q., Okamasa, K., Yoshimura, Y., Matsuda, A., Yamamoto, T.G., Hiraoka, Y., and Nakayama, J. (2024). Proteins and noncoding RNAs that promote homologous chromosome recognition and pairing in fission yeast meiosis undergo condensate formation in vitro. *FASEB J.* 38, e70163.

助教
片岡 研介



助教
川口 隆之



特任助教
林 亜紀

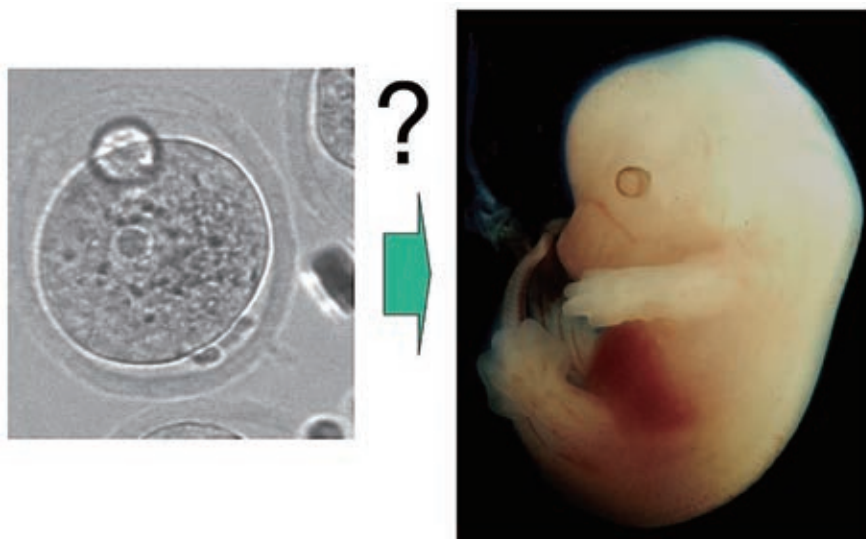


特任助教
中村 凜子

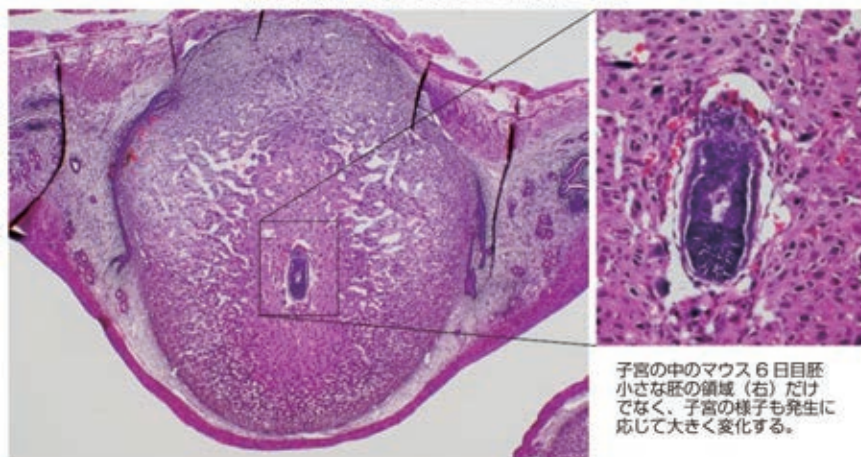


細胞の挙動を調べてほ乳類胚を考える

ほ乳類の受精卵は対称な形をしています。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てて配置されます。ほ乳類の胚発生は卵管・子宮内で進むのが大きな特徴ですが、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す。個々の細胞の変化や振る舞い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の理解を目指しています。マウス初期胚を主な研究対象とし、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します。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ます。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を目指します。



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。



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。

Staff

教授
藤森 俊彦

准教授
木下 典行
安島 理恵子

特任助教
新田 昌輝

技術課技術職員
岡 早苗

子宮・胚間の相互作用と胚軸形成

ほ乳類胚の発生には、子宮との相互作用が必須である。その始まりは、胚が子宮の内側の細胞層に接着することによっておきる「着床」である。着床の過程では、胚と子宮双方の形態やそれぞれの細胞の状態がダイナミックに変化することが明らかになってきた。着床時にはその後の胚発生に必要な栄養を母胎から効率よく得られるように、胚と子宮が相互作用しながら将来の胎盤の位置も決められる。また胚と子宮の相互作用は、胚の前後・左右方向（胚軸）の決定にも関わっていることがわかりつつある。これらの相互作用はシグナル分子などを介した機構と物理的な「力」を介した機構によって制御されると予想される。子宮と相互作用しながら、胚自身も自律的に胚軸の形成を進める。胚軸を決める際のそれぞれの細胞がどのように環境に応答し、細胞の運命や挙動が制御されるか、胚全体での軸が決められるかを解析している。このような胚と子宮の相互作用の実体を解明し、正常な胚の形づくりを実現する仕組みを明らかにしたい。

卵管細胞の極性の形成と維持

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細胞が一方向的に繊毛を動かし胚を子宮側へ輸送する。卵管の極性に沿うようにそれぞれの卵管上皮細胞が極性を形成し、上皮組織の損傷や細胞の入れ換えが起きても一生に渡り細胞極性が維持される。明確な機能的極性を持つ器官の極性を維持する際に、それぞれの細胞が極性を獲得し、維持する基盤となる機構の解明を目指す。

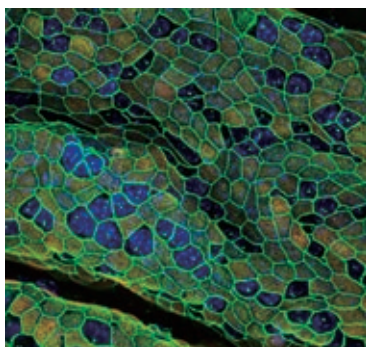


図1. 卵管内腔面の上皮細胞の輪郭（緑の線）と多繊毛細胞の繊毛基部（緑およびマゼンタの点）が染まっている。

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、それに基づいた力の統計数理的な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・子宮の形態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。

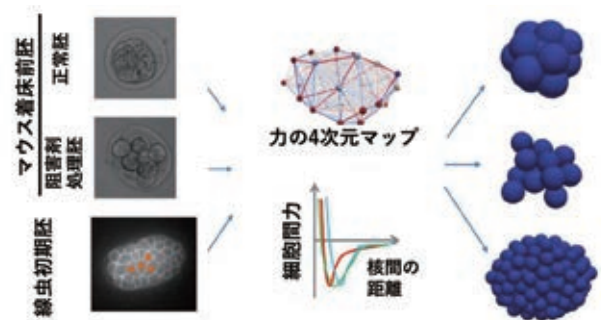
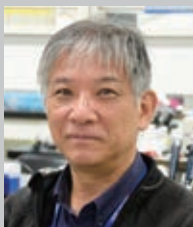


図2. 顕微鏡画像（左図）から組織の内部の力（中央図）を推定することに成功した。“力の4次元マップ”中の赤線は引力、青線は斥力を表す。“細胞間力”のプロファイルが組織によって異なる。細胞間力を利用したシミュレーション（右図）によって元の組織の形態が再現できた。

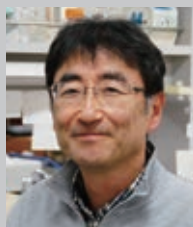
参考文献：

- Arata, M., Koyama, H., and Fujimori, T. (2026). Directional alignment of different cell types organizes planar cell polarity. *iScience* 29, 114771.
- Koyama, H., Ito, A.M., Okumura, H., Otani, T., Nakamura, K., and Fujimori, T. (2025). Cell position-based evaluation of mechanical features of cells in multicellular systems. *J. Theor. Biol.* 604, 112070.
- Sakurai, J., Oka, S., Higuchi, Y., Ohsawa, S., and Fujimori, T. (2024). Effects of blastocyst elongation and implantation chamber formation on the alignment of the embryonic axis and uterine axis in mice. *Front. Cell Dev. Biol.* 12, 1421222.
- Toyooka, Y., Aoki, K., Usami, M.F., Oka, S., Kato, A., Fujimori, T. (2023). Generation of pulsatile ERK activity in mouse embryonic stem cells is regulated by Raf activity. *Sci. Rep.* 13, 9465.
- Kamemizu, C., Fujimori, T. (2019). Distinct dormancy progression depending on embryonic regions during mouse embryonic diapause. *Biol. Reprod.* 100, 1204-1214.
- 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



准教授
木下 典行



准教授
安島 理恵子

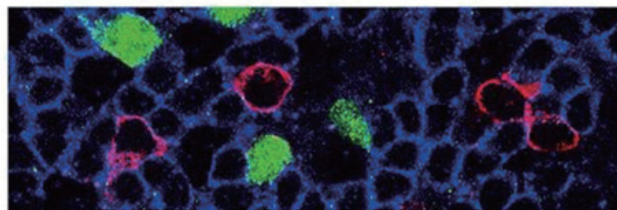
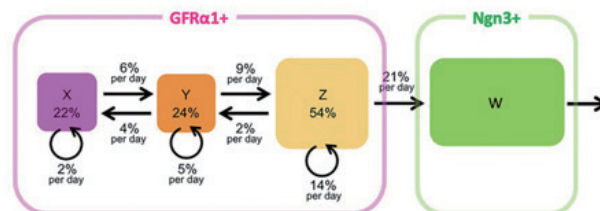
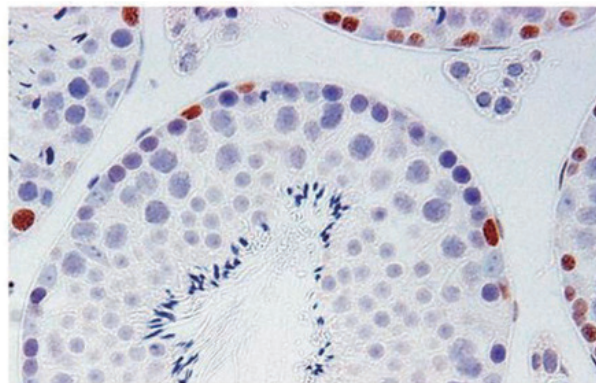
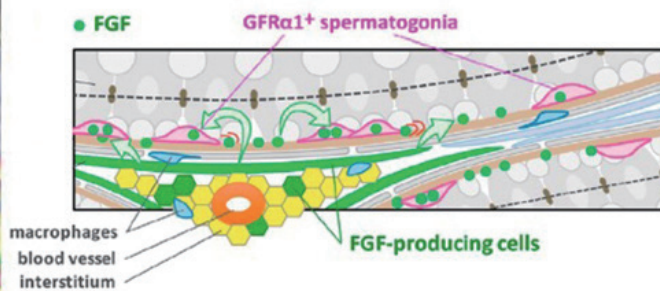
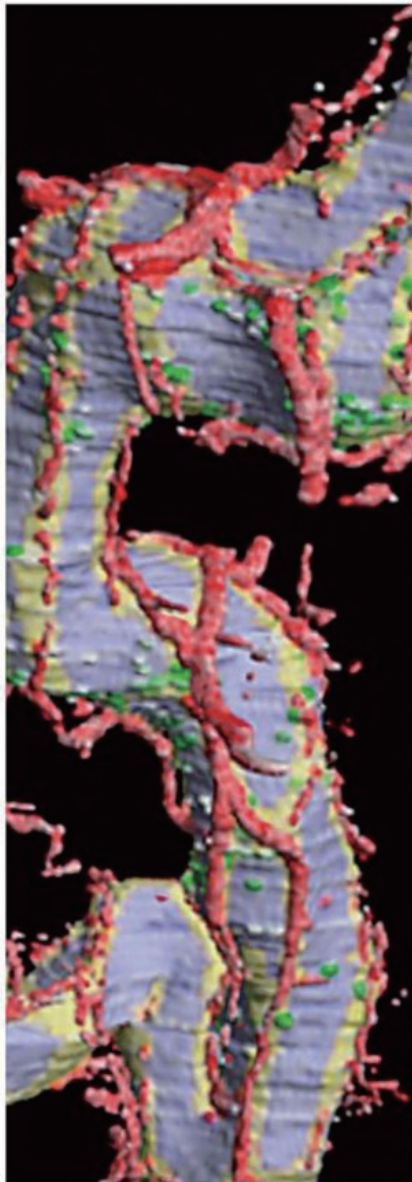


特任助教
新田 昌輝



生殖細胞の生産性と正確性

多くの動物は、長期間にわたり多数の精子を生み出すことで確実に子孫を残します。一方、一つ一つの精子は遺伝情報を正しく次世代に伝えます。ヒト男性は、1日一億個、一生に兆を越える精子を作ります。しかし、次世代に伝わる突然変異はゲノム（ 3×10^9 塩基対）あたりわずか数十に過ぎません。体細胞よりも遥かに少なく、驚異的な正確性と言えます。一見相反する、しかし生命にとって本質的な、高い生産性と正確性はいかにして実現されているのでしょうか？生殖細胞研究部門は、精子幹細胞に注目してこの謎に挑戦しています。



Staff

教授
吉田 松生

助教
鈴木 伸之介
作田 拓

特任助教
池田 達郎
中村 琴乃

技術課技術職員
水口 洋子

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3D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。
(右上から下へ) 精子幹細胞が動き回りながら自己複製因子（FGF）を奪い合う概念図。分化に向かった未分化型精原細胞の染色像（茶色）。精子幹細胞が異なるステートを転換するダイナミクス。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3、6より許諾を得て転載。

教授
吉田 松生



精子幹細胞の正体に向ける

「生産性と正確性」の鍵を握る存在が「精子幹細胞」です。自己複製と分化の絶妙なバランスをとることで、精子が枯渇することも、未分化な細胞がたまることもなく、一生にわたって精子を作り続けます。1950 から 70 年代に、精子幹細胞はどの細胞で、どのように自己複製と分化のバランスをとるのか、いくつかの説が出されました。しかし、固定標本で細胞運命を語るのには原理的に限界があります。2000 年代に入り私たちは、ライブイメージングやパルス標識などの技術を開発し、時間スケールを含む幹細胞の挙動を明らかにしてきました。さらに、得られた定量データを用いて数理モデル解析や統計解析を行い、幹細胞のふるまいを支配する、実にシンプルな原理を明らかにしてきました。

定説とは違う気ままな振る舞いが「生産性」を支える

幹細胞は、特別な「ニッチ」で、厳密に「非対称分裂」を行い、娘細胞の一つが自己複製、一つが分化するという考えが一般的でした。しかし、ライブイメージングやパルス標識から見えてきたのは、全く異なる幹細胞の姿でした。精巢の中で幹細胞は、血管近くに高い頻度で見つかる一方、一箇所に留まることなくランダムに動き回っていました（文献 4, 6）。分裂した後の運命もランダムでした。一例として 100 個の幹細胞を追跡すると、それぞれの子孫クローンには、一つ残らず分化したものもあれば幹細胞を多く含むものもあり、一定のパターンはありませんでした。しかし、100 個のクローン全体では、幹細胞の数は時間が経っても 100 個に保たれていました。自己複製と分化は、細胞集団レベルで釣り合っていたのです。これは「集団非対称」と呼ばれます（文献 4）。幹細胞はまた、一旦分化に向かうと二度と自己複製しないと思われてきました。私たちは、未分化と分化の間には中間の状態がいくつかあり、細胞は段階的かつ可逆的に分化することを見つけました。組織が障害を受けたり幹細胞を移植した時には、これらの状態の間を転換する確率が変化して、すみやかに、かつしなやかに組織を再構成することもわかりました。これを利用して精子幹細胞の移植効率を格段にアップさせることにも成功しています（文献 1, 2, 5）。

このように柔軟にふるまうにもかかわらず、組織中の幹細胞の数（密度）は一定で安定しています。それはなぜか？我々は、一つの答えを見出しました。幹細胞は、動き回りながら、組織中の自己複製因子（FGF）を消費することでお互いに競合します。その結果、自ずから、自己複製と分化のバランスが取れるという新しい考え方で、mitogen competition

モデルと呼んでいます（文献 3）。

現在は、幹細胞が異なる状態を転換する分子メカニズムや、組織の中で秩序だった時空間パターン「周期と波」を作りながら分化が進行することで、効率よく安定的に精子を作るメカニズムの解析を進めています。

「正確性」はフロンティア

精子幹細胞に関するこれらの知見をもとに、「正確性」を維持するメカニズムの研究へと展開しています。鍵の一つは、幹細胞の中でも最も未分化で、最もゆっくり分裂する Plvap 陽性の亜集団です（文献 1）。突然変異の主な起源は、細胞分裂に伴う DNA 複製エラーと考えられていることから、この細胞に興味を持って解析しています。さらに、次世代に伝わる生殖細胞の系譜動態の解析や、変異が生じた幹細胞のクローンが非中立に拡大する現象の解析を通して、「正確性」の問題に挑んでいます。

参考文献：

1. Nakagawa, T., Jörg, D.J., Watanabe, H., Mizuno, S., Han, S., Ikeda, T., Omatsu, Y., Nishimura, K., Fujita, M., Takahashi, S., Kondoh, G., Simons, B.D., Yoshida, S., and Nagasawa, T. (2021). A multistate stem cell dynamics maintains homeostasis in mouse spermatogenesis. *Cell Rep.* 37, 109875.
2. Nakamura, Y., Jörg, D.J., Kon, Y., Simons, B.D., and Yoshida, S. (2021). Transient suppression of transplanted spermatogonial stem cell differentiation restores fertility in mice. *Cell Stem Cell* 28, 1443–1456.
3. 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.
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. 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.
6. Yoshida, S., Sueno, M., and Nabeshima, Y. (2007). A vasculature-associated niche for undifferentiated spermatogonia in the mouse testis. *Science* 317, 1722-1726.

助教
鈴木 伸之介



助教
作田 拓



特任助教
池田 達郎

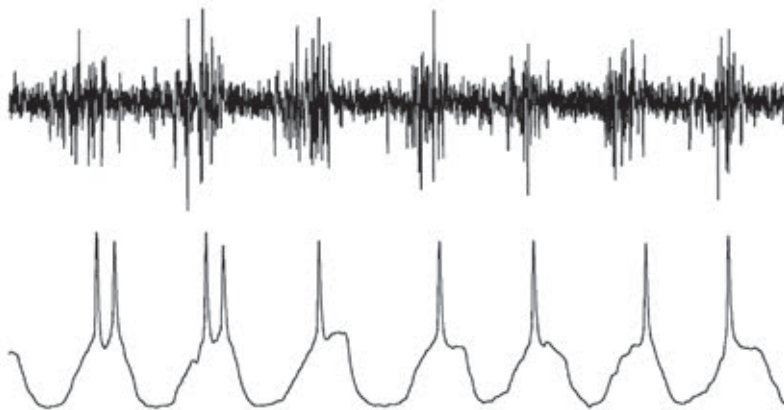
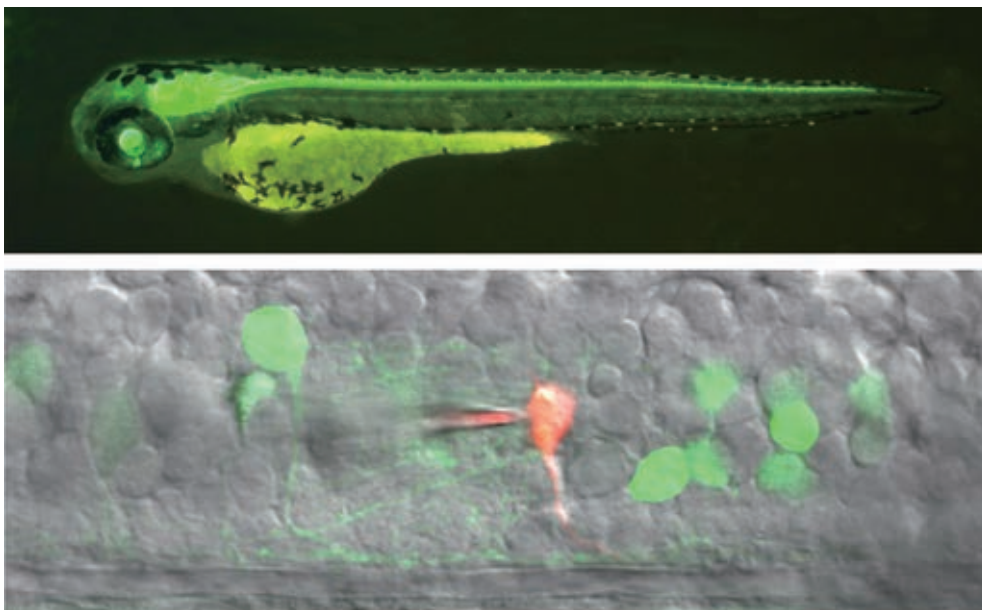


特任助教
中村 琴乃



小型魚類を用いて、運動・行動を司る 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つです。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つです。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ます。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ます。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ます。



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。電極内溶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。

Staff

教授
東島 眞一

助教
木村 有希子
谷本 昌志

技術課技術職員
内海 秀子

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。

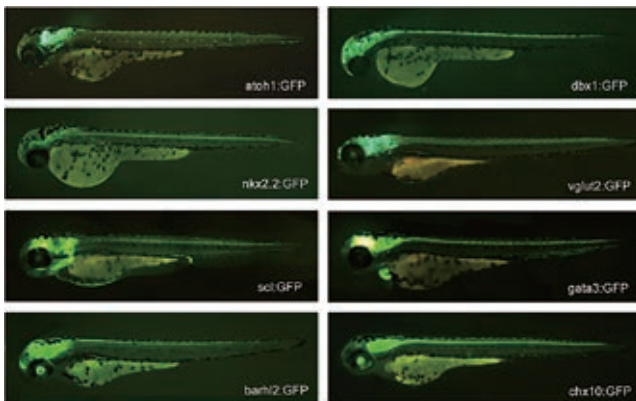


図 1. それぞれ異なったクラスの神経細胞で GFP を発現するトランスジェニックフィッシュ

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。

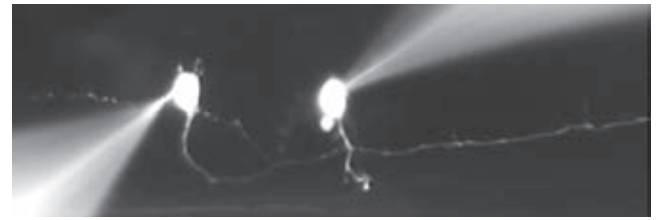


図 2. Chx10 陽性ニューロンと運動ニューロンとの 2 細胞同時記録

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. Sugioka, T., Thiele, T.R., Baier, H., Tanimoto, M., and Higashijima, S. (2026). Head stabilization behavior and underlying circuit mechanisms in larval zebrafish. *Commun. Biol.* 9, 748.
2. Shimizu, S., Katayama, T., Nishiumi, N., Tanimoto, M., Kimura, Y., and Higashijima, S. (2025). Spatially ordered recruitment of fast muscles in accordance with movement strengths in larval zebrafish. *Zool. Lett.* 4.
3. Sugioka, T., Tanimoto, M., and Higashijima, S. (2023). Biomechanics and neural circuits for vestibular-induced fine postural control in larval zebrafish. *Nat. Commun.* 14, 1217.
4. Tanimoto, M., Watakabe, I., and Higashijima, S. (2022). Tilttable objective microscope visualizes selectivity for head motion direction and dynamics in zebrafish vestibular system. *Nat. Commun.* 13, 7622.
5. Kawano, K., Kato, K., Sugioka, T., Kimura, Y., Tanimoto, M., and Higashijima, S. (2022). Long descending commissural V0v neurons ensure coordinated swimming movements along the body axis in larval zebrafish. *Sci. Rep.* 12, 4348.
6. Uemura, Y., Kato, K., Kawakami, K., Kimura, Y., Oda, Y., and Higashijima, S. (2020). Neuronal circuits that control rhythmic pectoral fin movements in zebrafish. *J. Neurosci.* 40, 6678-6690.

教授
東島 眞一



助教
木村 有希子



助教
谷本 昌志



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ました。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す。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でしょうか。あるいは未知の進化機構が存在しているのでしょうか。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す。我々は、モデル植物を用いた研究に加え、ゲノム解読とゲノム改変技術の革新を助けに、非モデル植物をモデル植物化し、(1) 電気信号やカルシウムシグナルを介した植物の速い情報伝達、(2) 体細胞から多能性幹細胞へのリプログラミング、(3) 食虫植物など陸上植物の発生と形態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ます。(詳細は <https://www.nibb.ac.jp/evodevo>)。)



Staff

教授
長谷部 光泰

助教
石川 雅樹
瀬上 紹嗣

特任助教
Liechi Zhang

技術課技術職員
大井 祥子

電気信号とカルシウムシグナルを介した高速情報伝達機構

植物の中には、速く動けるように進化した種がある。食虫植物ハエトリソウは、獲物が葉の上の感覚毛を30秒以内に2回触ると、瞬時に葉を閉じる。同じく食虫植物のモウセンゴケは、粘液を分泌した触毛を動かして数分で獲物を捕らえる。オジギソウは、昆虫などの捕食を避けるため、秒速で葉を閉じる。神経や筋肉の無い植物が、どうしてこのように速く反応できるのだろうか。約150年前、進化論のチャールズ・ダーウィンは、これらの植物について先駆的な研究を行い、さらに、その後の多くの研究の積み重ねから、刺激に伴い、動物の神経と同じように電気信号が検出されることがわかってきた。しかし、どんな分子がどんな仕組みでどんな経路で電気信号を送っているのかは、未だにわかっていない。これらの奇妙な植物では遺伝子を調べる方法が確立されていなかったからだ。我々は、これら3種のゲノム配列を解読し、さらに、遺伝子導入技術によってゲノム改変することに成功した。電気信号に関わると考えられているカルシウムイオンを可視化するとともに、刺激の受容や伝播に関わる組織で働いている遺伝子を破壊したり、他の組織で動かせたりすることで、接触刺激の受容と伝播の仕組みを解明しようとしている。そして、これらの植物と普通の植物を比較することで、植物の高速情報伝達の仕組みがどのように進化してきたのかを推定したい。

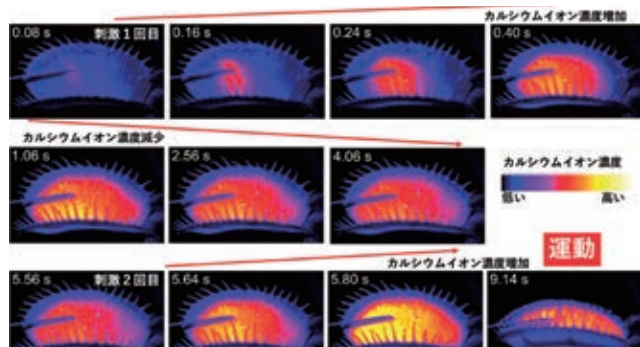


図1. カルシウムイオン量の変化を可視化した遺伝子組換えハエトリソウ。30秒以内に2回感覚毛を刺激すると葉が閉じるが、カルシウムが記憶物質として機能し、閾値を超えると葉が閉じる。

食虫植物の形態進化

食虫植物のフクロユキノシタは、消化液のたまった壺型の捕虫葉を形成し、小動物を捕獲して栄養を得ている。捕虫葉は、通常の植物の平面葉から進化してきた。しかし、どんな遺伝子がどのように変わることによって進化したかはわかっていない。これまでの研究から、発生初期段階で特定の場所の細胞分裂が変化することで大きな形態進化が起きた可能性があることがわかり、検証を進めている。

分化細胞から幹細胞への転換機構

我々がヒメツリガネゴケで発見したステミン *STEMIN* という遺伝子は、単独で、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。ステミンを介した幹細胞化の分子機構解明から、植物が動物より幹細胞化しやすい仕組みの解明を目指す。

参考文献：

- Hagihara, T., Mano, H., Miura, T., Hasebe, M., and Toyota, M. (2022). Calcium-mediated rapid movements defend against herbivorous insects in *Mimosa pudica*. *Nat. Commun.* 13, 6412.
- 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.
- Gu, N., Tamada, Y., Imai, A., Palfalvi, G., Kabeya, Y., Shigenobu, S., Ishikawa, M., Angelis, K.J., Chen, C., and Hasebe, M. (2020). DNA damage triggers the reprogramming of differentiated cells to stem cells in *Physcomitrella*. *Nat. Plants* 6, 1098-1105.
- Ishikawa, M., Morishita, M., Higuchi, Y., Ichikawa, S., Ishikawa, T., Nishiyama, T., Kabeya, Y., Hiwatashi, Y., Kurata, T., Kubo, M., Shigenobu, S., Tamada, Y., Sato, Y., and Hasebe, M. (2019). *Physcomitrella* *STEMIN* transcription factor induces stem cell formation with epigenetic reprogramming. *Nat. Plants* 5, 681-690.
- 長谷部光泰 (2020). 陸上植物の形態と進化. 裳華房.
- 長谷部光泰 (2023). 食虫植物. 裳華房.

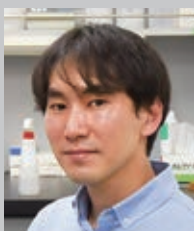
教授
長谷部 光泰



助教
石川 雅樹



助教
瀬上 紹嗣

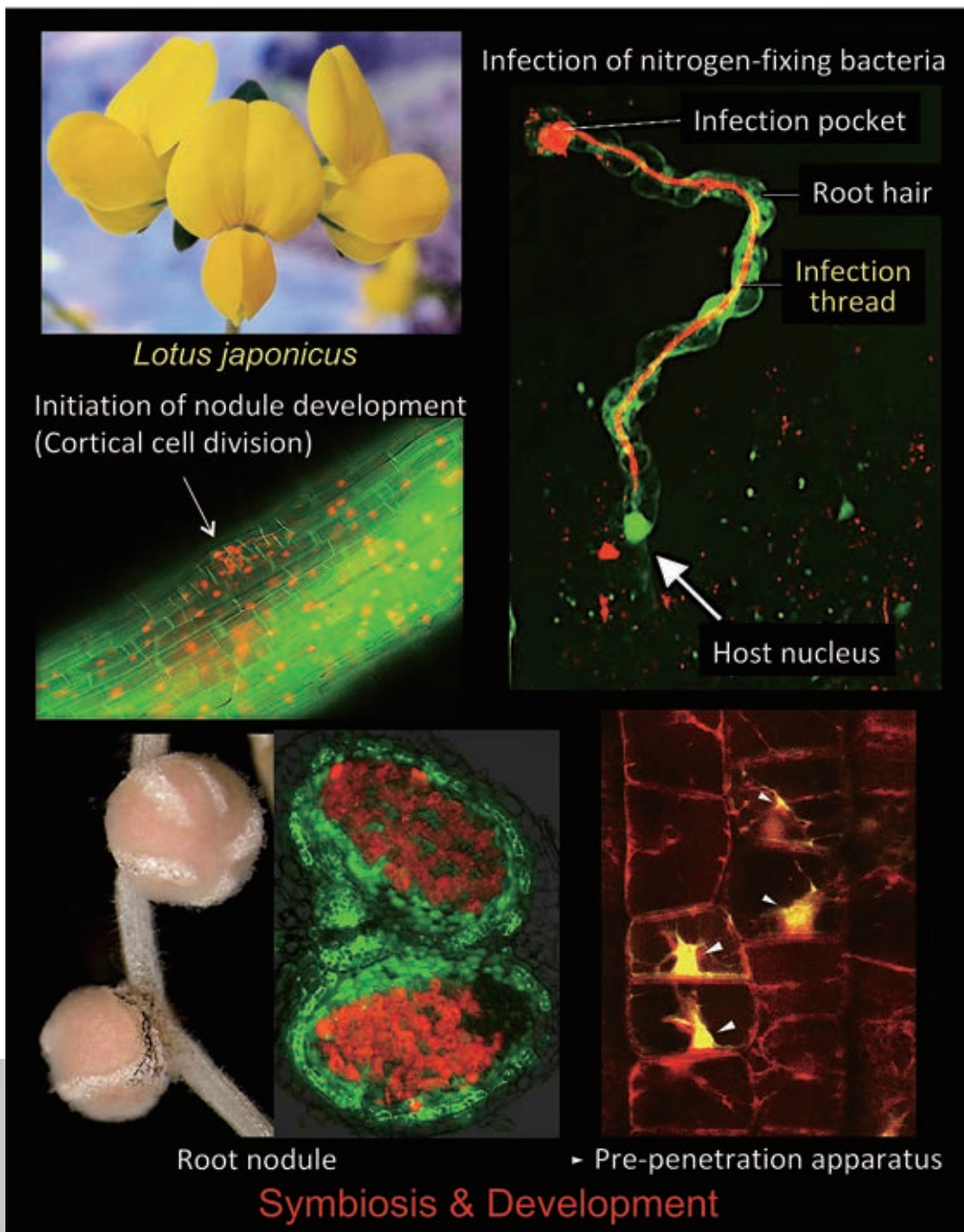


特任助教
Liechi Zhang



共生の仕組みと進化の解明

マメ科植物は根粒菌と相互作用することで、感染糸の形成と皮層細胞の分裂を誘導し、「根粒」と呼ばれる窒素固定器官を形成します。一方、アーバスキュラー菌根菌（AM 菌）は多くの陸上植物と共生し、成長に必要なリンや水分を効率よく吸収するとともに光合成産物を AM 菌に供与します。近年、マメ科植物の根粒共生は、4 億年よりも前に起源を持つ AM 菌との共生を基盤として、進化してきたことが分かってきました。私たちは、日本に自生するマメ科のモデル植物ミヤコグサと、根粒菌および AM 菌を用いて、生態系を支える2つの共生系の分子機構と進化を解明することを目指しています。さらに、未だ多くの謎に包まれている AM 菌の特性を明らかにするために、AM 菌の非共生培養や形質転換技術の開発にも取り組んでいます。



Staff

教授

川口 正代司

助教

及川 和聡

特任助教

嵐田 遥

技術課技術職員

田中 幸子

根粒形成過程と共生遺伝子

多くのマメ科植物に見られる根粒では、大気中の窒素分子は常温常圧で効率よくアンモニアへと変換される。根粒菌が根に感染すると、数日以内に感染糸を介して宿主の細胞内に取り込まれ、窒素固定を行うバクテロイドへと変化する。(図1)。

私たちは、マメ科のモデル植物ミヤコグサを用いて、包括的な共生変異体の単離を行い、根粒菌の感染や窒素固定、根粒形成の全身制御に関わる原因遺伝子を特定している。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、AM菌との共生にも必須であった(赤字で示した遺伝子)。原因遺伝子の機能を解明することで、2つの共生系の分子メカニズムの解明を目指している。

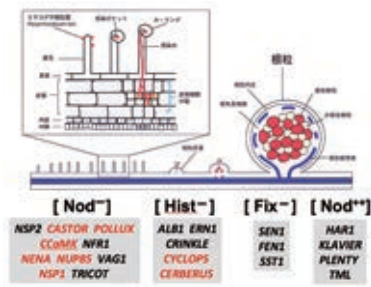


図1. 根粒形成過程の概要と根粒共・菌根共生に必要な宿主遺伝子

根と葉の遠隔コミュニケーションによる根粒形成の全身制御

共生窒素固定は多くの生体エネルギーを消費するため、マメ科植物は根粒の数を適切に制御している。私たちは、ミヤコグサの根粒過剰着生変異体を用いて、根粒数が根と葉の遠距離コミュニケーションによって制御される分子メカニズムを解明してきた。これまで、根から葉へと遠距離移動する糖修飾されたCLEペプチド、その受容体であるHAR1、HAR1によって制御され葉から根へと長距離移動するマイクロRNA(miR2111)やサイトカニン、シュート由来のシグナルを根で受けるTML等を特定してきた。現在、全身的なフィードバック制御の全容解明を進めている(図2)。また、「根」における感染や窒素情報をあえて「葉」に送る生物学的意義は不明であり、一次代謝制御の観点から研究を進めている。

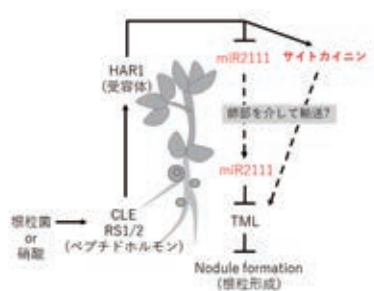


図2. 「根」と「葉」の遠隔シグナル伝達を介した根粒形成の全身制御モデル

根粒形成シグナリングと共生システムの進化

根粒共生とAM共生では、初期応答に関わる遺伝子が共通していることから、マメ科植物は多くの陸上植物に保存されるAM共生の遺伝子を基盤として、根粒共生を進化させたと考えられる。通常、植物は側根を発達させることで土壤中の限られた養分を効率よく吸収している。最近、根粒共生に特異的な転写因子の下流で、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。さらにオーキシンのメチル化やサイトカニン応答の振動が重要であることもわかってきた。AM共生に必要な宿主因子を基盤として、どのような因子や制御系が獲得されたのかを解明することで、根粒共生の進化を解明することを目指している。

AM菌の特性解析と非共生培養技術開発

AM菌は宿主植物に感染しなければ増殖できない絶対共生性の真菌であり、個体内でrDNA多型を示すなど興味深い特徴を持っている。しかし、AM菌の生物学的性質は未解明の部分が多く、共生の分子機構もほとんど明らかになっていない。私たちは、AM菌の特性解析、非共生培養技術および形質転換技術の開発に取り組んでいる。

参考文献:

- Soyano, T., Akamatsu, A., Takeda, N., Watahiki, M., Goh, T., Okuma, N., Suganuma, N., Kojima, M., Takebayashi, Y., Sakakibara, H., Nakajima, K., and Kawaguchi, M. (2024). Periodic cytokinin responses in *Lotus japonicus* rhizobium infection and nodule development. *Science* 385, 288-294.
- Goto, T., Soyano, T., Liu, M., Mori, T., and Kawaguchi, M. (2022). Auxin methylation by *IAMT1*, duplicated in the legume lineage, promotes root nodule development in *Lotus japonicus*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 119, e2116549119.
- Tanaka, S., Hashimoto, K., Kobayashi, Y., Yano, K., Maeda, T., Kameoka, H., Ezawa, T., Saito, K., Akiyama, K., and Kawaguchi, M. (2022). Asymbiotic mass production of the arbuscular mycorrhizal fungus *Rhizophagus clarus*. *Commun. Biol.* 5, 43.
- Okuma, N., Soyano, T., Suzuki, T., and Kawaguchi, M. (2020). *MIR2111-5* locus and shoot-accumulated mature miR2111 systemically enhance nodulation depending on HAR1 in *Lotus japonicus*. *Nat. Commun.* 11, 5192.
- Sasaki, T., Suzuki, T., Soyano, T., Kojima, M., Sakakibara, H., and Kawaguchi, M. (2014). Shoot-derived cytokinins systemically regulate root nodulation. *Nat. Commun.* 5, 4983.
- 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.

教授
川口 正代司

助教
及川 和聡

特任助教
嵐田 遥

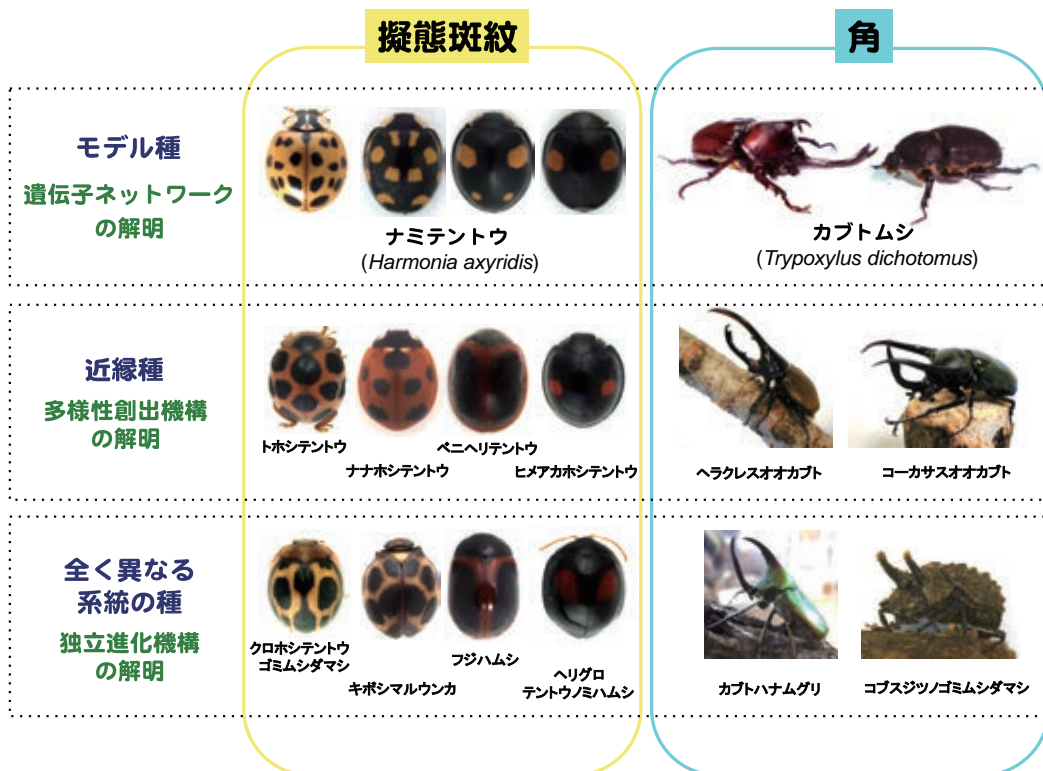


Evo-Devo で探る昆虫の多様性

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ました。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ます。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ます。



カメノコテントウ



ゲノム解析 ゲノム操作解析

新奇形質の獲得と多様性創出の進化メカニズムの解明

Staff

教授
新美 輝幸

助教
中村 太郎
森田 慎一

特任助教
松岡 佑児

技術課技術職員
水谷 健



カプトムシ



スズメシ



ニホンホ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。

スズムシ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。

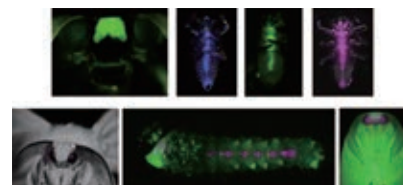


図1. 形質転換ナミテントウ（上段）と形質転換カイコ（下段）

参考文献：

- Morita, S., Shibata, T. F., Nishiyama, T., Kobayashi, Y., Yamaguchi, K., Toga, K., Ohde, T., Gotoh, H., Kojima, T., Weber, J. N., Salvemini, M., Bino, T., Mase, M., Nakata, M., Mori, T., Mori, S., Cornette, R., Sakura, K., Lavine, L. C., Emlen, D. J., *Niimi, T., and *Shigenobu, S. (2023). The draft genome sequence of the Japanese rhinoceros beetle *Trypoxylus dichotomus septentrionalis* towards an understanding of horn formation. *Sci. Rep.* 13, 8735.
- Chikami, Y., Okuno, M., Toyoda, A., Itoh, T. and Niimi, T. (2022). Evolutionary history of sexual differentiation mechanism in insects. *Mol. Biol. Evol.* 39, msac145.
- 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 Genet.* 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 Genet.* 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.

教授
新美 輝幸

助教
中村 太郎

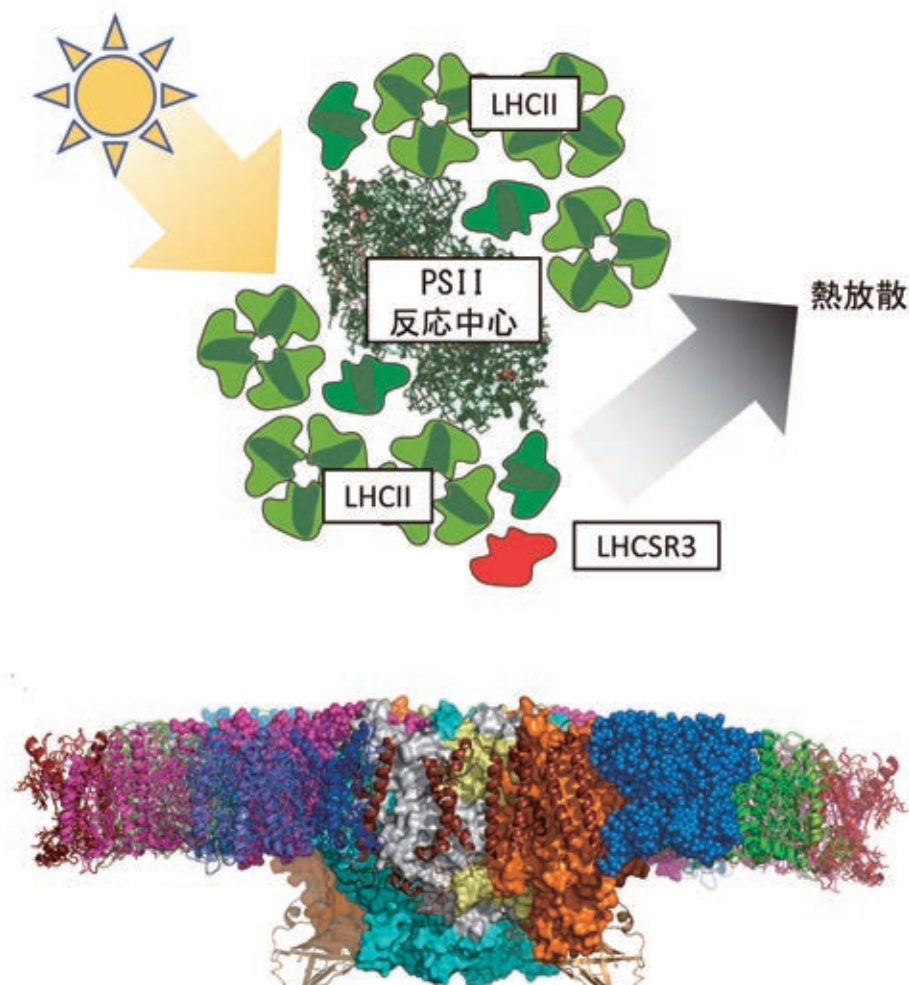
助教
森田 慎一

特任助教
松岡 佑児



植物が巧みに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ります。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ます。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、ライブイメージングなどを駆使し、光合成に必要な光が効率よく集められるしくみや、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ます。



Staff

教授
皆川 純

准教授
横野 牧生

助教
小杉 真貴子

特任助教
辻 Jackson 誠

技術課技術職員
野田 千代

【上】 過剰に吸収された光エネルギーを安全に消去する NPQ 機構：クラミドモナスの光化学系 II (PSII) に LHCSR3 が結合すると、集光アンテナ (LHCII) に吸収された光エネルギーは PSII 反応中心に移動する前に熱として放散される。このしくみは NPQ (non-photochemical quenching) と呼ばれ、高効率で光を集める光合成装置を強光環境で保護するために役立っている。

【下】 原子レベルで解明された PSII-LHCII 超複合体の構造：光化学系 II は、電荷分離を起こす反応中心を光のアンテナである LHCII が取り囲んだ構造を取っている。その全体構造がクライオ電顕技術により明らかになった (図はチラコイド膜水平方向からのもの)。

光合成装置の環境適応

植物や藻類は置かれた環境に応じて光合成装置を変化させ常に最適化された光合成を行っている。その最も顕著な変化は、光を集める“アンテナ”であるLHC (light-harvesting complex) に現れる。本研究部門では、特にLHCに注目し、その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中心に、さまざまな微細藻類や植物を用い、その光合成装置の先進的な解析を生化学解析、物理解析、遺伝学解析などを組み合わせて行っている。

特に光合成にとって過剰分の光エネルギーを安全に消去する熱放散機構NPQ (non-photochemical quenching) と2つの光化学系へのエネルギー分配機構であるステート遷移に注目し、その分子機構の解明を進めている。

私たちは、(1) NPQは、光化学系II超複合体に結合したLHCSRタンパク質が重要であること、(2) LHCSRタンパク質の発現が青色光受容体や紫外線受容体に起因する細胞内シグナル伝達によって起きること、(3) ステート遷移においてリン酸化されたLHCII三量体が光化学系Iに結合する詳細などを明らかにしてきた。

最近クライオ電子顕微鏡を利用した光化学系II超複合体の構造解析を足がかりとして、原子レベルで、あるいは膜レベルで光合成装置の環境構造変化を追究している。



図1. 光化学系I超複合体のステート2状態の立体構造

緑藻クラミドモナスを光化学系IIがより励起される状態(ステート2)にしてPSII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による単粒子解析により立体構造を解明した(解像度2.84Å)。超複合体は光化学系Iの片側(図の左側)に光化学系I固有の集光装置であるLhcaの4量体が二層結合し、反対側にLhcaの2量体(Lhca2/9)と光化学系IIの集光装置である3量体LHCII (LHCII-1/LHCII-2)が結合しており多くの微細構造が明らかとなった。特に、ステート2では、LhcbM1とLhcbM5のN末端Thr残基がリン酸化されることで3量体LHCIIがPSIに結合する構造であることが確定した。

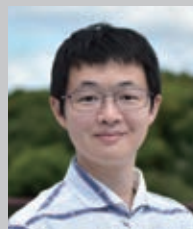
参考文献:

- Kubota, M., Kim, E., Ishii, A., and Minagawa, J. (2024). The blue-green light-dependent state transition in the marine phytoplankton *Ostreococcus tauri*. *New Phytol.* *244*, 1837-1846.
- Kosugi, M., Ohtani, S., Hara, K., Toyoda, A., Nishide, H., Ozawa, S.-I., Takahashi, Y., Kashino, Y., Kudoh, S., Koike, H., and Minagawa, J. (2024). Characterization of the far-red light absorbing light-harvesting chlorophyll a/b binding complex, a derivative of the distinctive Lhca gene family in green algae. *Front. Plant Sci.* *15*, 1409116.
- Ishii, A., Shan, J., Sheng, S., Kim, E., Watanabe, A., Yokono, M., Noda, C., Song, C., Murata, K., Liu, Z., and Minagawa, J. (2023). The photosystem I supercomplex from a primordial green alga *Ostreococcus tauri* harbors three light-harvesting complex trimers. *eLife* *12*, e84488.
- Pan, X., Tokutsu, R., Li, A., Takizawa, K., Song, C., Murata, K., Yamasaki, T., Liu, Z., Minagawa, J., Li, M. (2022). Structural basis of LhcbM5-mediated state transitions in green algae. *Nat. Plants* *7*, 1119-1131.
- Kim, E., Watanabe, A., Duffy, C. D. P., Ruban, A. V., Minagawa, J. (2020). Multimeric and monomeric photosystem II supercomplexes represent structural adaptations to low- and high-light conditions. *J. Biol. Chem.* *295*, 14537-14545.
- 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., Fujimura-Kamada, K., Yamasaki, T., and Minagawa, J. (2019). Algal photoprotection is regulated by the E3 ligase CUL4-DDB1^{DET1}. *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. USA* *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.
- Tokutsu, R. and Minagawa, J. (2013). Energy-dissipative supercomplex of photosystem II associated with LHCSR3 in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* *110*, 10016-10021.
- Iwai, M., Takizawa, K., Tokutsu, R., Okamuro, A., Takahashi, Y., Minagawa, J. (2010). Isolation of the elusive supercomplex driving cyclic electron transfer in photosynthesis. *Nature* *464*, 1210-1213.

教授
皆川 純



准教授
横野 牧生



助教
小杉 真貴子

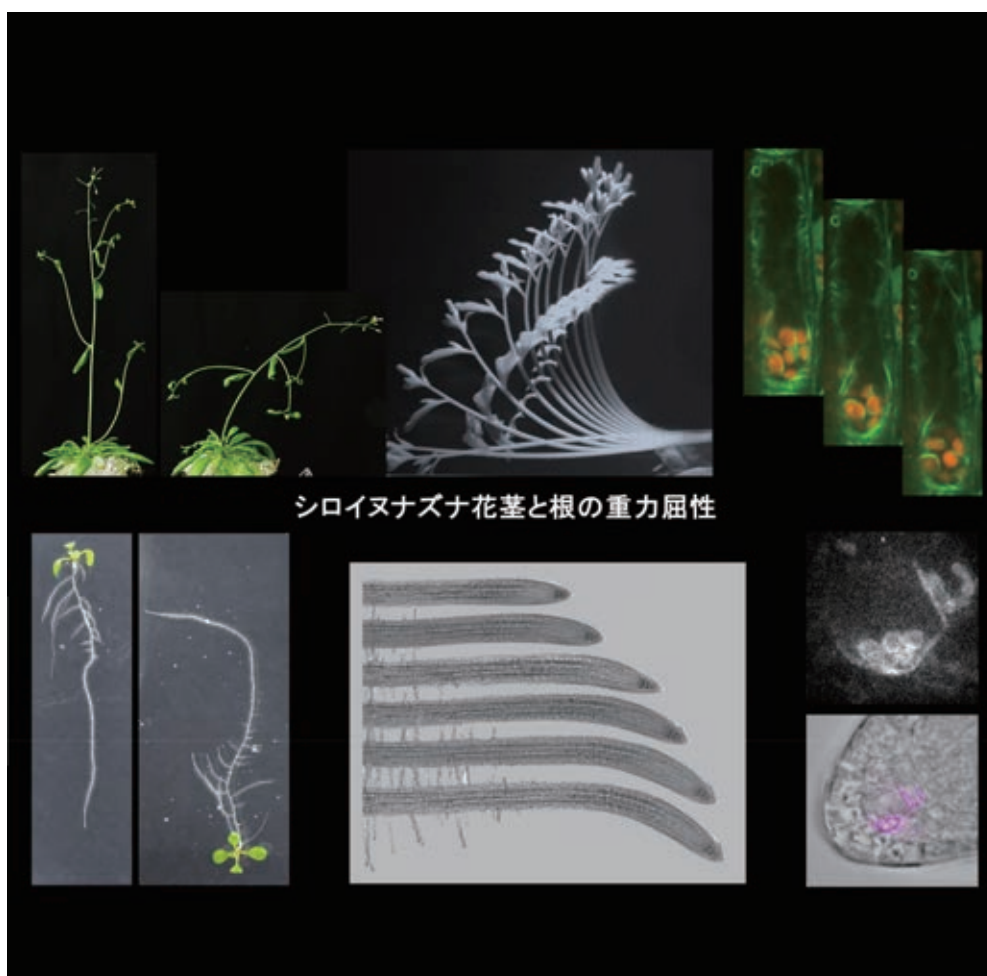


特任助教
辻 Jackson 誠



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、運動しています。このような植物の運動は屈性と呼ばれています。本研究部門で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なっています。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様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。



Staff

教授
森田（寺尾）美代

助教
西村 岳志
四方 明格

技術課技術職員
森 祥伍

シロイヌナズナの花茎と根の重力屈性

重力感受細胞（右）では、重力方向に平衡石として働くと考えられているアミロプラストが沈降する。

植物の重力屈性とは

植物は重力方向を認識して、地上部は上向きに、根は下向きに成長する。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高比重のオルガネラである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の制御へと変換されると考えられている。私たちは重力感受と重力シグナリングに注目して、分子生物学的解析を初めとし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壁細胞や根端のコルメラ細胞において、アミロプラストの重力方向への移動には、液胞膜や細胞骨格の動態が適切に制御されることが重要である。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内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、重力感受機構の理解を進めている（図1）。

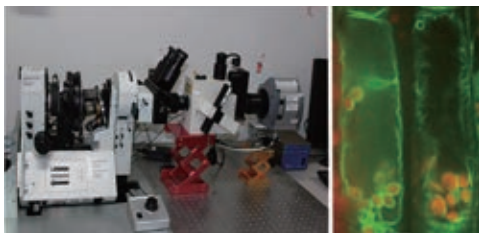


図1. 垂直ステージ共焦点レーザー顕微鏡で観察した内壁細胞顕微鏡全体が90度回転しているため、成長時の重力方向を維持したまま細胞内を観察することができる（左図）。アミロプラスト（赤）が茎の重力感受細胞で重力方向に沈んでいる様子（右図）。GFPを用いて、液胞膜（左側）とアクチン繊維（右側）を可視化した。

重力シグナリングの分子機構

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、根における重力シグナリングに関するLZY遺伝子ファミリーを私たちは同定し、根や側枝の成長方向の決定はこの遺伝子ファミリーの制御下にあることを明らかにしてきた。最近、LZY蛋白質は根端にある重力感受細胞ではアミロプラストと細胞膜に見出され、アミロプラストから細胞膜へと移動する様子を私たちは捉えた（図2A）。このことは、アミロプラストが重力方向へ移動した先にある細胞膜、つまり重力方向側の細胞膜にLZY蛋白質が供給されることを意味する。アミロプラスト沈降という変化が重力感受細胞においてどのように認識されるのかは100年来の謎であったが、この発見と、オーキシン輸送に関連するRLD蛋白質を細胞膜上に呼び込むLZYの機能の発見により、重力に

応答したオーキシンの極性輸送の仕組みが遂に分子的に説明可能となった（図2B）。現在、RLDのオーキシン輸送に関する分子機能の解明や、地上部における重力シグナル伝達も根と同様の仕組みにより行われているかについて検証を進めている。

重力屈性と抗重力屈性

LZYは、根の下方向への成長、地上部（花茎）の上方向への成長を促進する働きをもつ。興味深いことに、*lzy*多重変異体では野生型と逆に、根は上方向、地上部は下方向へと成長する傾向にある。植物の形態は、重力屈性およびそれとは逆方向へ成長させる仕組み（抗重力屈性）のバランスにより維持されていると近年考えられている。私たちは、上述の*lzy*多重変異体が示す振る舞いは抗重力屈性がより顕著に現れた結果と捉え、その解析を通じて抗重力屈性の機構解明に取り組んでいる。

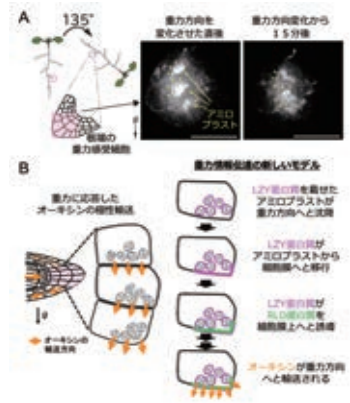


図2. 重力方向の変化に伴う根の重力感受細胞におけるLZY蛋白質の細胞内局在の変化と重力情報伝達に関する新しいモデル

参考文献：

- Morita, M. T., Nishimura, T., and Shikata, H. (2026). Gravity sensing for gravitropism. *Annu. Rev. Plant Biol.* 77, 425-448.
- 西村岳志, 四方明格, 森田(寺尾)美代 (2024). 植物はどのように重力方向を感知するのか? - デンプン平衡石による植物の重力感知の仕組み. 『科学』岩波書店 94, 152-157.
- Nishimura, T., Mori, S., Shikata, H., Nakamura, M., Hashiguchi, Y., Abe, Y., Hagihara, T., Yoshikawa, H. Y., Toyota, M., Higuchi, T., and Morita, M. T. (2023). Cell polarity linked to gravity sensing is generated by LZY translocation from statolith to the plasma membrane. *Science* 381, 1006-10102.
- Kawamoto, N., and Morita, M.T. (2022). Gravity sensing and responses in the coordination of the shoot gravitropic set point angle. *New Phytol.* 236, 1637-1654.
- Kawamoto, N., Kanbe, Y., Nakamura, M., Mori, A., and Morita, M. T. (2020). Gravity-sensing tissues for gravitropism are required for "anti-gravitropic" phenotypes of *lzy* multiple mutants in *Arabidopsis*. *Plants* 9, 615.
- Furutani, M., Hirano, Y., Nishimura, T., Nakamura, M., Taniguchi, M., Suzuki, K., Oshida, R., Kondo, C., Sun, S., Kato, K., Fukao, Y., Hakoshima, T., and Morita, M. T. (2020). Polar recruitment of RLD by LAZY1-like protein during gravity signaling in root branch angle control. *Nat. Commun.* 11, 76.
- Taniguchi, M., Furutani, M., Nishimura, T., Nakamura, M., Fushita, T., Iijima, K., Baba, K., Tanaka, H., Toyota, M., Tasaka, M., and Morita, M. T. (2017). *Arabidopsis* LAZY1 family plays key role in gravity signaling within statocytes in gravitropism and in branch angle control of roots and shoots. *Plant Cell* 29, 1984-1999.

教授

森田(寺尾)美代

助教

西村 岳志

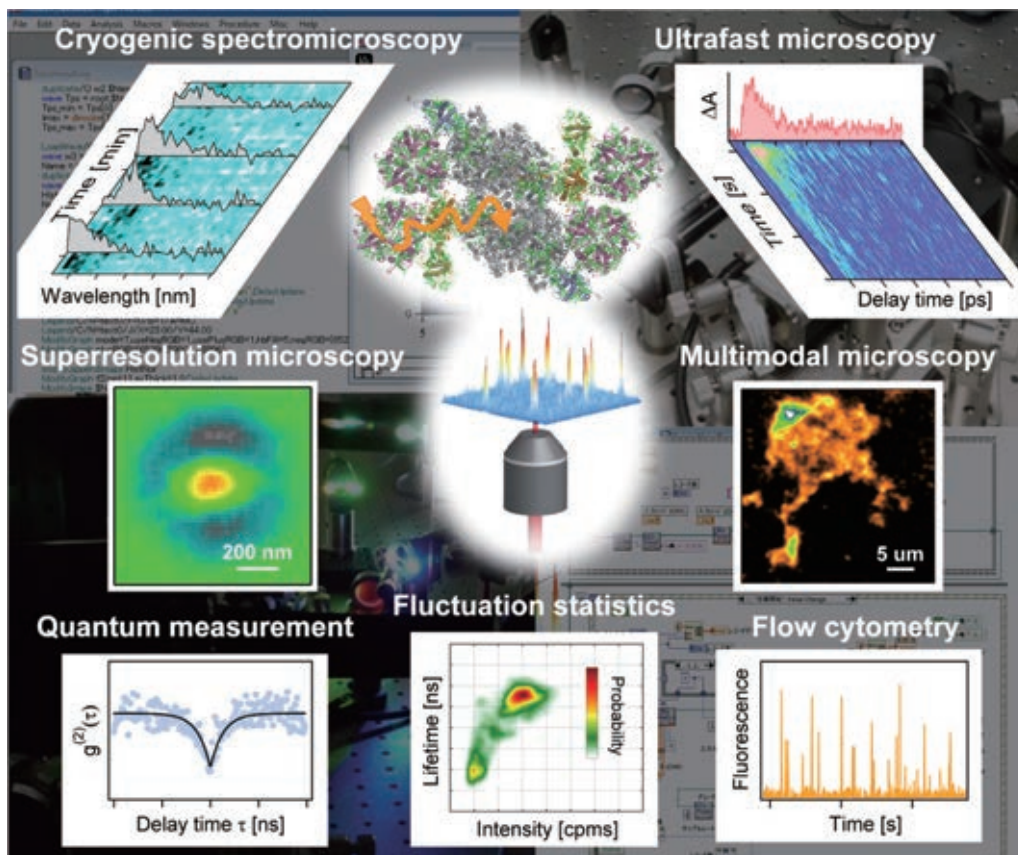
助教

四方 明格



最先端顕微分光で迫る光生物の不思議な仕組み

光合成生物は太陽光のエネルギーを巧みに利用し糖類を合成します。学校で一度は習うお馴染みの光反応ですが、その分子機構は未だに分かっていません。特に、色素分子の光励起による局所的な光刺激が、どのように分子→タンパク質→生体膜→細胞と階層を超えて連鎖していくのかは謎のままです。我々は、独自に開発した顕微分光技術を駆使し、生体内の光反応過程を空間的・時間的・エネルギー的に分解し可視化することで、分子から生体膜系の高次階層までをシームレスに連関させる光反応の制御原理を明らかにします。さらに、地質試料中に眠る絶滅光合成生物の分光解析、生体系の揺らぎ分解分光、量子計測を用いた生体観測など、新たな分野の開拓にも取り組みます。



Staff

教授
近藤 徹

助教
山野 奈美

特任助教
小島 理沙

技術課技術職員
尾納 隆大

自作の顕微分光装置を用いてミクロ領域で生じる生体光反応の制御機構を解明する

精妙な光合成光反応系

地球上には太陽光が無尽蔵に降り注ぎ、生命活動を支えている。太陽光を巧みに吸収し活用しているのが光合成生物であり、多数の色素分子が結合する色素タンパク質が光反応を制御している。ここで光捕集を担うのがアンテナタンパク質であり、結合する色素分子が光を吸収する。光エネルギーは色素分子を介して反応中心タンパク質へと渡されて電流に変換される。つまり、光合成系の色素タンパク質は光電変換機能を有する天然の太陽電池と言える。ここで、天然系の凄さを象徴する特徴が3つある。1つ目が高効率性であり、光反応の量子収率がほぼ100%に達する。2つ目が環境適応性であり、光環境に応じて反応系を柔軟に調整できる。光の強弱や色の変動に敏感に回答し、自然環境下の厳しい生存競争を生き抜いている。3つ目が反応連関性であり、生体膜内に埋め込まれた複数多種のタンパク質を介して、光エネルギーや電子だけでなく、プロトンや分子などの流れも制御している。これらの全てがかみ合い互いに連関することで、最終的に NADPH と ATP が合成させる。数多の地球環境変動およびそれらに伴う生物進化の荒波にもまれながら最適化されてきた精妙な生体システムである。しかし、その動作原理については多くの謎が残されている。

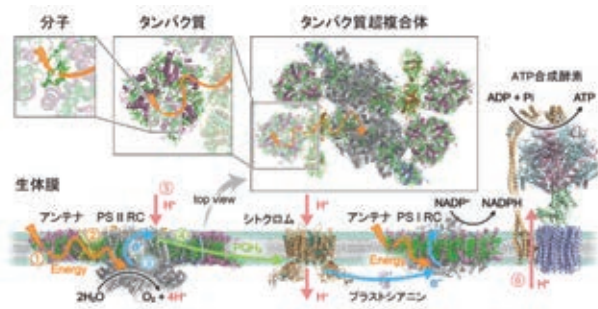


図1. 光合成光反応系のモデル図

動的で階層的な反応系

生体機能の動作原理を調べる際に、これまでには主に構造と機能の相関をキーワードに研究が進められてきた。しかし、個々のタンパク質の静的な構造情報だけでは前述した光合成光反応系の3つの特徴（高効率性・環境適応性・反応連関性）を生み出す分子機構は理解できない。そこで我々は、動的な構造や階層的な構造にまで解析対象を拡張し、これを明らかにする。生体分子やタンパク質などの動的な振舞いは反応系の高効率性や環境適応性にとって重要であり、さらに、分子・タンパク質・タンパク質超複合体・生体膜が織りなす階層構造が反応連関性の鍵を握る。

独自の顕微分光アプローチ

では、古今東西様々な研究グループが解析を試みながらも、何故、これらが現在に至るまで謎のままなのだろう。理由は簡単で、単に測定技術が確立されていないからである。そこで我々は測定技術の開発、特にオリジナルの顕微分光装置の開発を進めている。例えば、蛍光の強度と寿命の揺らぎを観測できる単一分子蛍光顕微鏡を開発して光捕集アンテナタンパク質を解析し、光強度の変動に回答する動的な光反応制御機構を明らかにした。揺らぎの統計解析手法も確立し、定量評価に成功した。独自の極低温分光顕微鏡を用い、局所的な構造揺らぎの機能的な役割を解析した。さらに、フェムト秒時間スケールで時間分解測定が可能な超高速分光顕微鏡や、蛍光光子相関が解析できる量子計測顕微鏡、高い空間分解能を実現する超解像顕微鏡、単一分子をマイクロ流路に流しながら測定するフロー分光顕微鏡など、多種多様な測定技術を開発してきた。現在は、フェムト秒過渡吸収顕微鏡や時間分解蛍光スペクトル顕微鏡などの開発も進めている。最終的にはこれらの技術を1つに集約し、超高速・超解像・スペクトル分解を組み合わせた世界初の顕微分光技術を確認していく。オンリーワンの手法を武器に、光合成光反応系の巧みさの真髄ともいえる高効率性・環境適応性・反応連関性の制御機構を明らかにしたい。

参考文献：

1. Arai S., Matsubara S., and Kondo, T. (2026). Heterogeneity-resolved ultrafast transient absorption spectroscopy of single supramolecular light-harvesting antennas. *J. Phys. Chem. Lett.* **17**, 4372–4380.
2. Kondo, T., Mutoh, R., Arai, S., Kurisu, G., Oh-Oka, H., Fujiyoshi, S., and Matsushita, M. (2022). Energy transfer fluctuation observed by single-molecule spectroscopy of red-shifted bacteriochlorophyll in the homodimeric photosynthetic reaction center. *J. Chem. Phys.* **156**, 105102.
3. Kondo, T., Mutoh, R., Tabe, H., Kurisu, G., Oh-Oka, H., Fujiyoshi, S., and Matsushita, M. (2020). Cryogenic single-molecule spectroscopy of the primary electron acceptor in the photosynthetic reaction center. *J. Phys. Chem. Lett.* **11**, 3980–3986.
4. Kondo, T., Gordon, J. B., Pinnola, A., Dall'Osto, L., Bassi, R., and Schlau-Cohen, G. S. (2019). Microsecond and millisecond dynamics in the photosynthetic protein LHCSR1 observed by single-molecule correlation spectroscopy. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **116**, 11247–11252.
5. Kondo, T., Chen, W. J., and Schlau-Cohen, G.S. (2017). Single-molecule fluorescence spectroscopy of photosynthetic systems. *Chem. Rev.* **117**, 860–898.
6. Kondo, T., Pinnola, A., Chen, W. J., Dall'Osto, L., Bassi, R., and Schlau-Cohen, G. S. (2017). Single-molecule spectroscopy of LHCSR1 protein dynamics identifies two distinct states responsible for multi-timescale photosynthetic photoprotection. *Nat. Chem.* **9**, 772–778.

教授
近藤 徹



助教
山野 奈美

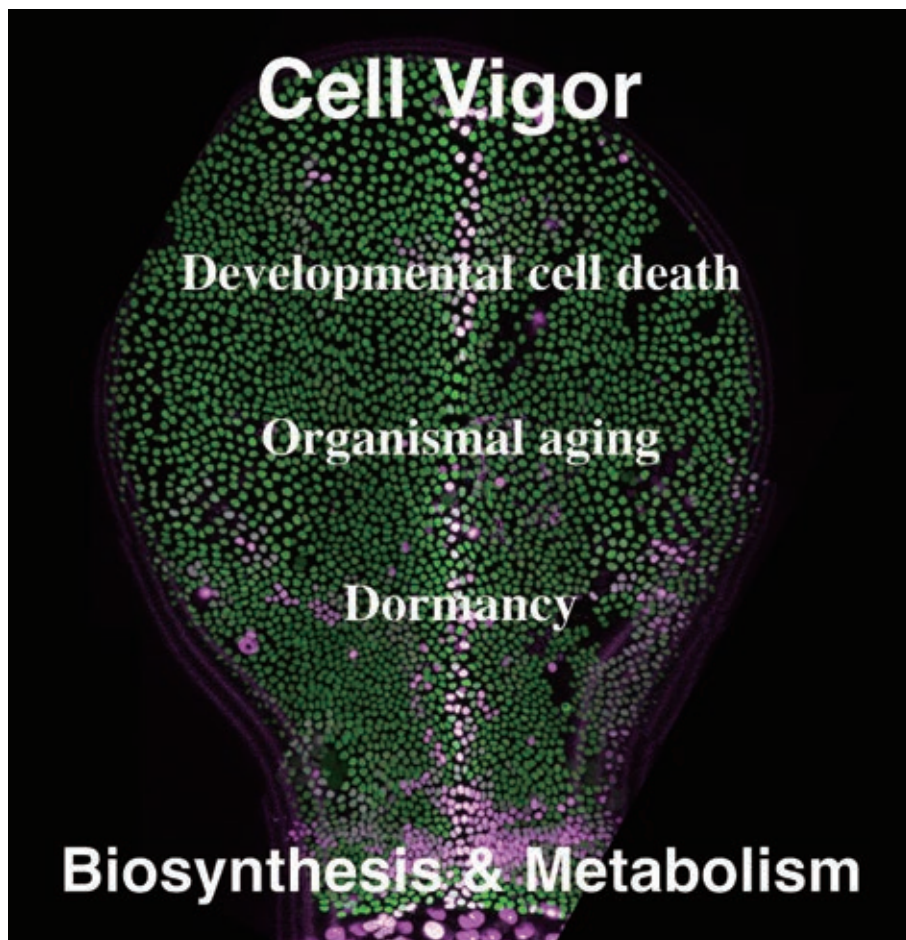


特任助教
小島 理沙



細胞の活力を決める生合成・代謝を探る

多細胞生物は受精卵から細胞分裂を繰り返し体づくりを行います。卵割で増えた細胞はその位置によって性質を変えていきます。体のパターンを作るシグナル分子の産生と消去は発生の時間的制約の中で“ここぞ”というタイミングで行われなくてはなりません。シグナル分子を作る細胞がプログラム細胞死で速やかに除去されることでこの切り替えを可能にしています。また、発生では細胞分化に失敗する細胞も多数出現しますが、そのような細胞は速やかに生体から除去されます。せっかく作った細胞を失う仕組みが、体を作っていく創造的なプロセスの中に巧みに組み込まれているのです。発生が完了すると、体は急速に成長し性的成熟を迎えて子孫を残せるようになります。しかし、この状態が長く続くわけではありません。生物は最大寿命を超えて生きることはできないのです。生物は環境や傷害に巧みに応じて生命を維持しますが、その生物応答に発生や成長を一次的に止める休眠現象も知られています。私たちは細胞死や老化、休眠といった細胞活力を低下させる仕組み解明することで、生物個体が持つ活力制御の理解を深めたいと考えています。



Staff

所長
三浦 正幸

ショウジョウバエ変態期の胸部閉鎖時におこる正中線でのカスパーゼ活性化
ショウジョウバエ変態期におこる胸部閉鎖では左右の上皮が融合する正中線でカスパーゼの活性化を伴う細胞脱落が起きます。この細胞脱落は閉鎖速度の調節に関わっています。

メチオニン/SAM代謝による細胞活力制御

必須アミノ酸の一つであるメチオニンはタンパク質の合成に加え、メチオニンを代謝する経路（メチオニンサイクル）によって生体制御に重要な代謝産物の産生に使われる。なかでも最初の代謝産物であるSアデノシルメチオニン(SAM)は殆ど全てのメチル化反応におけるメチル基供与体として重要である。ショウジョウバエの翅は幼虫期の未分化な上皮性組織である翅成虫原基に由来するが、翅成虫原基の一部を遺伝学的に傷害しても正常発生で形成される翅と同じ形態の翅が作られる。

SAM代謝に注目して解析をした結果、翅成虫原基傷害後に脂肪体でのSAMレベルの低下、SAHレベルの上昇によるメチル化指標の

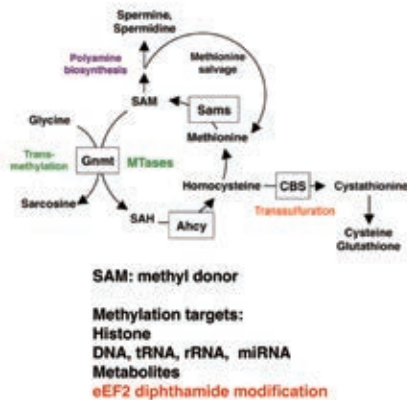


図 1. メチオニン /SAM 代謝経路

低下が起こる。SAM代謝をする主要なメチル基転移酵素はGNMT(glycine N-methyltransferase)であり、GNMTの機能低下は再生不全に陥る。腸は成虫でも組織再生が可能な組織であるが、腸上皮傷害や飢餓ストレスの回復にはSAM代謝の亢進が必要である。また、SAMは老化時に上昇し、SAM代謝を亢進させる操作によって寿命延長が可能である。SAM代謝による細胞活力制御を研究する。

翻訳伸長因子eEF2だけに見られるジフタミド修飾による細胞活力制御

ショウジョウバエ腸上皮傷害や飢餓ストレスからの回復時には腸幹細胞の増殖が起こる。この再生現象にSAMは必須の代謝産物である。SAMを利用するメチル基転移酵素を遺伝学的にスクリーニングした結果、翻訳伸長因子eEF2だけに見られるジフタミド修飾酵素Dph5が得られた。ジフタミド修飾は7~8種類の酵素を用い、5つのSAMを利用する複雑な化学修飾であり、翻訳伸長因子eEF2にだけ起こることが知られている。この化学修飾の生理機能は不明な点が多く、腸幹細胞の増殖時における翻訳には必須な働きをする

が、翻訳への働きが不明な細胞も多く知られている。ジフタミド修飾は真核生物全てに保存されていることから、未だ知られていない重要な生理機能を有すると考えられる。さまざまな生物における、発生、細胞死、細胞ストレス、老化、休眠におけるジフタミド修飾の役割を明らかにする。

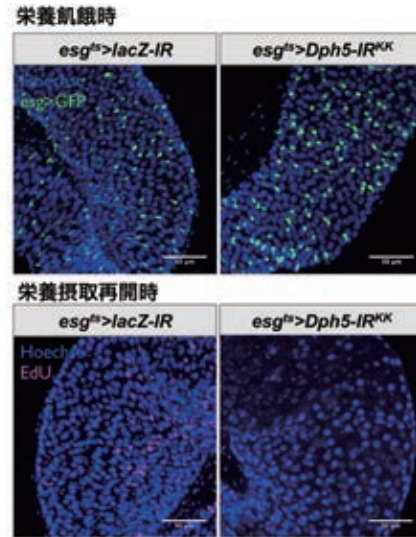


図 2. 腸幹細胞・腸芽細胞でジフタミド修飾に必要なメチル基転移酵素 Dph5 をノックダウンすると腸幹細胞の再増殖が阻害される

参考文献:

1. Kashio, S., and Miura, M. (2025). S-adenosylmethionine metabolism buffering is regulated by a decrease in glycine N-methyltransferase via the nuclear ubiquitin-proteasome system. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 122, e2417821122.
2. Obata, F., and Miura, M. (2024). Regulatory mechanisms of aging through the nutritional and metabolic control of amino acid signaling in model organisms. *Annu. Rev. Genet.* 58, 19-41.
3. Kosakamoto, H., Obata, F., Kuraishi, J., Aikawa, H., Okada, R., Johnstone, J.N., Onuma, T., Piper, M.D.W., and Miura, M. (2023). Early-adult methionine restriction reduces methionine sulfoxide and extends lifespan in *Drosophila*. *Nat. Commun.* 14, 7832.
4. Tsuda-Sakurai, K., and Miura, M. (2019). The hidden nature of protein translational control by diphthamide – the secrets under the leather. *J. Biochem.* 165, 1-8.
5. Obata, F., Tsuda-Sakurai, K., Yamazaki, T., Nishio, R., Nishimura, K., Kimura, M., Funakoshi, M., and Miura, M. (2018). Nutritional control of stem cell division through S-adenosylmethionine in *Drosophila* intestine. *Dev. Cell* 44, 741-751.
6. Kashio, S., Obata, F., Zhang, L., Katsuyama, T., Chihara, T., and Miura, M. (2016). Tissue non-autonomous effects of fat body methionine metabolism on imaginal disc repair in *Drosophila*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 113, 1835-1840.
7. Obata, F., and Miura, M. (2015). Enhancing S-adenosylmethionine catabolism extends *Drosophila* lifespan. *Nat. Commun.* 6, 8332.

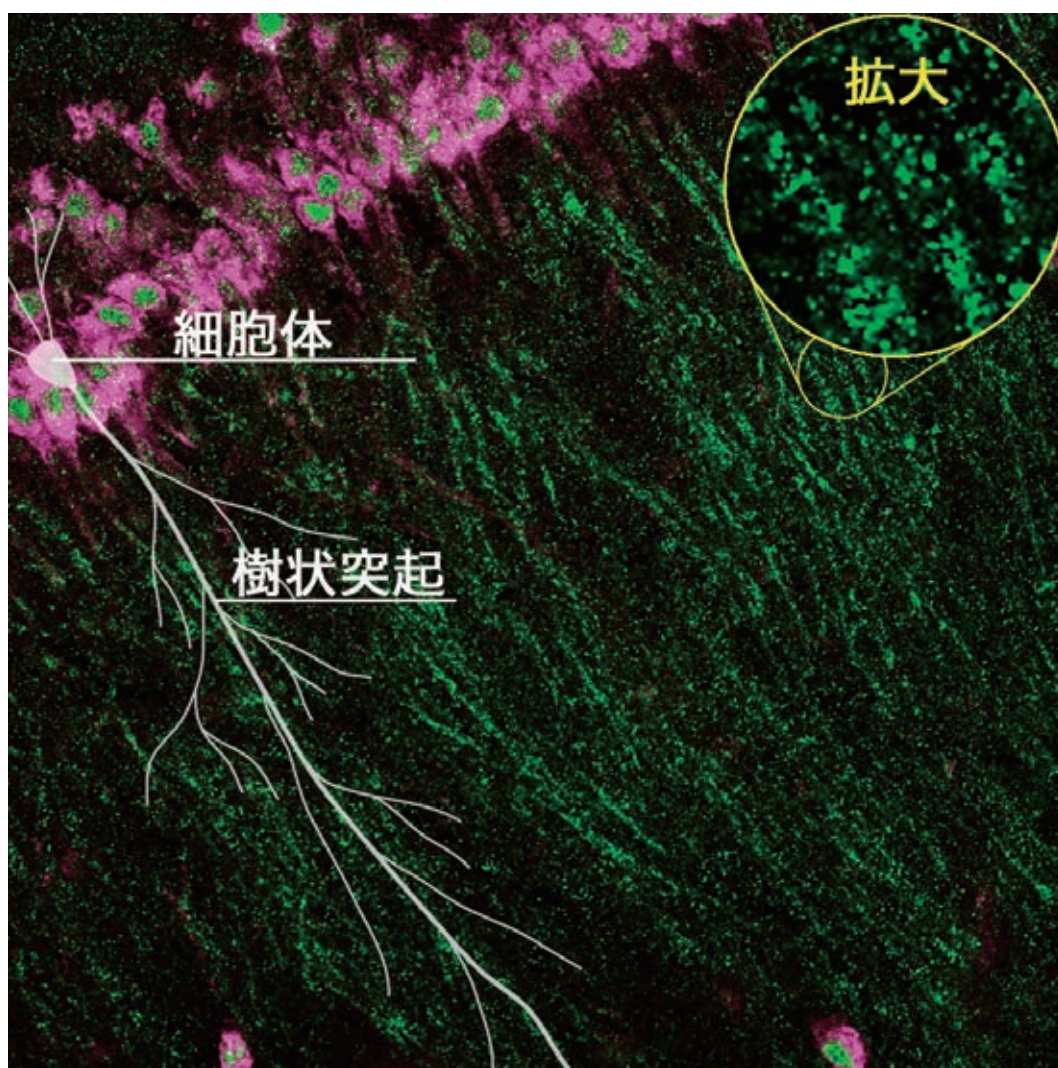
所長
三浦 正幸



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 の遺伝情報を基にタンパク質を合成（翻訳）するという、生命の根幹を担う分子です。正常な脳神経機能には、mRNA を鋳型とした翻訳の時空間的な制御が特に重要です。この制御は、mRNA とそれに結合する様々なタンパク質が RNA 顆粒と呼ばれる集合体（コンデンセート）を形成することで実現します。私たちは、マウスをモデル生物として、RNA 顆粒の形成過程や動態の調節メカニズム、さらに神経細胞（ニューロン）における RNA 顆粒の機能が学習・記憶や精神活動などの脳の機能にどのような影響を与えるのかを、分子・細胞・個体レベルで明らかにすることを目指しています。



Staff

准教授
椎名 伸之

助教
京 卓志

マウス脳海馬ニューロンの RNA 顆粒

ニューロンの細胞体（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）はニューロン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

細胞小器官の多くは膜によって区画化されるが、近年、膜に包まれずに区画化される「コンデンセート」と呼ばれる細胞小器官の存在が明らかになってきた。コンデンセートは液-液相分離によって形成され、特定の分子が濃縮される。RNA顆粒もコンデンセートの一種であり、特定のRNA結合タンパク質、mRNA、リボソームなどが濃縮されている。RNA結合タンパク質の中には、三次元構造をとらない天然変性領域（IDR）を持つものがあり、これらの弱い相互作用が液-液相分離の駆動力となっている。さらに、IDRを持つタンパク質は、量的変化や翻訳後修飾変化を受けることで、他の分子の濃縮や排除を調節したり、RNA顆粒の状態を液相からゲル・固相に転移させたりする。筋萎縮性側索硬化症や前頭側頭型認知症などの神経変性疾患の原因タンパク質であるFUSやTDP-43もIDRを持ち、疾患ではRNA顆粒に集積し、RNA顆粒の動態を攪乱すると考えられている（図1）。私たちは、IDRを介したRNA顆粒の形成・動態制御の分子機構を明らかにすると共に、学習、加齢、ストレス、疾患などの内的・外的要因がRNA顆粒の動態に与える影響や、それが神経機能の調節や異常にどう関わるかを研究している。現在は特に、学習によって翻訳活性が上昇する際にRNA顆粒が示す動態変化と、その分子メカニズムに注目している。

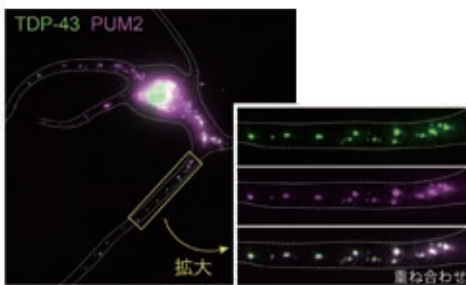


図1. ニューロン樹状突起のRNA顆粒に集積するRNA結合タンパク質培養ニューロンの樹状突起においてPUM2（赤）はRNA顆粒を形成する。TDP-43（緑）は通常は核内に存在するが、神経変性疾患ではRNA顆粒に集積する。点線はニューロンの輪郭を示す。樹状突起の拡大図を右側の写真に示す。

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、学習時のシナプス入力に応じて後シナプス（スパイン）近傍で局所翻訳を引き起こすことである。この局所翻訳はシナプス結合の長期的な強化に必要であり、長期記憶の形成に関与すると考えられている。私たちは、

RNA顆粒を構成する因子が局所翻訳や学習・記憶形成に果たす役割の解明に取り組んでいる。例えば、RNG105（別名caprin1）は、IDRを持ち、mRNAの樹状突起への輸送を担うRNA結合タンパク質である。RNG105欠損マウスでは、本来樹状突起に局在すべき多様なmRNAの局在が低下し、欠損が軽度の場合には自閉症様行動を、重度の場合には長期記憶の著しい低下を引き起こす（図2）。今後は、RNA顆粒の状態変化をIDRを介して制御する他の因子が、長期記憶形成にどのように関与しているかを明らかにしたいと考えている。

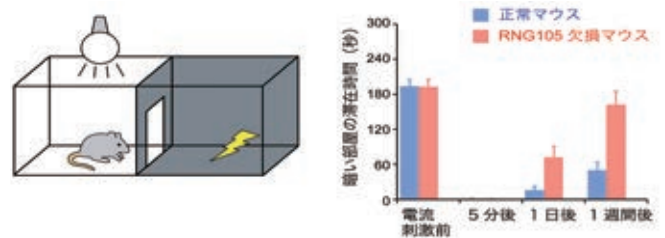


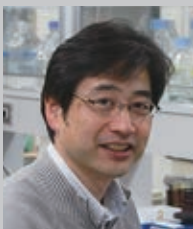
図2. RNG105 遺伝子欠損による長期記憶の低下

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. Yamashita, A., Shichino, Y., Fujii, K., Koshidaka, Y., Adachi, M., Sasagawa, E., Mito, M., Nakagawa, S., Iwasaki, S., Takao, K., and Shiina, N. (2023). ILF3 prion-like domain regulates gene expression and fear memory under chronic stress. *iScience* 26, 106229.
2. Horio, T., Ishikura, Y., Ohashi, R., and Shiina, N. (2023). Regulation of RNG105/caprin1 dynamics by pathogenic cytoplasmic FUS and TDP-43 in neuronal RNA granules modulates synaptic loss. *Heliyon* 9, e17065.
3. Nakazawa, K., Shichino, Y., Iwasaki, S., and Shiina, N. (2020). Implications of RNG140 (caprin2)-mediated translational regulation in eye lens differentiation. *J. Biol. Chem.* 295, 15029-15044.
4. 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.
5. 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.
6. 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.

准教授
椎名 伸之

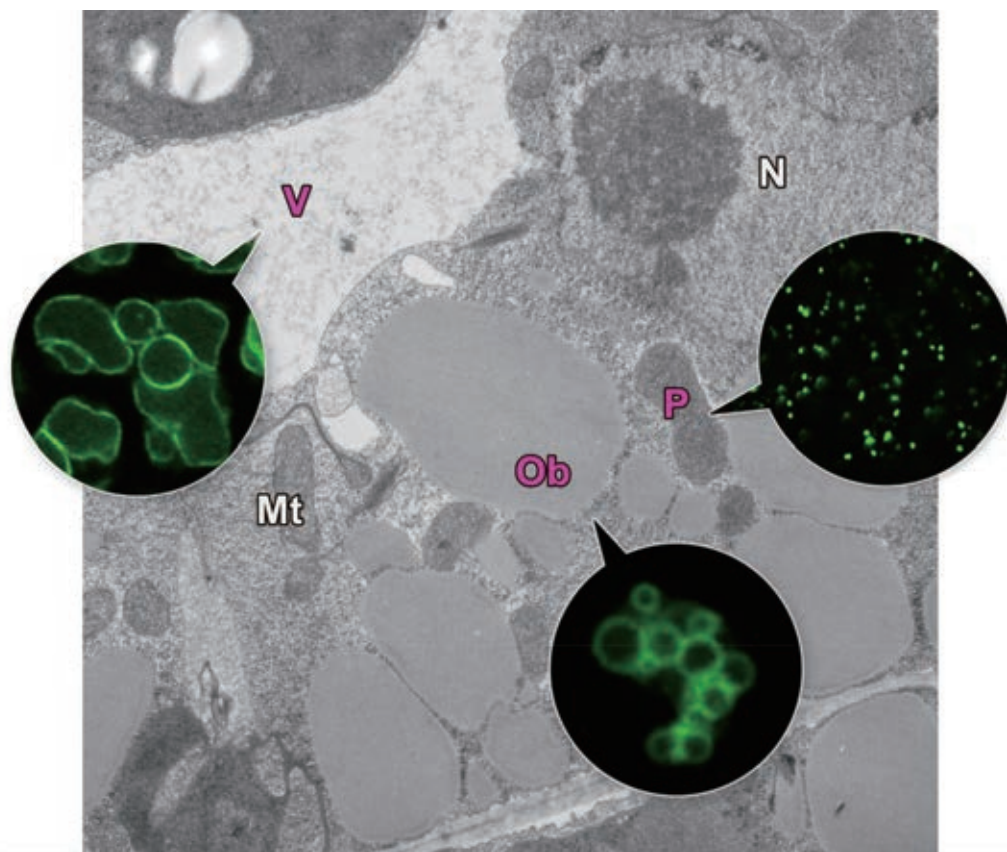


助教
京 卓志



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、再び種子を残し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ます。オルガネラは、細胞の成長や分化だけでなく、植物の生育環境に応答して、機能や数、形、大きさを変化させます。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ます。私たちは、分子から細胞、植物個体に至る様々な階層での解析から、オルガネラ形成や機能発現がどのように制御され、それが植物の高次機能をどのように支えているのかに興味をもって研究を行っています。



Staff

特任教授
真野 昌二

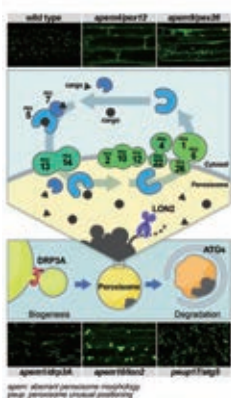
特任助教
後藤 志野

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、蛍光タンパク質にペルオキシソーム輸送シグナル、オイルボディ膜タンパク質オレオシン、あるいは液胞膜局在タンパク質 VAM3 をそれぞれ融合することで可視化された、ペルオキシソーム (P)、オイルボディ (Ob)、および液胞 (V)。N: 核、Mt: ミトコンドリア。

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。これらの機能が低下すると種子の発芽不全、植物個体の矮性化、配偶体の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、植物の生活環を通じて不可欠であることがわかる。私たちはこれまで、ペルオキシソーム形成と機能発現に関わる因子の同定やその制御機構、それらが破綻した際の植物への影響を解析してきた。これまでの研究から、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



との相互作用に加え、内部でのタンパク質分解やオートファジーによるペルオキシソーム自体の分解といった品質管理など、様々な制御が必要であることがわかりつつある(図1、文献1,4,5)。現在私たちは、これらペルオキシソームの一生に関わる制御機構の全容を、モデル植物のシロイヌナズナやゼニゴケを主な研究材料として明らかにしようとしている。

図1. 植物ペルオキシソームの動態制御に関わる分子機構

ペルオキシソームに異常を示すシロイヌナズナ *apem* および *peup* 変異体(蛍光写真)の解析により明らかとなった制御機構。ペルオキシソームの分裂にはダイナミン様タンパク質 DRP3A が関与する。Peroxin 5 (PEX5) や PEX7 などの受容体は貨物タンパク質(cargo)をペルオキシソーム内へ輸送し、PEX5 受容体は PEX12 を含むユビキチン化因子群および PEX1/PEX6/PEX26 AAA 型 ATP アーゼ複合体によって細胞質へリサイクルされる。ペルオキシソーム内部では、シャペロン・プロテアーゼである LON2 が変性・凝集したマトリクスタンパク質の修復・除去を担う。最終的に、障害を受けたペルオキシソームはオートファジー因子群(ATG)によるベクソファジーによって隔離・分解される。

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分解して、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の種類によって異なり、その生合成の制御機構も異なっている。私たちは、様々な植物における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2,3)。

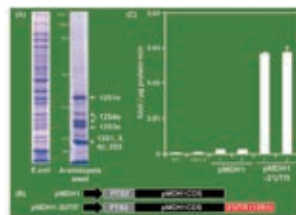


図2. 種子貯蔵タンパク質の3'UTRを利用した外来タンパク質の蓄積

大腸菌には様々なタンパク質が存在するのに対し、シロイヌナズナ種子には主に12Sグロブリンと2Sアルブミンが蓄積している。これら貯蔵タンパク質遺伝子の3'UTRに遺伝子発現を促進する機能がある。種子では本来発現していないペルオキシソームタンパク質のリンゴ酸脱水素酵素(MDH)に12S1遺伝子由来の3'UTRを繋げるとその蓄積を著しく増加させることが可能となった。

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6)。

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、実験プロトコー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:

- Mano, S., Hikino, K., and Kanai, M. (2024). Ubiquitination on the peroxisomal membrane for protein transport in plants. In *Modifications in Biomacromolecules* - Edited by Zhan, X., and Jabbari, A. IntechOpen pp.27-49.
- Kanai, M., Sugiyama, M., Kondo, M., Yamada, K., Nishimura, M., and Mano, S. (2023). Fusing the 3'UTR of seed storage protein genes leads to massive recombinant protein accumulation in seeds. *Sci. Rep.* 13, 12217.
- Kanai, M., Hikino, K., and Mano, S. (2023). Cloning and functional verification of endogenous U6 promoters for the establishment of efficient CRISPR/Cas9-based genome editing in Castor (*Ricinus communis*). *Genes* 14, 1327.
- Mano, S., Hayashi, Y., Hikino, K., Otomo, M., Kanai, M., and Nishimura, M. (2022). Ubiquitin-conjugating activity by PEX4 is required for efficient protein transport to peroxisomes in *Arabidopsis thaliana*. *J. Biol. Chem.* 298, 102038.
- Goto-Yamada, S., Oikawa, K., Yamato, T.K., Kanai, M., Hikino, K., Nishimura, M., and Mano, S. (2022). Image-based analysis revealing the molecular mechanism of peroxisome dynamics in plants. *Front. Cell Dev. Biol.* 10, 883491.
- 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.

特任教授
真野 昌二

特任助教
後藤 志野



動物の視覚情報処理機構の解明

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ます。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ります。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ますが、そのアルゴリズムの核心部分は未解明のままです。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ます。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ます。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ます。

Staff

准教授
渡辺 英治

特任助教
Han Ke

Studies of Visual System of Animals

A. Medaka fish and Dap'ing 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 "Δ"
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。

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5)。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3)、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ション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

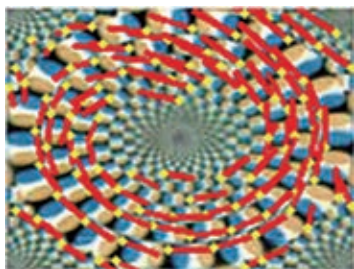


図1. AIで再現された錯視の回転
背景にある「蛇の回転錯視(詳細は北岡明佳博士のホームページ参照)」に、AIが予測した運動ベクトル(黄点が始点で、赤線が方向と大きさを示している)を重ねて表示している。AIはヒトの知覚と同じ方向の回転運動を再現した。

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AIによって発展させた。深層ニューラルネットワーク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と2)。

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)、ベンハムモンスター錯視や岡崎げんき館錯視(いずれも錯視コンテスト2位入賞)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。

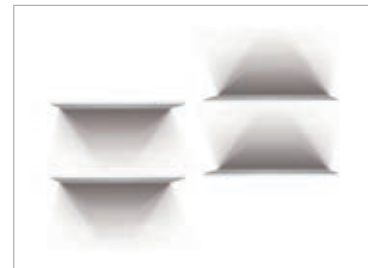


図2. 棚の影錯視

左右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、影の濃さは逆転する。第五回錯視コンテスト入賞作品。

参考文献:

1. Kobayashi, T., Kitaoka, A., Kosaka, M., Tanaka, M., and Watanabe, E. (2022). Motion illusion-like patterns extracted from photo and art images using predictive deep neural networks. *Sci. Rep.* 12, 3893.
2. 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.
3. 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.
4. Nakayasu, T., and Watanabe, E. (2014). Biological motion stimuli are attractive to medaka fish. *Animal Cognition* 17, 559-575.
5. Matsunaga, W., and Watanabe, E. (2012). Visual motion with pink noise induces predation behaviour. *Sci. Rep.* 2, 219.
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

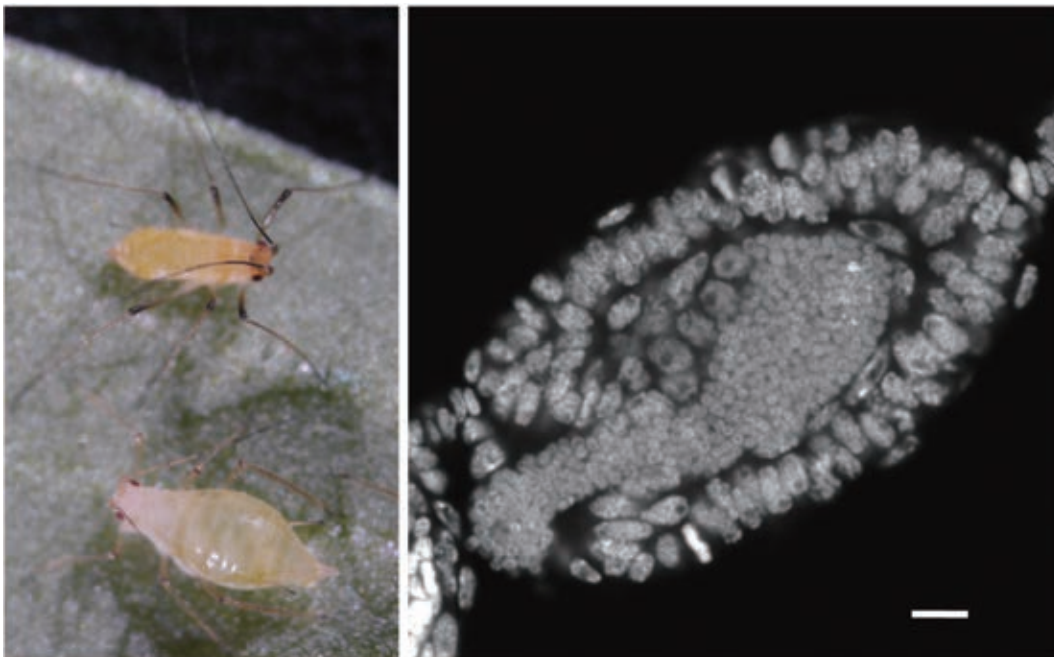


特任助教
Han Ke



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ます。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）の大きな源です。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ありません。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ます。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ますが、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でした。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す。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) を推進しています。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ます。



Staff

教授
重信 秀治

助教
野崎 友成

特任助教
Dolma Michellod

技術職員
大澤 園子

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 μ m。

アブラムシとブフネラの共生ゲノム学

「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。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（文献 8）。アブラムシは餌である植物の篩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。私たちはエンドウヒゲナガアブラムシとその共生細菌ブフネラの両方のゲノムを解読し（文献 2, 9）、栄養分のアブラムシ/ブフネラ間のギブアンドテイクの関係が遺伝子レパートリーの相補性という形で見事に表れていることなど、ゲノムレベルでの共生の理解を深めてきた。また、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 7）、BCR が抗菌活性を有することを明らかにした（文献 5）。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。

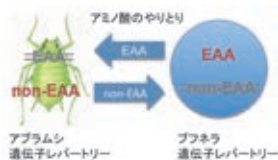


図 1. アミノ酸のアブラムシ / ブフネラ間のギブアンドテイクの関係が遺伝子レパートリーの相補性という形で表れている。
EAA: 必須アミノ酸、non-EAA: 可欠アミノ酸

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。私たちは 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、新規モデル昆虫の確立と研究パイプラインの構築を目指している。例えば、発光生物学のモデルとしてホタルを、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研究している。

私たちは、ヘイケボタルのゲノムを解読した（文献 6）。ホタルの発光は、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たが、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を明らかにした。

私たちは、遺伝子重複が社会性の進化にも重要な役割を果たしていることを見出した。シロアリはコロニーの中に、形態も役割も異なる個体、すなわち女王と王、兵隊、ワーカーが分業と協働を行い、コロニーの繁栄に寄与している。日本の在来種であるヤマトシロアリのゲノム解読とカースト別の大規模遺伝子発現解析より（文献 3）、重複した遺伝子群がカースト間で発現が異なる傾向があることがわかった。ゲノム上で隣接するよく似た遺伝子が、別のカーストで、例えば一方は女王で他方は兵隊で発現するような例が多数見つけた。そのような重複遺伝子の機能は多岐にわたるが、化学的コミュニケーション、社会的防衛、集団免疫など、特に社会性に関連する遺伝子が多く含まれていた。

社会性は昆虫の系統で繰り返し進化しており、アブラムシの中にも社会性を進化させた系統が知られている。新たな社会性昆虫のモデルとしてササコナフキツノアブラムシに注目し、その実験室培養系を確立した。まず、兵隊カーストにおける不妊制御について調べ（文献 4）、兵隊は完全に不妊であるにも関わらず一対の卵巣を持つのが小さく、胎生胚は十分に発達しないことがわかった。これは栄養細胞のアポトーシスや卵母細胞・胚のネクローシスによって制約されていることがわかった。ササコナフキツノアブラムシも他のアブラムシと同様に細胞内共生細菌を持っている。現在、共生と社会性の接点についても研究している。

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おり、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（文献 2）。

参考文献:

- Tan, K.X.Y., and Shigenobu, S. (2024). In vivo interference of pea aphid endosymbiont *Buchnera groEL* gene by synthetic peptide nucleic acids. *Sci. Rep.* 14, 5378.
- Shigenobu, S., and Yorimoto, S. (2022). Aphid hologenomics: current status and future challenges. *Curr. Opin. Insect Sci.* 50, 100882.
- Shigenobu, S., et al. (2022). Genomic and transcriptomic analyses of the subterranean termite *Reticulitermes speratus*: Gene duplication facilitates social evolution. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 119, e2110361119.
- Chung, C.-Y., Shigenobu, S. (2022). Reproductive constraint in the social aphid *Ceratovacuna japonica*: Sterility regulation in the soldier caste of a viviparous insect. *Insect Biochem. Mol. Biol.* 145, 103756.
- 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.
- Fallon, T.R. et al., (2018). Firefly genomes illuminate parallel origins of bioluminescence in beetles. *eLife* 7, e36495.
- Shigenobu, S., and Stern, D. (2013). Aphids evolved novel secreted proteins for symbiosis with bacterial endosymbiont. *Proc. Biol. Sci.* 280, 20121952.
- 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.
- 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



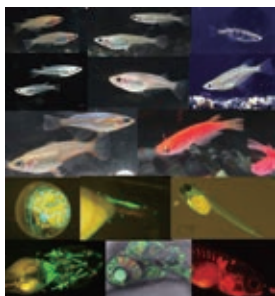
助教
野崎 友成



特任助教
Dolma Michellod



メダカバイオリソースプロジェクトの実施 バイオリソース研究室



メダカバイオリソースで維持・提供しているメダカ系統と近縁種

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種以上分布しています。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ました。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、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ます。さらに野生由来系統の全ゲノム解析、環境変化にともなう生体組織の発現遺伝子解析とメチローム解析、などゲノム情報等整備や生殖細胞移植の効率も高めるための基盤技術整備を実施しています。

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核機関であり、このプロジェクトを推進する中心研究室の役割を担っている。メダカバイオリソースプロジェクトでは突然変異体、遺伝子導入系統、近縁種等 600 を越える系統についてライブ及び凍結精子として保存し、リクエストに応じて提供をおこなっている。131 万を越える BAC/Fosmid/cDNA/EST クローンも保存・提供をおこなっている。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し、逆遺伝学的手法による解析の普及を推進している。さらに清須産野生メダカを用いた脊椎動物初の near isogenic 系統 (MIKK) を国際共同研究として樹立し、温度及び化学物質が心拍数に与える影響を指標として MIKK を用いて表現型多型のスクリーニングを行った。その結果、心拍数に影響を与える 10 をこえる QTL 遺伝子座を同定した。2022 年度には NBRP ゲノム情報等整備「メダカ野生由来系統のゲノム多型情報整備」が採択され、野生由来系統 100 系統を含む 130 系統の全ゲノム塩基配列を決定し、系統樹を作成した。その結果、ゲノム塩基配列系統樹とミトコンドリア塩基配列系統樹はほぼ一致していた。この情報により野生由来系統を用いた GWAS 解析を行うことが可能となった。またアミノ酸置換やストップ変位など、タンパク質機能に影響を与える塩基置換を検索できるサイトを公開した (<https://medakabase.nbrp.jp/viewer/Hd-rR/>)。2023 年度には NBRP ゲノム情報等整備「表現型可塑性を探るメダカゲノム基盤の整備」が採択され、d-rR/Tokyo 系統を用いて夏季と冬季、海水と淡水に適應した個体の組織の RNA-seq と EM-seq によるメチローム解析を雌雄別に行っている。このプロジェクトにより環境変化に伴う遺伝子発現とメチル化との関係を網羅的に検索できるデータベースの構

築を行う。2024 年度には基盤技術整備「メダカ生殖細胞移植技術の効率化・高度化」が採択されたことから生殖細胞移植における高効率なレシピエント系統の樹立と移植技術の高度化を実施している。

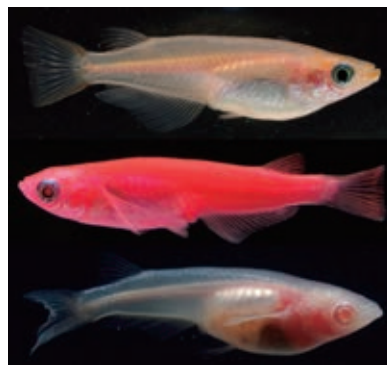


図1. メダカバイオリソースプロジェクトで提供しているメダカ系統近交系 Hd-rR1 (上段)、actin-DsRed 遺伝子導入系統 (中段)、透明メダカ Quintet (下段)。

参考文献:

1. Gierden, J., Welz, B., Fitzgerald, T., Thumberger, T., Agarwal, R., Hummel, O., Leger, A., Weber, P., Naruse, K., Hassel, D., Hübner, N., Birney, E., and Wittbrodt, J. (2025). Natural genetic variation quantitatively regulates heart rate and dimension. *Nature Comm.* 16, 4062.
2. Seleit, A., Brettell, I., Fitzgerald, Vibe, C., Loosli, F., Wittbrodt, J., Naruse, K., Birney, E., and Aulehla, A. (2024). Modular control of vertebrate axis segmentation in time and space. *The EMBO J.*, 43, 4068-4091.
3. Shinya, M., Kimura, T., and Naruse, K. (2023). High-speed system to generate congenic strains in medaka. *Genes Genet. Syst.* 98, 267-275.
4. Fitzgerald, T., Brettell, I., Leger, A., *et al.* (2022). The Medaka Inbred Kiyosu-Karlsruhe (MIKK) panel. *Genome Biol.* 23, 59.
5. Leger, A., Brettell, I., Monahan, J., *et al.* (2022). Genomic variations and epigenomic landscape of the Medaka Inbred Kiyosu-Karlsruhe (MIKK) panel. *Genome Biol.* 23, 58.

教授
東島 真一



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ります。併せて各種のオミクス関連データも蓄積し、それらがデータベースに蓄積されています。当研究室では、これらのデータベースを用いて、生物種横断的なゲノムの構築原理の解明を目指す研究を行っています。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、それらの比較解析を通じて、その間にみられるパターンの共通性と多様性を解析し、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しています。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ます。

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データベース MGD 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。

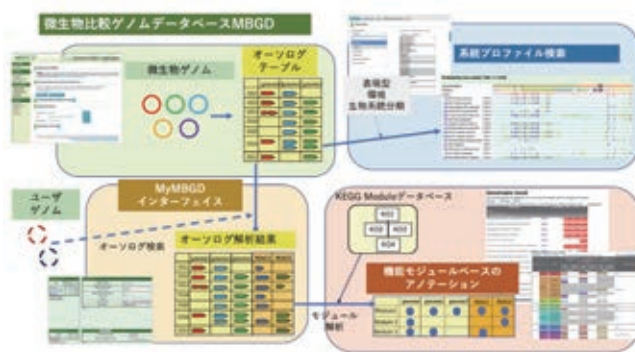


図 1. 微生物比較ゲノムデータベース MGD

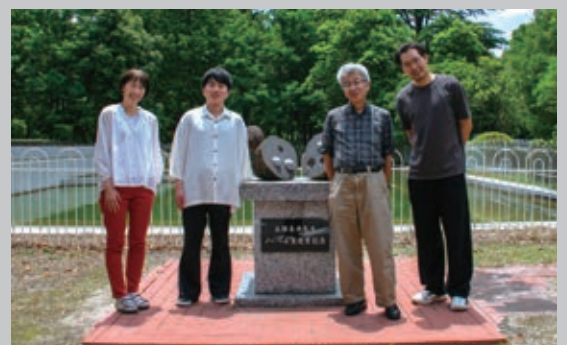
近縁ゲノムの比較解析

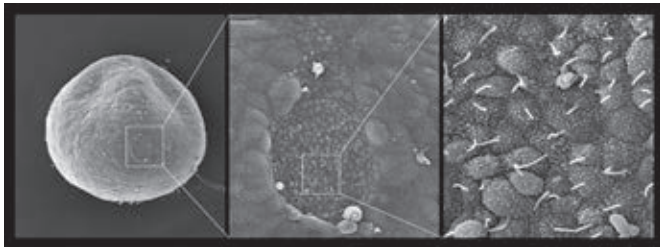
原核生物の進化においては、祖先から子孫へという垂直的な遺伝情報の流れに加えて、種を超えた水平的な遺伝情報の移動が本質的に重要な役割を果たしていることが知られており、病原性の理解などの応用面からも注目されている。しかし、こうした複雑な微生物のゲノム進化過程を包括して理解するための戦略はまだ確立していない。ゲノム進化過程の詳細な解析は、類縁度の高いゲノムを比較することによって可能になるので、MGD のデータを活用しつつ、近縁ゲノム比較解析の戦略確立に向けた研究を行っている。特に、ゲノムの垂直的な進化プロセスをまず明確にすることを目指して、近縁ゲノム間で遺伝子の並び順が保存された「コア構造」に着目し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

参考文献：

1. Uchiyama, I., Mihara, M., Nishide, H., Chiba, H., Takayanagi, M., Kawai, M., Takami, H. (2024). MGD: Microbial Genome Database for Comparative Analysis Featuring Enhanced Functionality to Characterize Gene and Genome Functions Through Large-scale Orthology Analysis. *J. Mol. Biol.* 437, 168957.
2. Uchiyama, I., Mihara, M., Nishide, H., Chiba, H., Kato, M. (2019). MGD update 2018: microbial genome database based on hierarchical orthology relations covering closely related and distantly related comparisons. *Nucleic Acids Res.* 47, D382-D389.
3. 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.
4. Chiba, H., Uchiyama, I. (2014). Improvement of domain-level ortholog clustering by optimizing domain-specific sum-of-pairs score. *BMC Bioinform.* 15, 148.
5. Uchiyama, I. (2008). Multiple genome alignment for identifying the core structure among moderately related microbial genomes. *BMC Genom.* 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である。ここには繊毛と呼ばれる長さ数マイクロメートルの小さな毛が生えているが、この繊毛は回転運動を行い、周囲に胚体の左に向かう水流を作る。この水流の向きが左右非対称な遺伝子発現のトリガーであることがわかっている一方、水流が運ぶ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、水流の人工的改変、超解像顕微鏡技術などの手法を用いてこの謎の解明に挑んでいる。現在は特に、繊毛の基部にある中心子と呼ばれる構造の極性がこの時期に左右非対称になる現象に注目している。

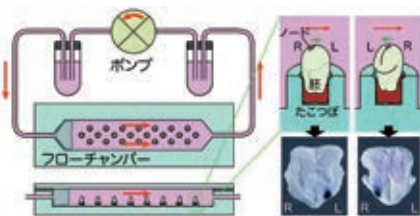


図1. 人工的に胚の左右を逆転させる実験

チャンバー内の「たこつば」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。

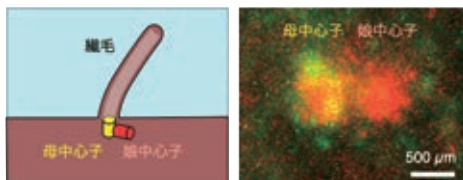


図2. 繊毛と母中心子

ノード繊毛の基部にはふたつの中心子があり、母中心子は文字通り繊毛の根っこに、娘中心子はその横に付随している。

光シート顕微鏡の提供

光シート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、高速かつ生体に優しいといった特徴がある。私達は光シート顕微鏡を日本に初めて導入し、現在は市販品および自作の高速な光シート顕微鏡を、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) の枠組みで全国の研究者の利用に供している。

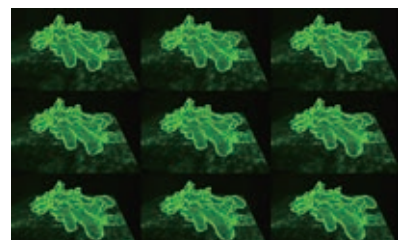


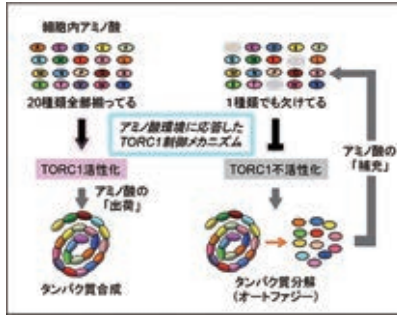
図3. 高速光シート顕微鏡にて撮影し3次元再構築したアメーバ運動の連続写真

参考文献:

1. Taniguchi, A., Nishigami, Y., Kajiura-Kobayashi, H., Takao, D., Tamaoki, D., Nakagaki, T., Nonaka, S., and Sonobe, S. (2023). Light-sheet microscopy reveals dorsoventral asymmetric membrane dynamics of *Amoeba proteus* during pressure-driven locomotion. *Biol. Open* 12, bio059671.
2. Ichikawa, T., Nakazato, K., Keller, P. J., Kajiura-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., Kajiura-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





細胞が栄養環境に適応して生きるためには、栄養のモニタリングが必須です。主要栄養源のひとつ、アミノ酸のモニタリングに関わるのがトア複合体1 (Tor complex 1, TORC1) です。TORC1 はアミノ酸シグナルに応答して活性制御を受けます。すなわち、富アミノ酸環境下ではTORC1 は活性化され、アミノ酸の「出荷」に相当するタンパク質合成を促進します。一方、アミノ酸欠乏環境下ではTORC1 は不活性化され、タンパク質合成を抑制し、タンパク質分解(オートファジー)を誘導してアミノ酸の「補充」を行います。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、アミノ酸シグナルによるTORC1 活性制御メカニズムを探究しています。

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、正常なタンパク質合成には、20種類のアミノ酸がすべて揃っているかどうかモニターすることが必要不可欠である。従って、細胞は全種類のアミノ酸を個別にモニターしなければならない。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、タンパク質翻訳に関わるアミノアシル-tRNA 合成酵素(ARS) や翻訳因子(eEF1A) がTORC1 活性制御因子として発見された。これら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 は不活性化されたのである。

ARS はアミノ酸をtRNA と結合させてアミノアシル-tRNA 合成する酵素であり、アミノアシル-tRNA はeEF1A 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モデルを提唱した。

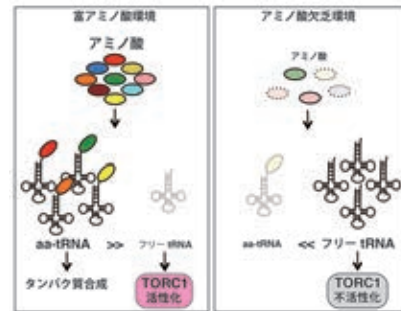


図1 (左) アミノ酸豊富な環境では、tRNA はアミノアシル化され、それらはeEF1A と結合し、タンパク質合成に使われるので、アミノアシル-tRNA はTORC1 を直接阻害しない。依ってTORC1 キナーゼ活性は高く保持される。(右) 一方、アミノ酸飢餓環境では、アミノアシル化されないフリー-tRNA が蓄積し、TORC1 を直接阻害する。

参考文献:

1. Fujita, Y., Namba, S., Kamada, Y., and Moriya, H. (2025). Impact of maximal overexpression of a non-toxic protein on yeast cell physiology. *eLife* 14, rp99572.
2. Kamada, Y., Umeda, C., Mukai, Y., Ohtsuka, H., Otsubo, Y., Yamashita, A., and Kosugi, T. (2024). Structure-based engineering of Tor complexes reveals that two types of yeast TORC1 produce distinct phenotypes. *J. Cell Sci.* 137, jcs261625.
3. Kamada, Y., Ando, R., Izawa, S., and Matsuura, A. (2023). Yeast Tor complex 1 phosphorylates eIF4E-binding protein, Caf20. *Genes Cells* 28, 789-799.
4. Tai, Y. T., Fukuda, T., Morozumi, Y., Hirai, H., Oda, A. H., Kamada, Y., Akikusa, Y., Kanki, T., Ohta, K., and Shiozaki, K. (2023). Fission yeast TORC1 promotes cell proliferation through Sfp1, a transcription factor involved in ribosome biogenesis. *Mol. Cell. Biol.* 43, 675-692.
5. Kamada, Y. (2017). Novel tRNA function in amino acid sensing of yeast Tor complex1. *Genes Cells* 22, 135-147.
6. 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



アサガオの多様性をゲノムで読み解く

分野横断研究ユニット(星野)



トランスポゾンが生み出したアサガオの多彩な形質

多彩な姿をもつアサガオは、日本で独自に発展してきた貴重なバイオリソースです。花や葉に現れる多様な形質を手がかりに、ゲノムの解読・比較・改変とトランスポゾンの研究を通じて、遺伝子の働きやその調節の仕組みを調べ、植物の形質が生じる分子基盤の理解を進めています。また、ナショナルバイオリソースプロジェクト・アサガオに参画し、遺伝資源の収集・保存・提供も行っています。

多彩な形質を生み出す遺伝子を探る

アサガオでは約200年前から、花や葉の色、模様、かたちなどに関わる多様な変異が出現してきた。それらの多くは、Tpn1ファミリーのトランスポゾン(動く遺伝子)による変異であることを明らかにしてきた。一方、系統間のゲノム多型は少なく、アサガオは比較的均一性の高いゲノムをもつ。この特徴を活用し、100以上の系統のゲノムを比較することで、変異の原因候補となる遺伝子を効率よく探索している。さらに、候補遺伝子をゲノム編集で改変し、原因遺伝子であることを検証するとともに、その機能解析を進めている。とくに、花や葉の形態や模様に関わる変異に着目し、多彩な形質が生じる仕組みの理解を目指している。

花の色と模様ができる仕組み

多彩な花の色は、色素の種類や量だけでなく、細胞内外のさまざまな要因によって決まる。アサガオの青色には、青く発色する色素の生合成と液胞内の酸性度調節が重要である。花色変異を利用し、色素の生合成や液胞機能について研究している。一方、アサガオの花の模様には、トランスポゾン、RNAサイレンシング、エピジェネティクスなどによる遺伝子発現制御に関わる。多様な模様を手がかりに、植物の遺伝子発現が調節される仕組みの理解を進めている。

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として、代表機関である九州大学と連携して事業を進めている。本ユニットでは、269の花色に関わる変異系統と、ゲノム編集された系統を含む194の形質転換系統を保存している。さらに、17万5千のESTクローンとBACクローン、花弁特異的発現ベクター、アサガオのトランスポゾンから開発されたメダカのトランス

ジェネシス用ベクターなどを保存し、国内外の研究者に提供している。また、ゲノム情報や遺伝子発現情報を収集・整備し、データベースとして公開することで、これからのアサガオ研究を支える基盤づくりを進めている。

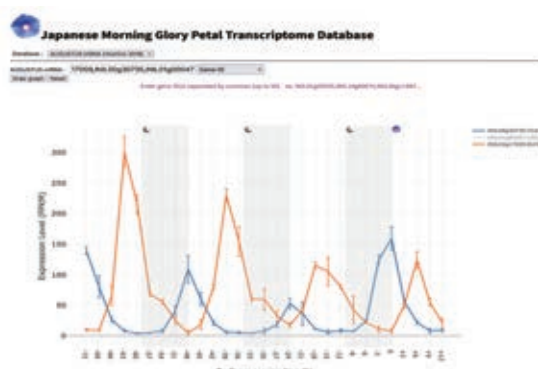


図1. アサガオの花弁における遺伝子発現データベース
開花3日前から開花後半日まで、3時間ごとに花弁で動く全遺伝子の発現量を解析し、データベース化した。例として、24時間周期で発現する2つの遺伝子を示している。

参考文献:

1. Nakagawa, S. *et al.* (2025). Transcriptomic dynamics of petal development in the one-day flower species, Japanese morning glory (*Ipomoea nil*). *Plant Cell Physiol.* 66, 1823–1838.
2. Waki, T. *et al.* (2020). A conserved strategy of chalcone isomerase-like protein to rectify promiscuous chalcone synthase specificity. *Nat. Commun.* 11, 870.
3. 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.
4. Hoshino, A. *et al.* (2016). Genome sequence and analysis of the Japanese morning glory *Ipomoea nil*. *Nat. Commun.* 7, 13295.
5. Morita, Y. *et al.* (2014). A chalcone isomerase-like protein enhances flavonoid production and flower pigmentation. *Plant J.* 78, 294–304.

助教
星野 敦





システム生物学的アプローチによる細胞モデリングでは、生体分子情報を基にして転写、代謝、シグナル伝達などの生命機能を数理モデル化し、複雑な細胞をシステムとして理解するための基盤を築いてきました。例えば、大腸菌やマイコプラズマなどの全細胞モデリングでは、多種多様な生体分子情報を反応速度式に変換してゲノム配列から表現型を予測し実証しました。しかし、細胞は単なる生物分子ネットワークの集合体ではなく、熱学・光学・流体力学・統計力学・量子生物学などから導き出された支配方程式と多様な物理パラメータも同時に内包しており、生体分子のネットワーク情報と相関を持つことで一つの生命システムとして成り立っています。本研究室では、細胞内で成り立つべき物理法則や支配方程式（熱伝導方程式や波動方程式など）に基づき、生命情報と物理情報を同時に取り扱うことのできる新しい細胞モデリングの手法を開発しています。

細胞内の物理プロセスも含めた細胞モデリング

システム生物学に基づいた細胞モデリングでは、生物学的なパラメータと分子反応ネットワークが主に注目されてきたが、我々は細胞という一つのシステムを現象論的視点から探究し、細胞内のミトコンドリア熱源の分布・温度分布・熱容量・熱伝導率・屈折率・散乱係数・粘性係数・流体の速度場などのマクロな物理情報も含めたより広範な視野で理解しようと試みている。

これまでの研究活動では、特に、光が細胞内を伝播するプロセスに焦点を当てて細胞モデリングを行ってきた。2022年の研究では、細胞内の屈折率乱流を表す光学フラクタルモデルを用いて、光学系における波動関数の「振幅」と「位相」の数学的相関を表す強度輸送方程式 (TIE) の再公式化を行った (文献1)。広範囲の波長領域において TIE を数値シミュレーションすることで、強度分布がどのようにしてフラクタル構造と相互作用して分散・減衰するのかを明らかにした (図1)。また、細胞内の位相分布と Whittle-Matern 光学相関を数学的に結び関数を導出することに成功し、蛍光画像から細胞内の屈折率ゆらぎ・フラクタル次元・散乱係数などの光学的特性を再構築することが可能になった。

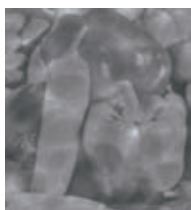


図1. 標準画像 "Pepper" からなる平面波 (波長 507 nm) が、TIE に従って細胞内の光学フラクタル構造を伝播するプロセスをシミュレーション実装した結果。

計算顕微鏡イメージング

細胞モデルが予測する生命現象 (または、細胞モデルに組み込まれた仮説) を実験的に検証するためのツールとして「生物画像シミュレーション」の実装にも取り組んでいる。これまでの研究活動では、蛍光イメージングによる画像生成の光

学プロセスをシミュレーション実装するための基盤を提供し、蛍光顕微鏡 (TIRFM) やレーザー走査型共焦点顕微鏡 (LSCM) などのシミュレーション・モジュールの実装をしてきた (文献4)。特に、2019年の研究では、遮光照明顕微鏡シミュレータを用いて一分子蛍光画像を生成し、実際の一分子蛍光画像とフォトンカウンティングの単位で直接比較 (図2) できるようにしてきた。また、一分子計測をする際に発生する非経験的な不確実性が、どのようにして細胞膜受容体の協同結合の識別に影響し、生物学的な意味の誤解釈に繋がるかを明らかにした (文献3)。

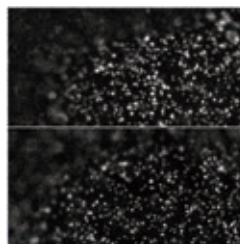


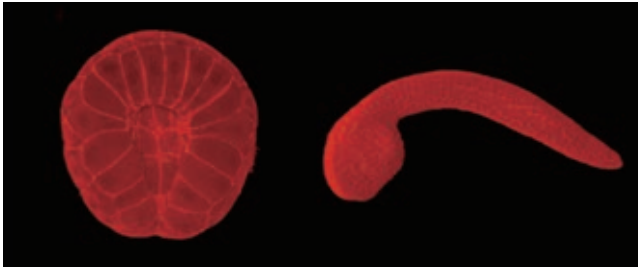
図2. 遮光照明顕微鏡による実際の一分子蛍光画像 (Hiroshima et al., PNAS 2012) (上図) と遮光照明顕微鏡シミュレーションによる一分子蛍光画像 (下図)。

参考文献:

1. Watabe, M., Hirano, Y., Iwane, A., Matoba, O., and Takahashi, K. (2023). Optical dispersions through intracellular inhomogeneities. *Phys. Rev. Research* 5, L022043.
2. Watabe, M., Arjunan, S.N.V., Chew, W.X., Kaizu, K., and Takahashi, K. (2019). Cooperativity transitions driven by higher-order oligomer formations in ligand-induced receptor dimerization. *Phys. Rev. E* 100, 062407.
3. Watabe, M., Arjunan, S.N.V., Chew, W.X., Kaizu, K., and Takahashi, K. (2019). Simulation of live-cell imaging system reveals hidden uncertainties in cooperative binding measurements. *Phys. Rev. E* 100, 010402.
4. Watabe, M., Arjunan, S.N.V., Fukushima, S., Iwamoto, K., Kozuka, J., Matsuoka, S., Shindo, Y., Ueda, M., and Takahashi, K. (2015). A Computational Framework for Bioimaging Simulation. *PLOS ONE* 10, e0130089.

特任准教授
渡部 匡己





カタユレイボヤの原腸胚と尾芽胚

脊索動物門(脊椎動物 + 尾索動物 + 頭索動物)の誕生

後口動物で脊索動物に近縁の動物群である棘皮動物、半索動物の幼生は繊毛を使って遊泳する、一方、脊索動物の幼生はオタマジャクシ型の幼生で筋肉を備えた尾を使って遊泳する。この脊索動物におけるオタマジャクシ型幼生の出現は、その後の脊椎動物の体制の進化を考えるうえで非常に重要なステップであったと考えられる。また、後口動物の脊索を持たない共通祖先の動物がどのように脊索形質を獲得したかを解き明かすことは、我々ヒトを含めた脊索動物誕生の分子的基盤を明らかにすることにつながると考えられる。

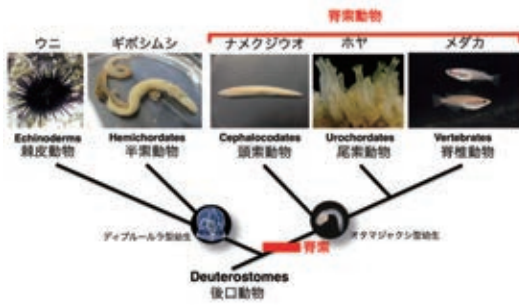


図1. 後口動物の系統関係

脊索形成の分子機構

脊索動物の脊索形成には T-box 転写因子である *Brachyury* が重要な役割を果たしている。しかし、*Brachyury* の役割は脊索形成に特化したものではなく、もともと原腸の陥入に関連した役割を持っていたものが、脊索動物の進化の際に脊索形成に関わったものと考えられている。これまでに尾索動物ホヤの *Brachyury* 下流遺伝子群を明らかにし、脊索遺伝子の機能解析と転写調節領域解析から脊索形成の分子機構について解析してきた。また、脊索動物で最も祖先的な形質を保持していると考えられる頭索動物ナメクジウオを用いた脊索形成の分子機構の研究を進めている。

我々ヒトを含めた脊索動物門に含まれる動物群(脊椎動物 + 尾索動物 + 頭索動物)の発生と進化の両面を理解する上で、脊索形成をモデルとしてその分子機構を明らかにする意義は大きい。脊索は脊椎動物体制における中軸器官であると同時に、脊索動物を特徴づける最も重要な形質です。したがって、脊索形成の分子メカニズムの解明は脊椎動物体制構築の解明につながると同時に、脊索動物進化のメカニズムの理解にも直結します。

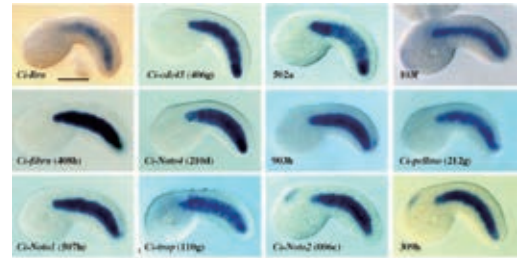


図2. ホヤの脊索細胞で発現する遺伝子群

脊索動物の進化発生研究の新展開

ホヤ(尾索動物)・ナメクジウオ(頭索動物)・ギボシムシ(半索動物)を用いた脊索動物の進化発生研究を進める上で、脊索動物に特徴的な形質である脊索・神経管・体節のシングルセル解析(単一細胞遺伝子解析)によって脊索動物の起源と進化を解き明かす新たな展開を試みている。

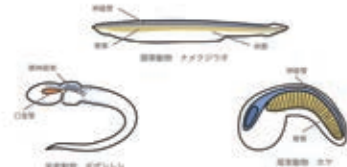


図3. 脊索動物の脊索・神経管・体節 / 半索動物の口盲管・襟神経索

参考文献:

1. Takahashi, H., Hisata, K., Iguchi, R., Kikuchi, S., Ogasawara, M., and Satoh, N. (2024). scRNA-seq analysis of cells comprising the amphioxus notochord. *Dev. Biol.* 508, 24-37.
2. 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.
3. Inoue, J., Yasuoka, Y., Takahashi, H., and Satoh, N. (2017). The chordate ancestor possessed a single copy of the *Brachyury* gene for notochord acquisition. *Zool. Lett.* 3, 4.
4. Sekiguchi, T., Kuwasako, K., Ogasawara, M., Takahashi, H., Matubara, S., Osugi, T., Muramatsu, I., Sasayama, Y., Suzuki, N., and Satake, H. (2016). Evidence for conservation of the calcitonin superfamily and activity-regulating mechanisms in the basal chordate *Branchiostoma floridae*: INSIGHT INTO THE MOLECULAR AND FUNCTIONAL EVOLUTION IN CHORDATES. *J. Biol. Chem.* 291, 2345-2356.

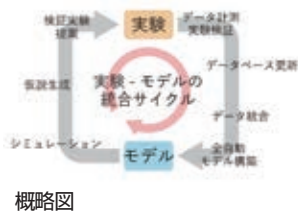
助教
高橋 弘樹



細胞まるごとモデルの構築と生命現象の定量的・包括的な理解

分野横断研究ユニット(井上)

細胞は周囲の環境変化に適応して生存するために、栄養源やストレスといった細胞外からの入力情報を感知し、それらに応答して細胞機能を発現することで細胞の恒常性を維持しています。分子生物学や生化学、細胞生物学の発展に伴い、細胞を構成する分子やそれらの相互作用の理解が進みました。しかし、これらの因子や相互作用がどのようにしてシステムとして協調し、細胞機能を創発しているのかという点については未解明の点が多く残されています。この問題に答えるためには、これまで得られた知見をコンピューター上で再構成し、細胞機能が再現するかどうかを調べることが理想的です。そこで、単細胞真核生物の分裂酵母を使い、情報伝達系、代謝、複製・転写・翻訳、細胞形態などを含む「細胞まるごとモデル」を構築することを目指します。モデルに必要な実験データ(タンパク質濃度、解離定数、拡散速度など)を計測し、シミュレーションに使用することで、定量的で予測可能な細胞まるごとモデリングを実装し、細胞機能の創発原理の演繹的な理解を目指します。



分裂酵母を用いた実験とモデリングのサイクル

「細胞まるごとモデル」を構築するためには、情報伝達・細胞周期、代謝、複製・転写・翻訳、細胞形態・細胞状態のモデリングと連関が必要である。マイコプラズマや大腸菌を対象とした原核生物における細胞まるごとモデルは報告されているが、真核生物の細胞まるごとモデルは依然として報告されていない。それは、細胞周期の非線形性、オルガネラ構造、エピジェネティクス、多細胞性などに起因する複雑さと実験データの不足による。そこで、我々は単細胞真核生物のモデル生物である分裂酵母 (*Schizosaccharomyces pombe*) を対象に、実験データの収集とモデル構築・連関を効率良くサイクルすることにより、真核生物における細胞まるごとモデルに挑戦する(概略図)。我々は主に実験データの取得と細胞まるごとモデルを用いた仮説検証を行い、細胞まるごとモデルの構築に関しては共同研究により実施する。

定量的な細胞周期モデルの構築

真核生物の細胞まるごとモデルの構築を妨げている要因の一つは、細胞周期の複雑性である。原核生物と異なり、真核生物では細胞周期が秩序だって進行し、それは多くのフィードバック反応を含む非線形なシステムによって成立していることが示唆されている。そこで、当面は分裂酵母の細胞周期を定量的に表現できるモデルを構築することを目指す。当研究室では細胞周期のキーレギュレーターである CDK や PKA の活性をバイオセンサーにより可視化するツールを開発している(文献 2, 4)(図 1)。さらに、細胞周期関連因子の細胞内濃度や解離定数、粘性を蛍光相関分光法(FCS)や蛍光相互相関分光法(FCCS)などにより定量化する技術

開発も行っている(文献 1, 3, 5)。これらの技術を用いて、細胞周期のモデル化に必要な実験データやパラメーター、さらに細胞形態(細胞長、体積、伸長速度、分裂時間、粘弾性等)をイメージングにより取得し、これらを含む数理モデル化を試みる。

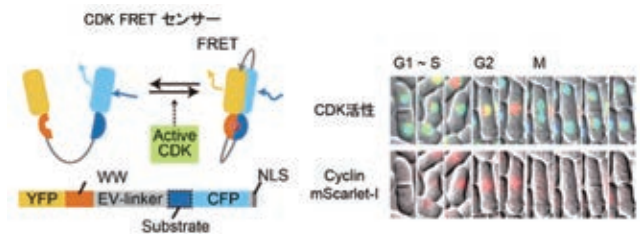


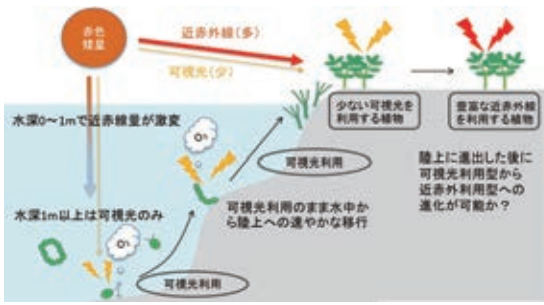
図 1. 分裂酵母における細胞周期関連因子の可視化
Cyclin-dependent kinase (CDK) 活性を可視化する FRET バイオセンサー(左)。CDK 活性(上段)と内在性の Cyclin(下段)の可視化。上段は寒色が低活性、暖色が高活性を示している。

参考文献:

1. Toyama, A., Goto, Y., Yamauchi, Y., Sugiyama, H., Kondo, Y., Mochizuki, A., and Aoki, K. (2025). Quantification of Cyclin-CDK dissociation constants in living cells using fluorescence cross-correlation spectroscopy with green and near-infrared fluorescent proteins. *J. Cell Sci.* 138, jcs263921.
2. Sakai, K., Aoki, K., and Goto, Y. (2024). Live-cell fluorescence imaging and optogenetic control of PKA kinase activity in fission yeast *Schizosaccharomyces pombe*. *Yeast* 41, 349-363.
3. Sakai, K., Kondo, Y., Goto, Y., and Aoki, K. (2024). Cytoplasmic fluidization contributes breaking spore dormancy in fission yeast. *Proc Natl Acad Sci USA.* 121, e2405553121.
4. Sugiyama, H., Goto, Y., Kondo, Y., Coudreuse, D., and Aoki, K. (2024). Live-cell imaging defines a threshold in CDK activity at the G2/M transition. *Dev. Cell* 59, 545-557.e4.
5. Sakai, K., Kondo, Y., Fujioka, H., Kamiya, M., Aoki, K., and Goto, Y. (2021). Near-infrared imaging in fission yeast using a genetically encoded phycocyanobilin biosynthesis system. *J. Cell Sci.* 134, jcs259315.

特任助教
井上 紘一





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ります。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ます。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します。

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。

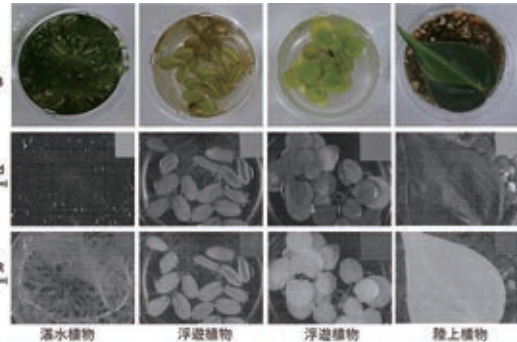


図2. 植物の形態と可視光・赤外線反射特性
潜水植物は近赤外線 (NIR) の反射が小さいが、浮遊植物では陸上植物と同等の強い反射光の観測が期待できる。

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。

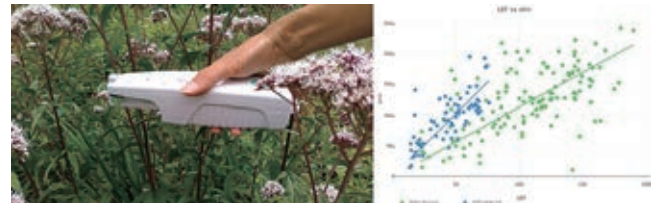


図3. 野外測定用分光光度計 (MultispeQ) による測定と解析例

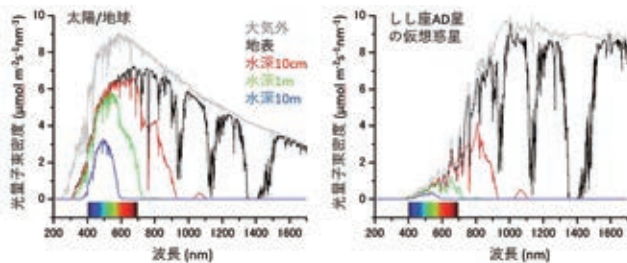


図1. 惑星表面と水中の光子束密度スペクトル
地球 (左) と仮想系外惑星 (右) の光環境を比較。しし座 AD 星の生命居住可能領域に地球と同じ惑星が存在する場合を想定した。

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事が可能であれば、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。

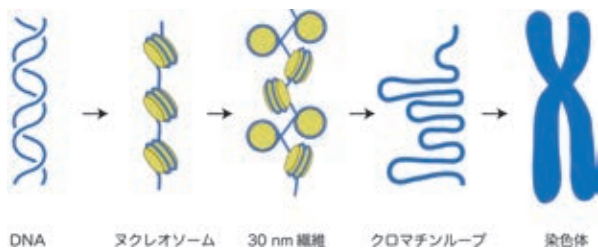
参考文献：

- Murakami, A., Komatsu, Y., and Takizawa, K. (2025). Remote Detection of Red Edge Spectral Characteristics in Floating Aquatic Vegetation. *Astrobiology* 25, 209-224.
- Murakami, A., Kim, E., Minagawa, J., and Takizawa, K. (2024). How much heat does non-photochemical quenching produce? *Front. Plant Sci.* 15, 1367795.
- 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



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ます。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ます。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ません。我々は出芽酵母を真核生物のモデル系として染色体構築機構と、その構造が生物機能のために果たす役割について研究しています。

染色体構造とゲノム安定性

分裂期の染色体を構成する主要な因子としてコンデンシンが知られています。私たちは出芽酵母を利用して、コンデンシンがどのようにして分裂期の凝縮した染色体形成と、ゲノムの安定性に貢献しているのかという問題に注目して研究しています。出芽酵母でコンデンシンに変異が生じると、リボソームRNA遺伝子(rDNA repeat)領域の分配到に異常が観られ、リピート構造が不安定化することがわかりました。これはリピート内でのDNA組換え現象が高頻度に生じることが原因でした。Rad52等の組換えに働くタンパク質はrDNAが在る核小体には侵入せず、それ故リピートの安定性が保たれているようですが、コンデンシンに変異が生じるとRad52が核小体に侵入する様子が観察されました。コンデンシンは必要以上に組換えシステムのrDNAへのアクセスを抑制することで、リピート構造の安定性の維持にも働いていると考えられます。

コンデンシンのクロマチンへの作用

出芽酵母では、大部分のコンデンシンが核小体に集中している様子が観察できます。核小体に局在するrDNAリピートの中の特定のDNA配列(RFB)にコンデンシンが結合することがわかりました。また、この結合に必要な複数のタンパク質を特定し、その結合機構と染色体構造形成での役割を研究しています。RFBを任意のゲノム上に挿入した場合でも、そこにコンデンシンが結合するようになることがわかりました。そこで、複数のRFBを染色体上に並べると、クロマチンを折り畳むことができるのか、その可能性を調べています。

プラズマが細胞に与える影響

プラズマは電離した気体で、反応性が非常に高い状態です。常温大気圧下でプラズマを発生させることが可能になり、農業・医療分野で広く応用が広がっています。私たちは酵母を

利用して、外界からのストレス源としてプラズマを利用することで、プラズマストレスを加えた時の細胞の応答システムについて研究しています。酵母細胞に直にプラズマ刺激を加えると、ほとんどの細胞が生育出来なくなりますが、幾つかの遺伝子の変化によって生育できるようになることがわかってきました。これらの遺伝子の役割と、それがプラズマ刺激に対する応答システムにどのように働いているのかに注目して研究を進めています。

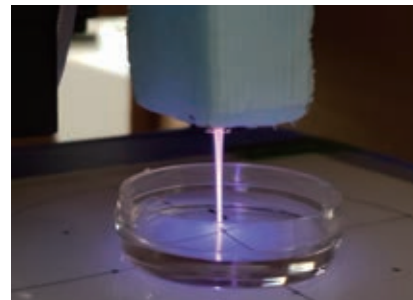


図1. 大気圧プラズマジェット照射実験の様子

酵母細胞の至適生育温度(30℃)でプラズマジェット流を直接細胞に照射することで、熱ショックを与えずにプラズマストレスだけを加える事ができます。

参考文献:

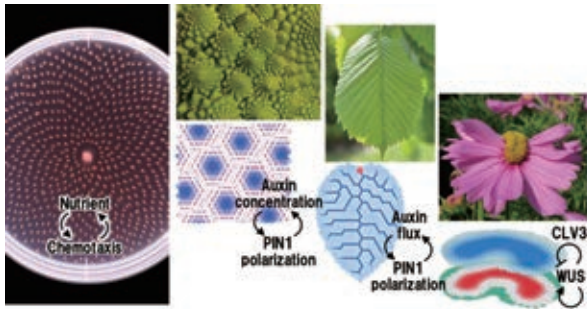
1. Johzuka, K., and Horiuchi, T. (2009). The cis element and factors required for condensin recruitment to chromosomes. *Mol. Cell* 34, 26-35.
2. Johzuka, K., and Horiuchi, T. (2007). RNA polymerase I transcription obstructs condensin association with 35S rRNA coding region and can cause contraction of long repeat in *Saccharomyces cerevisiae*. *Genes Cells* 12, 759-771.
3. 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.
4. Johzuka, K., and 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



自然科学研究機構
アストロ
バイオロジー
センター





自然界は様々な時空間構造に満ちており、これらは自己組織的な秩序創発により生み出されています。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ました。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、実験的手法と数理的手法の協働により理解することを目指しています。

細胞集団による時空間的自己組織化の創発

単細胞バクテリアである大腸菌は鞭毛を用いることにより水中を遊泳でき、栄養濃度の高い方に移動する性質（走化性）を持っている。この性質により、大腸菌は細胞集団として秩序だったコロニーパターンを形成することができる(上図左、図1)。このパターン形成に対して合成生物学的手法を適用することにより、よりダイナミックな時空間的自己組織化の創発を目指している。一例として、培地上を自由に徘徊する細胞集団 "大腸菌ナメクジ" の創出を試みている。

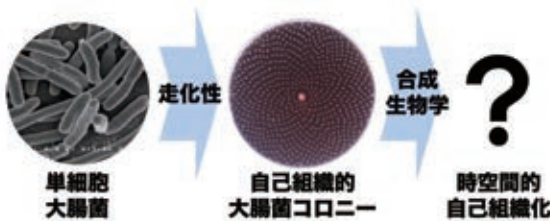


図1. 大腸菌細胞集団による自己組織的パターンの創発

植物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が、その代表的な例として植物の葉序が挙げられる。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(上図中左)。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る(上図中右、図2A)。これらパターンは、植物ホルモン Auxin とその膜輸送体 PIN1 との相互制御により自己組織的に形成されるが、興味深いことに葉序と葉脈とではその制御機構が異なっている(図2、文献1, 3, 4)。また、植物の地上部組織は、茎の先端にある分裂組織(SAM)により生み出されるが、SAMの制御異常により"帯化"のような地上部の奇形が引き起こされる(上図右)。SAM制御には、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れている(図2B、文献2, 4)。本研究室では、このような生命の自己組織的な秩序の形成・制御機構を理解することを目指している。

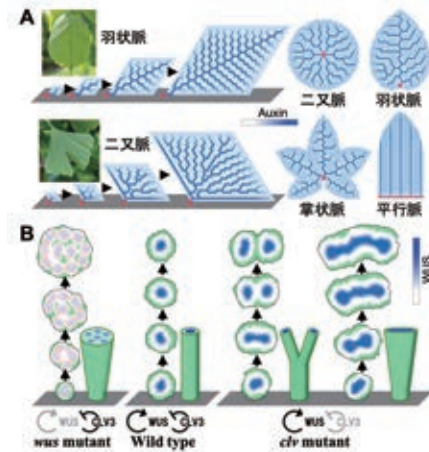


図2. 葉脈パターンと茎頂分裂組織(SAM)パターンの形成・制御。Auxin と PIN1 の相互制御の数値モデルにより多様な葉脈パターン(A)が、WUS と CLV3 の相互制御の数値モデルにより多様な茎頂分裂組織(SAM)パターン(B)が再現できる(文献1-4)。

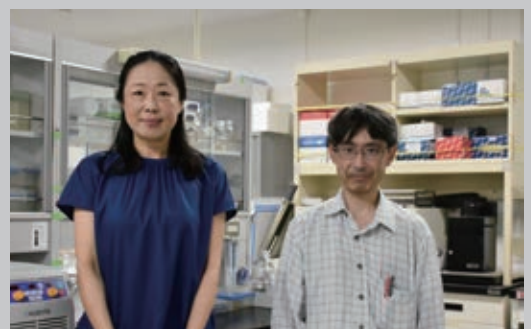
参考文献:

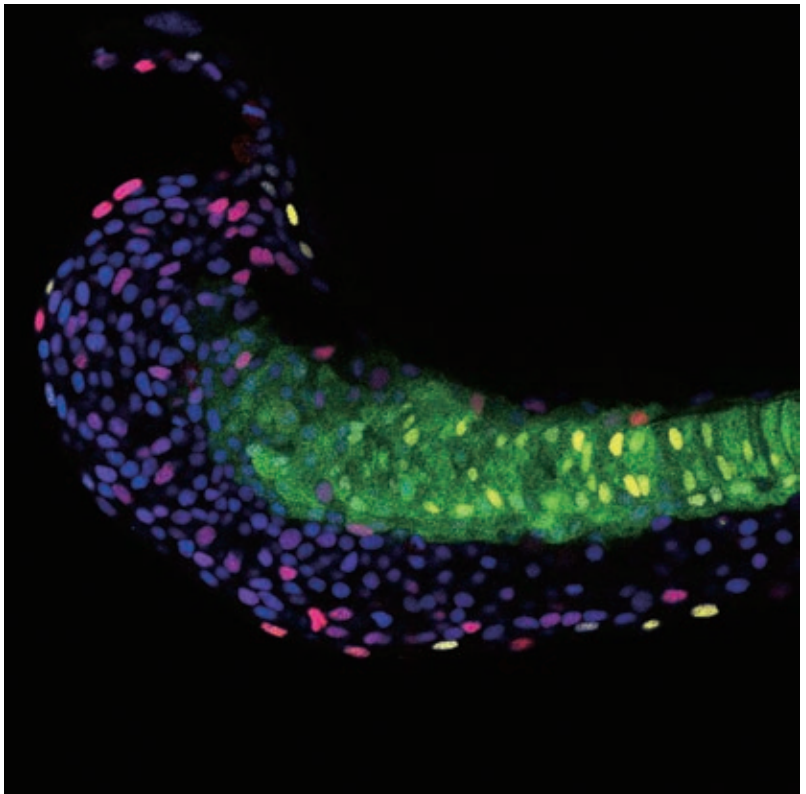
1. Fujita, H., and Kawaguchi, M. (2018). Spatial regularity control of phyllotaxis pattern generated by the mutual interaction between auxin and PIN1. *PLoS Comput. Biol.* 14, e1006065.
2. Fujita, H., Toyokura, K., Okada, K., and Kawaguchi, M. (2011). Reaction-diffusion pattern in shoot apical meristem of plants. *PLOS ONE* 6, e18243.
3. Fujita, H., and Mochizuki, A. (2006). The origin of the diversity of leaf venation pattern. *Dev. Dyn.* 235, 2710-2721.
4. 藤田浩徳 (2016). 細胞間シグナル分子を介した形態形成のコアクター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.

助教
藤田 浩徳



自然科学研究機構
アストロ
バイオロジー
センター





超階層生物学センター

基礎生物学研究所では、分子、遺伝子、高分子、細胞小器官、細胞、組織、器官、個体、個体群にいたる様々な階層に渡る生物現象を統合的に理解する「超階層生物学」を推進しています。超階層生物学研究を更に強化する組織として、超階層生物学センターを2022年度より設立しました。超階層生物学センターは、これまでの基礎生物学研究所内の生物機能解析センター、モデル生物研究センターおよび新規モデル生物研究センターを統合し、更に新たに設置したAI解析を担当する施設を加えた組織となっています。超階層生物学センターにおいては、モデル生物、新規モデル生物の様々な時空間スケールにわたる遺伝子データ、トランスオミクスデータ、バイオイメージングデータを統合解析する為に、従来の解析方法に加えAIを導入した人機共働による解析を強化し、新たなスタイルでの生物学研究を展開します。研究対象となる生物の飼育・育成に加え遺伝子改変などの研究技術の開発・研究支援を行う施設として「モデル生物研究支援室」および「新規モデル生物開発室」、様々な階層における多次元の遺伝子データ、トランスオミクスデータ、イメージングデータを統合的に解析する施設として「トランスオミクス解析室」、「バイオイメージング解析室」、「データ統合解析室」、「AI解析室」が活動しています。更に2024年度には生物個体の行動や挙動に基づきマクロスコピックな生物が織りなす社会の解析までを広く対象とする「生物社会学解析室」を設置しました。これらのセンター内7室が密に連携し、超階層生物学に関する共同研究を効率良く推進するために、「共同利用推進室」を設けています。また、「超階層生物学共同利用研究」の研究課題を公募し、共同利用推進室が中心となり超階層生物学センターが積極的に共同利用研究に関わる体制を整えています。センター内での設備、機器類に加え、それらを有効に活用する豊富な知識と経験に基づく支援、共同研究を強力に推進します。

階層を超えた生命現象の理解へ



センター長
教授
皆川 純



超階層生物学共同利用推進室

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

超階層生物学センターは遺伝子から高分子、細胞小器官、細胞、組織、器官、個体、そして個体群にいたる様々な階層の生命現象を統合的に理解するための機器や解析技術を提供する施設として2022年度に発足しました。一方で、センター各室が扱う技術範囲は広く、共同利用研究者の専門を超える技術的な原理を利用した機器や解析は馴染みが薄いことも多いため、超階層生物学共同利用推進室は、センター各室の垣根を越えた、専門性の高い機器の利用のコーディネーションを行っています。特に2022年度より開始した「超階層生物学共同利用研究」課題推進への重点的な支援に加え、様々な階層の解析を有機的に繋げた超階層生物学的な研究の展開への支援を、センター各室の共同利用課題においても行っています。さらに、超階層生物学に繋がる研究コミュニティの形成を視野に入れた研究会やシンポジウムの企画や開催支援、技術普及のためのトレーニングコースや技術セミナーなどのイベントもセンター各室と連携して数多く企画・実施しています。このように推進室は共同利用研究者に多面的な支援を提供することで基礎生物学分野における超階層生物学研究を強力に推進しています。

室長
RMC 教授
亀井 保博



教授 皆川 純	教授 藤森 俊彦
教授 新美 輝幸	教授 重信 秀治
教授 東島 眞一	准教授 内山 郁夫
准教授 渡辺 英治	



トランスオミクス解析室

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

トランスオミクス解析室は、遺伝子・タンパク質解析の共同研究拠点として分析機器の管理・運用を行っています。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 100 台にのぼる機器を備えています。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「統合ゲノミクス共同利用研究」を公募し、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ます。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ます。

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た。トランスオミクス解析室では、GridION(オックスフォード・ナノポア社)、Sequel IIe (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)などの次世代シーケンサーを共通機器として運用し、ライブラリ調製やデータ解析のための設備も整備している。共同利用研究の一環として「統



次世代 DNA シーケンサー

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。

2. プロテオミクス・メタボロミクス

質量分析はプロテオミクス・メタボロミクス解析の基盤技術である。トランスオミクス解析室では 3 台の質量分析装置、timsTOF fleX (ブルカー社)、Orbitrap Elite (サーモフィッシャーサイエンティフィック社) および TripleTOF 5600 (サイエックス社) を運用し、タンパク質・ペプチド、低分子化合物、ホルモンなど生体分子に合わせて最適化された測定方法を提供している。また、質量分析イメージング技術や、目的別測定方法の共同開発を推進し、所内外の幅広い「統合ゲノミクス共同利用研究」課題に活用されている。

3. その他

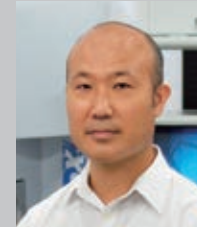
分光光度計、化学発光・蛍光画像解析装置、セルソーター、リアルタイム PCR、高速液体クロマトグラフ、ガスクロマトグラフ、超高速遠心機、プロテインシーケンサーなど、充実した分析機器を備えている。

主な機器：セルソーター (SONY SH800, BD FACSMelody); 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 (Applied Biosystems Arcturus XT); リアルタイム PCR (ABI7500, Thermo Fisher Scientific QuantStudio 3); 超遠心機 (Beckman XL-80XP)

室長
教授
重信 秀治



特任准教授
吉田 拓也



技術課技術職員
森 友子
牧野 由美子
山口 勝司
中野 朱莉

参考文献：

- Potente, G., Yasui, Y., Shimokawa, E., Jenkins, J., Walstead, R. N., Grimwood, J., Schmutz, J., Leebens-Mack, J., Bruna, T., Kaur, N., Lee, R., Zama, S., Tanaka, T., Umeya, Y., Kawamura, S., Yamato, K. T., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Shimamura, M., Kohchi, T., and Szövényi, P. (2025). Insights into convergent evolution of cosexuality in liverworts from the *Marchantia quadrata* genome. *Cell Rep.* 44, 115503.
- Fujino, T., Yamaguchi, K., Yokoyama, T. T., Hamanaka, T., Harazono, Y., Kamada, H., Kobayashi, W., Ujino-Ihara, T., Uchiyama, K., Matsumoto, A., Izuno, A., Tsumura, Y., Toyoda, A., Shigenobu, S., Moriguchi, Y., Ueno, S., and Kasahara, M. (2024). A chromosome-level genome assembly of a model conifer plant, the Japanese cedar, *Cryptomeria japonica* D. Don. *BMC Genom.* 25, 1039.
- Morita, S., Shibata, T. F., Nishiyama, T., Kobayashi, Y., Yamaguchi, K., Toga, K., Ohde, T., Gotoh, H., Kojima, T., Weber, J. N., Salvemini, M., Bino, T., Mase, M., Nakata, M., Mori, T., Mori, S., Cornette, R., Sakura, K., Lavine, L. C., Emlen, D. J., Niimi, T., and Shigenobu, S. (2023). The draft genome sequence of the Japanese rhinoceros beetle *Trypoxylus dichotomus septentrionalis* towards an understanding of horn formation. *Sci. Rep.* 13, 8735.
- Shigenobu, S., Hayashi, Y., Watanabe, D., Tokuda, G., Hojo, M. Y., Toga, K., Saiki, R., Yaguchi, H., Masuoka, Y., Suzuki, R., Suzuki, S., Kimura, M., Matsunami, M., Sugime, Y., Oguchi, K., Niimi, T., Gotoh, H., Hojo, M. K., Miyazaki, S., Toyoda, A., Miura, T., and Maekawa, K. (2022). Genomic and transcriptomic analyses of the subterranean termite *Reticulitermes speratus*: Gene duplication facilitates social evolution. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 119, e2110361119.
- Fallon, T. R., Lower, S. E., Chang, C.H., Bessho-Uehara, M., Martin, G. J., Bewick, A. J., Behringer, M., Debat, H. J., Wong, I., Day, J. C., Suvorov, A., Silva, C. J., Stanger-Hall, K. F., Hall, D. W., Schmitz, R. J., Nelson, D. R., Lewis, S. M., Shigenobu, S., Bybee, S. M., Larracuente, A. M., Oba, Y., and Weng, J.K. (2018). Firefly genomes illuminate parallel origins of bioluminescence in beetles. *eLife*, 7, e36495.



超階層生物学センター

バイオイメーシング解析室

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

バイオイメーシング解析室は、「光」をツールとする研究機器の管理・運営と、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います。「統合イメージング共同利用研究」、「大型スペクトログラフ共同利用研究」課題の支援を行っています。

主な機器：

1. 大型分光照射装置（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。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、生命体を受ける光を個体レベルに照射することができる。また、多波長で強力な単色光を同時に照射することが可能であるため、作用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」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. 顕微鏡等イメージング機器

バイオイメーシングに必要な顕微鏡類として、共焦点顕微鏡（13 台）、多光子顕微鏡（4 台）、走査型電子顕微鏡（SEM）、X 線 CT（2 台）、原子間力顕微鏡を設置し、また画像解析を行うための画像解析用ワークステーション（画像解析ソフトウェア）も取り揃えている。さらには高速で 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を操作するようなイメージング技術（次世代顕微鏡）も利用可能である。さらに、画像解析手法のオーダーメイド開発も実施することで共同利用や、先端バイオイメーシング支援（ABiS）を強力に推進している（図 2）。また、遠隔実験（オンラインミーティングを行いながらのイメージング実験）も新たに開始し、外部リモートアクセスによる画像解析ワークステーション利用も受け付けている。さらに、先端バイオイメーシング支援プラットフォーム（ABiS）と連携して顕微鏡技術や画像解析技術のトレーニングコースも毎年開催し、バイオイメーシング技術の普及にも力を入れている（図 3）。



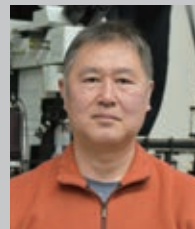
室長

RMC 教授
亀井 保博



准教授

野中 茂紀



RMC 助教

加藤 輝



特任准教授
甲本 真也



特任助教
林 健太郎



技術課技術職員

高木 知世
齋田 美佐子

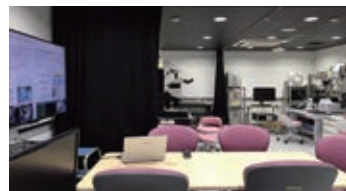


図 1. 大型スペクトログラフを使った魚類色覚実験（中央の赤色縞が回転し、魚が追従運動する様子を下側から撮像して解析）の見学



図 2. バイオイメーシング解析室のリーフレットならびに特殊な顕微鏡を使った共同利用研究の様子（右上ライトシート顕微鏡、右下 IR-LEGO 顕微鏡）

図 3. トレーニングコースにも利用できる顕微鏡室（B66 室）



データ統合解析室

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

データ統合解析室は、高性能の計算機を利用した大規模なデータ解析に基づく生物学研究の支援を行っています。ゲノムや遺伝子、タンパク質などの各種のオミクスデータベースや、配列解析、発現データ解析、画像処理などの各種の解析プログラムを用いて統合的な解析を行うための計算機環境を整備し、それらを駆使した解析プログラムの作成・実行から、解析結果のデータベース化やそれに基づく知識発見、成果の全世界に向けての公開までの一連の処理のサポートを行います。また、トランスオミクス解析室と共催でゲノムインフォマティクストレーニングコースを実施し、実験生物学者に向けたインフォマティクス技術の普及と計算機の活用促進を進めています。合わせて、所内の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ます。

1. 計算機環境の整備

岡崎共通研究施設計算科学研究センターと協力して、同センターの計算機システム上に分子生物学関連アプリケーションを整備し、基礎生物学分野の利用者向けに提供している。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, DIAMOND 等のデータベース検索アプリケーション、さらに検索対象となるデータベースなどについて最新版を維持し、利用者向けのサポートも行っている。また、独自のデータベースの構築を行うためのデータベースサーバと、サービスを外部に公開するための公開サーバも維持している。

2. ネットワークシステム

岡崎3機関で構成するORION 2022ネットワークシステムの保守、運用に携わっている。ORION2022ネットワークシステムは基幹に40~100Gbpsの帯域を有し、各室まで1~2.5Gbpsの情報コンセントを整備するとともに、岡崎3機関全所に無線アクセスポイ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フル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、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を行うとともに、Webサーバを始めとした公開サービス用のネットワークサーバの運用を通じて所外への情報発信にも貢献している。併せて、岡崎3機関や自然科学研究機構の指針に準じた、情報セキュリティに関する対応や啓蒙を行っている。

3. データベース

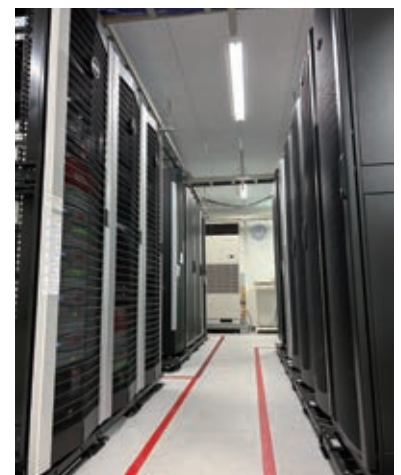
様々なモデル生物における遺伝子・タンパク質の配列や、画像・動画等を載せたデータベースを、所内外の研究者と共同で構築している。データベースはWebで公開され、毎月数千~数万件のアクセスがあり、国内外の研究者に幅広く利用されている。

- ・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
- ・DB-HABs 有害赤塩藻類データベース
- ・ChaetoBase ツノケイソウゲノムデータベース

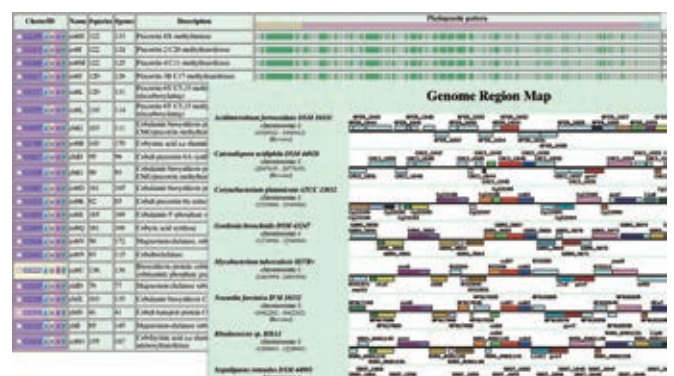
室長
准教授
内山 郁夫



技術課技術職員
西出 浩世
中村 貴宣
杉浦 宏樹



データ統合解析室 マシンルーム



微生物比較ゲノムデータベース MBGD



超階層生物学センター

モデル生物研究支援室

モデル生物研究支援室は、生物学研究の基盤となる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います。モデル動物研究支援施設、モデル植物研究支援施設、器官培養研究支援施設を備えています。また、基礎生物学研究所では、ナショナルバイオリソースプロジェクト・メダカ（中核機関）、ゼブラフィッシュ（分担機関）、アサガオ（分担機関）を推進しており、モデル生物研究支援室で飼育、栽培された突然変異系統や形質転換系統、各種 DNA クローンが国内外の研究者に提供されています。

室長
教授
藤森 俊彦



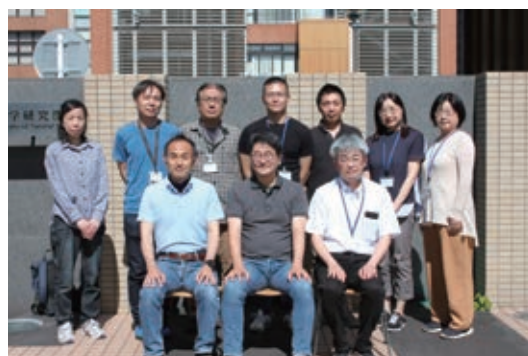
助教
作田 拓



助教
星野 敦



技術課技術職員
諸岡 直樹
竹内 靖
野口 裕司



モデル動物研究支援施設 <https://www.nibb.ac.jp/~transgen/>

モデル動物研究支援施設は、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。山手地区では、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、遺伝子組換え実験室を備える。ゲノム編集マウスなどの遺伝子操作マウスの開発・飼育維持・解析とともに、系統保存を行っている。また、小型魚類を用いた実験と飼育のため、照明と温度が制御できる自動循環水槽や検疫室を設置している。

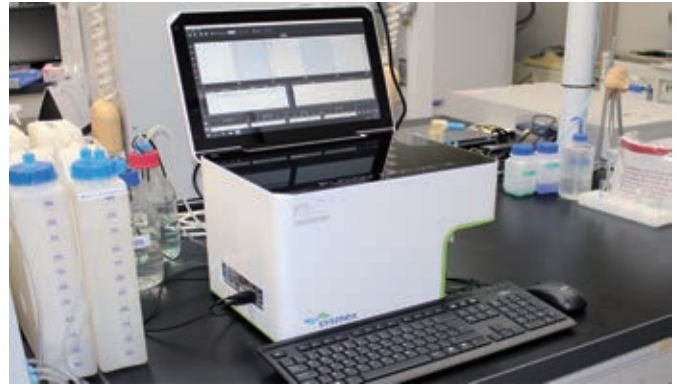


モデル動物研究支援室（山手地区）

モデル植物研究支援施設

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

モデル植物研究支援施設は明大寺地区にあり、植物の育成と、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、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。さらに、クロロフィル蛍光測定装置、倍数性やゲノムサイズの解析装置などの機器も備えており、共同利用研究でも利用が可能である。



モデル植物研究支援施設（明大寺地区）

器官培養研究支援施設

器官培養研究支援施設では、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る。



器官培養研究支援施設（明大寺地区、山手地区）

超階層生物学センター

新規モデル生物開発室

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

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。

前身の組織である新規モデル生物開発センターにおいて、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について新たな研究モデルとしての確立に取り組んできた。現在、新規モデル生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、「新規モデル生物開発共同利用研究」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。

室長
教授
新美 輝幸



教授
重信 秀治



特任准教授
鈴木 賢一



AI 解析室は、深層学習や機械学習など一連の AI 解析によって、生物学研究の支援を行います。AI 解析を活用した研究プランのコンサルティング、AI プログラムや GPU ワークステーションの支援など、研究プロジェクトの一連の過程が対象となります。

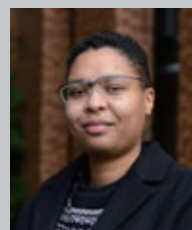
AI 解析は、これまで人の手だけでは乗り越えることが困難であった領域を切り拓きつつあります。最近では、必ずしもビッグデータだけが AI 解析の対象ではなく、比較的小規模なデータも取り扱えるようになってきております。また、計算機資源や AI ライブラリーの充実もあって、AI 導入の垣根は大きく下がっています。ぜひ積極的な AI 技術の活用をご検討ください。動植物のビデオ画像、細胞などの顕微鏡画像、オミクスデータなど、どのようなデジタルデータであったとしても AI 解析の対象となります。基礎生物学研究所の他の施設と連携した共同利用研究も大歓迎です。



室長
准教授
渡辺 英治



特任准教授
Lana Sinapayen



生き物は他の生物個体との相互作用をしながら生活しています。一つの生物個体を考えても、その生き物の表面や体の中には多くの微生物が生息しており、共生や寄生といった利害を伴う相互作用の中で生活しています。また、生殖は同種他個体との関係によって成立します。更に、動物と植物、微生物など種間での多様な相互作用は、生物の社会とも呼ぶべき複雑なネットワークである生態系を形成しています。生物社会学解析室では、このようなマクロスコピックな生物が織りなす社会を対象とし、生物個体の行動や挙動に基づいた解析を行う研究を推進します。対象とする生物社会に合わせた新規行動実験系の構築やデータ取得、AIを活用した行動追跡やデータ解析などを支援します。また、TSBセンター内での他の室との協力により、生物社会を可能とする分子、遺伝子、高分子、細胞などのミクロな階層でみられる機構の解明を目標とします。基礎生物学研究所内に限らず広く、生物の社会を研究する研究者との共同研究により、マクロレベルで見られる生物現象をよりミクロな階層から深く理解できることを目指します。

室長
教授
東島 真一

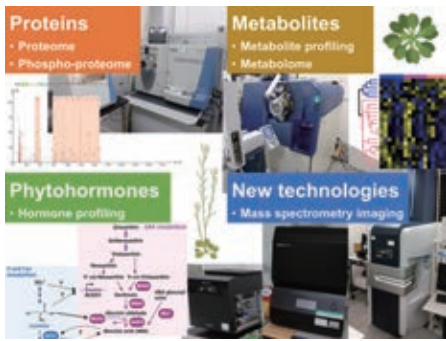
特任准教授
河野 大輝



セイヨウミツバチの女王蜂を取り囲む働き蜂



Odontotermes formosanus on fungus garden 菌園上でキノコを栽培する台湾シロアリ



質量分析を利用したオミクス解析を通じて植物ホルモン応答の全体像を解明する

植物の生長・発達・ストレス応答は、光、温度、水などの周囲の環境からの刺激と植物体内のシグナルとの調和によって適切に調整されています。植物ホルモンは生長やストレス応答を制御する司令塔としての機能を有しており、その受容・シグナル伝達機構が分子レベルで明らかにされ、各シグナル伝達経路で機能する転写因子などの機能解析が進められています。しかし、細胞内の多数の生体分子（タンパク質、アミノ酸、etc.）の量的および質的变化についてはよく分かっていません。そこで、タンパク質や代謝産物を網羅的に測定するオミクス解析（プロテオーム解析／メタボローム解析）の手法を用いることで、植物ホルモン応答の全体像を明らかにします。また、これらの手法の要（かなめ）である質量分析について、新規技術の開発に取り組んでいます。

植物ホルモンと生長・発達・ストレス応答

内在性の微量シグナル分子である植物ホルモンは、植物の生長・発達・ストレス応答を制御する司令塔として機能している。例えば、アブシシン酸（ABA）は土壌の乾燥や湿度の低下時に細胞内に蓄積し、遺伝子発現や気孔閉鎖を誘導し、生長とストレス応答の最適化に寄与する。モデル植物シロイヌナズナを中心とした遺伝学および分子生物学的研究から、植物ホルモンの受容・シグナル伝達の分子機構が明らかにされ、植物ホルモン応答性遺伝子やそれらを制御する転写因子が同定されてきた。しかし、タンパク質や代謝産物など異なる階層の生体分子についての知見は少ない。私たちはプロテオーム解析やメタボローム解析などのオミクス解析の手法を通じて、植物ホルモン応答の全体像の解明を目指している。

生長とストレス応答のバランス

生長とストレス応答のバランスが適切に保たれている一例を示す。植物は SnRK2 と呼ばれる一群のタンパク質リン酸化酵素を持ち、シロイヌナズナゲノムには 10 個の SnRK2 遺伝子が存在する。そのうち 9 個の SnRK2 リン酸化酵素は浸透圧ストレスにより活性化され、さらにそのうち 3 個は ABA により強く活性化を受ける。これら SnRK2 リン酸化酵素は浸透圧ストレス応答や ABA シグナル伝達経

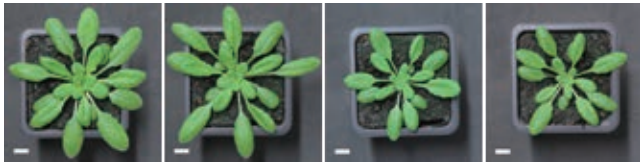


図 1. シロイヌナズナ *snrk2* 多重変異体の生育表現型

シロイヌナズナを通常の光（短日）、温度、給水条件下で 5 週間生育させた。野生型植物（左）と比較して、*snrk2* 欠損遺伝子の数や組み合わせをかえると植物体が小さくなる変異体が現れる（右 3 枚）。スケールバー＝1 cm。



特任准教授
吉田 拓也

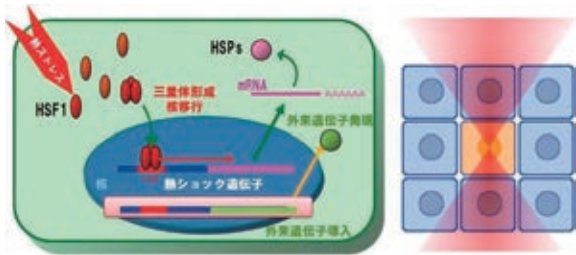
路で重複した機能を持つことが実験的に証明されている。興味深いことに、給水が十分されている通常の生育条件下でも、シロイヌナズナの *snrk2* 多重変異体は植物体が小さくなる（図 1）。この結果は生長とストレス応答が切り離すことができないことを示唆しているが、これらをつなぐ鍵因子については未だ明らかにされていない。

ABA が関与する一次代謝

乾燥などの環境ストレスによって細胞内に蓄積する ABA は、どのように植物の生長に関与しているのだろうか？その問いを明らかにするため、生長と密接に関わる一次代謝に着目し、質量分析に基づく代謝プロファイリング解析をおこなった。これまで、ABA 受容体 RCAR（別名 PYR1 または PYL）、共受容体 PP2C タンパク質脱リン酸化酵素、および ABA 活性化型 SnRK2 タンパク質リン酸化酵素について、過剰発現体や変異体を用いて解析を進め、ABA シグナル伝達経路が植物の一次代謝に関与していることを明らかにした。さらに、トランスクリプトーム解析やプロテオーム解析の結果と組み合わせることで、標的遺伝子およびタンパク質の絞り込みに成功した。ABA による代謝制御機構の解明を目指し、現在、これら候補遺伝子・タンパク質の機能解析に取り組んでいる。また、植物ホルモンシグナル伝達に関わる新規因子の探索に向けて、オミクスデータと機械学習を組み合わせた解析手法の導入も進めている。

参考文献：

1. Yoshida, T., and Fernie, A.R. (2025). The protein phosphatases of abscisic acid coreceptors mediate carbon metabolism in *Arabidopsis*. *Theor. Exp. Plant Physiol.* 37, 15.
2. Yoshida, T., Mergner, J., Yang, Z., Liu, J., Kuster, B., Fernie, A.R., and Grill, E. (2024). Integrating multi-omics data reveals energy and stress signaling activated by abscisic acid in *Arabidopsis*. *Plant J.* 119, 1112–1133.
3. Yoshida, T., Obata, T., Feil, R., Lunn, J.E., Fujita, Y., Yamaguchi-Shinozaki, K., and Fernie, A.R. (2019). The Role of Abscisic Acid Signaling in Maintaining the Metabolic Balance Required for *Arabidopsis* Growth under Nonstress Conditions. *Plant Cell* 31, 84–105.
4. Yoshida, T., Anjos, L.D., Medeiros, D.B., Araújo, W.L., Fernie, A.R., and Daloso, D.M. (2019). Insights into ABA-mediated regulation of guard cell primary metabolism revealed by systems biology approaches. *Prog. Biophys. Mol. Biol.* 146, 37–49.
5. Yoshida, T., Christmann, A., Yamaguchi-Shinozaki, K., Grill, E., and Fernie, A.R. (2019). Revisiting the Basal Role of ABA - Roles Outside of Stress. *Trends Plant Sci.* 24, 625–635.



左図：細胞の熱ショックストレス応答機構
右図：生体内単一細胞へのレーザー照射のイメージ

熱・温度は生命現象と密接な関係を持つ重要な要素です。当研究グループでは、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ます。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ります。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ます。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ます。

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。

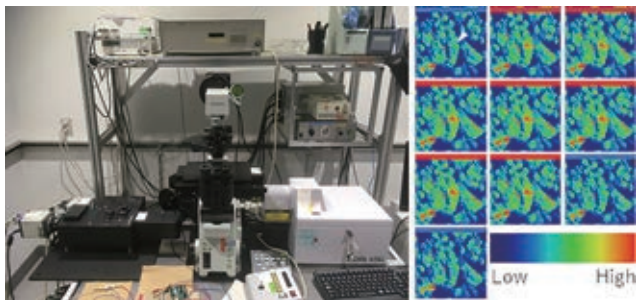


図 1. 生体物質の熱物性解析のための顕微鏡システム
赤外レーザーを照射しながら、標的細胞の温度計測を行う。最高で約 1000 fps でのイメージングを行うことができる。

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：

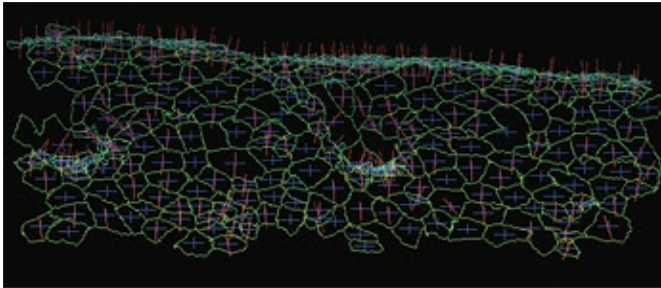
1. Tomoi, T., Yoshida, Y., Ohe, S., Kabeya, Y., Hasebe, M., Morohoshi, T., Murata, T., Sakamoto, J., Tamada, Y., and Kamei, Y. (2024). Infrared laser-induced gene expression in single cells characterized by quantitative imaging in *Physcomitrium patens*. *Commun. Biol.* 7, 1448.
2. Lu, K., Wazawa, T., Sakamoto, J., Quang, C., Nakano, M., Kamei, Y., and Nagai, T. (2022). Intracellular Heat Transfer and Thermal Property Revealed by Kiloherz Temperature Imaging with a Genetically Encoded Nanothermometer. *Nano Letters* 22, 5698-5707.
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.



RMC 教授
亀井 保博



特任助教
林 健太郎



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観察画像から、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顕微鏡観察画像から、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、この種の単純な幾何特徴による表現系の記述法を組織、細胞内小器官、さらには個体の外形態

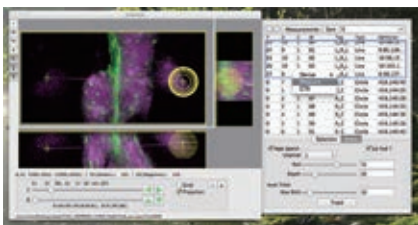


図1. 4D顕微鏡観察画像スタックの表示・定量ソフトウェア「mq」目視により形態的な特徴ならびに輝度情報の時系列データを容易に抽出する事ができる。



RMC 助教
加藤 輝

生命現象は顕微鏡観察法などにより画像データとして取得される事例が多くあります。これらの画像から、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ます。そして、開発した技法を用いて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ます。

といった幅広い観察対象に適用することで、様々な生命現象の定量的解析を実施している。

また、時系列において不定形かつ出沒や交差、分裂、融合等を繰り返すことのできる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)。

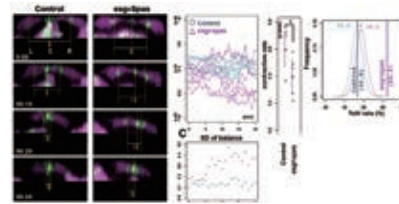
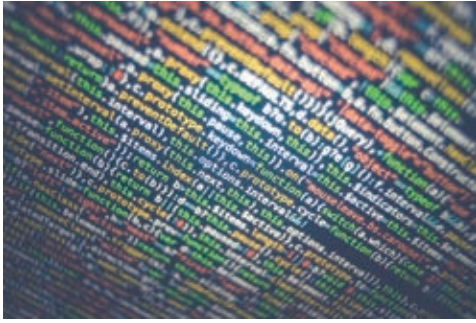


図2. アプリケーション「mq」の適用例
抽出した形態特徴量を定量的に解析、注目する変異型における微小な表現系の差を求めた。

参考文献:

1. Yeki, S., Kato, K., Morita, S., Shimomura, K., Niimi, T., Hinomoto, N., Daimon, T., and Ando, T. (2026). Sex-Specific doublesex Regulation Targeting the Color-Patterning Gene *h* Underlies the Evolution of Wing Sexual Dimorphism in the Harlequin Ladybug *Harmonia axyridis*. *Evol. Dev.* 28, e70028.
2. Takami, N., Kato, K., Yoshihi, K., Kawamura, A., Iida, H., and Kondoh, H. (2025). The potent neuroepithelium-promoting activity of *Otx2* during gastrulation, as demonstrated by its exogenous epiblast-wide expression in chicken embryos. *Front. Cell Dev. Biol.* 13, 1599287.
3. Nakamura, K., Watanabe, Y., Boitet, C., Satake, S., Iida, H., Yoshihi, K., Ishii, Y., Kato, K., Kondoh, H. (2023). Wnt signal-dependent antero-posterior specification of early-stage CNS primordia modeled in EpiSC-derived neural stem cells. *Front. Cell Dev. Biol.* 11, 1260528.
4. Nishimura, R., Kato, K., Saida, M., Kamei, Y., Takeda, M., Miyoshi, H., Yamagata, Y., Amano, Y., Yonemura, S. (2022). Appropriate tension sensitivity of α -catenin ensures rounding morphogenesis of epithelial spheroids. *Cell Struct. Funct.* 47, 55-73.
5. Kawano, K., Kato, K., Sugioka, T., Kimura, Y., Tanimoto, M., and Higashijima, S. (2022). Long descending commissural V0v neurons ensure coordinated swimming movements along the body axis in larval zebrafish. *Sci. Rep.* 12, 4348.
6. Yoshihi, K., Kato, K., Iida, H., Teramoto, M., Kawamura, A., Watanabe, Y., Nunome, M., Nakano, M., Matsuda, Y., Sato, Y., Mizuno, H., Iwasato, T., Ishii, Y., and Kondoh, H. (2022). Live imaging of avian epiblast and anterior mesendoderm grafting reveals the complexity of cell dynamics during early brain development. *Development* 149, dev199999.



Understanding the differences between Life and non-Life using bottom up approaches is the goal of my research field, Artificial Life. I try to achieve this goal by using both AI-based and purely statistical tools that can be applied to either synthetic or natural data (also called “substrate-agnostic” tools). We only know one example of Life, a serious limitation for any scientific study. Overcoming this issue could come through (1) the search for other forms of Life with an independent origin from our own or (2) the fully artificial creation of a different form of Life, in simulation or in vitro. Two of my research topics are therefore **Astrobiology** and **Open Ended Evolution**.

Astrobiology

Our search for Life in the Universe is necessarily biased by our knowledge of the biology of Earth-based Life. Agnostic biosignatures, signs of Life that do not rely on biological expectations, are one way to sidestep these biases. In 2022, I co-authored a proposal [3] for a new kind of agnostic biosignature: a complexity-based method to find signs of Life in the universe.

We showed that a measure of the complexity of electromagnetic time-series data from real and simulated planets is correlated to the diversity of the type of surfaces on that planet. The patterns of light from a distant planet, even when the planet is so far that its size is reduced to one pixel, can tell us if that planet has a combination of various types of surfaces (in the case of Earth, oceans, forests, clouds, deserts...).

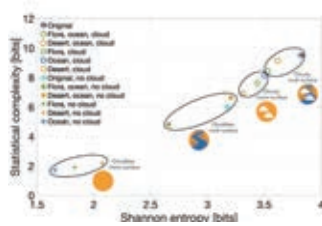


Figure 1. The diversity of surfaces of a planet can be approximated by the statistical complexity and the Shannon entropy of the electromagnetic time series from that planet, even at large distances. From [3].

In 2024, I co-authored a preprint [1] proposing a different kind of agnostic biosignature. In simulation, we showed that if life was spreading through the universe by panspermia and terraformation, under some conditions we would be able to detect those terraformed planets with high accuracy, purely based on statistical measures and without needing a chemically defined biosignature.

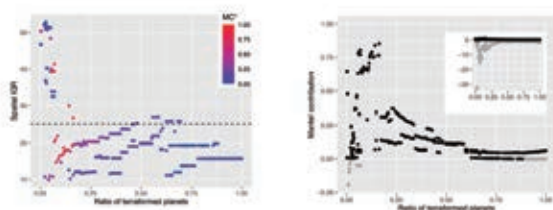


Figure 2. These figures represent two selection criteria that, combined, allow us to detect terraformed planets in a simulated space with high accuracy and no false positives.



特任准教授
Lana Sinapayen

Open Ended Evolution

Living systems, including individuals but also societies and their technological advances, are the only known examples of systems that seem to evolve towards ever more complexity and novelty. This property is called Open Ended Evolution. To understand Open Ended Evolution, I find it necessary to study both the origins of life [4] and its dynamics through time. I currently research these areas through evolutionary simulations. In 2023, I published a paper demonstrating exponential genetic drift in an AI-based cellular automaton [2], a first step towards Open Ended Evolution in a fully synthetic system.

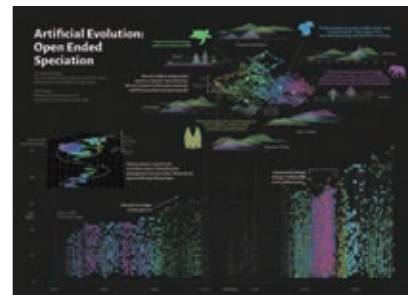


Figure 3. Analysis of multi-agent simulation showing the emergence of different species over time. Unpublished.

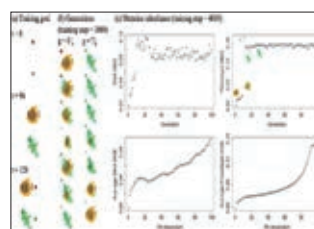


Figure 4. A cellular automaton where generations exponentially diverge both genetically and phenotypically. From [4].

参考文献：

- Smith, H. B., and Sinapayen, L. (2024). An Agnostic Biosignature Based on Modeling Panspermia and Terraformation. arXiv preprint arXiv:2403.14195.
- Sinapayen, L. (2023). Self-Replication, Spontaneous Mutations, and Exponential Genetic Drift in Neural Cellular Automata. *ALife* 2023.
- Bartlett, S., Li, J., Gu, L., Sinapayen, L., Fan, S., Natraj, V., Jiang, J. H., Crisp, D., and Yung, Y. L. (2022). Assessing planetary complexity and potential agnostic biosignatures using epsilon machines. *Nat. Astron.* 6, 387-392.
- Scharf, C., Virgo, N., Cleaves, H. J., Aono, M., Aubert-Kato, N., Aydinoglu, A., Barahona, A., Barge, L., Benner, S., Biehl, M., Brasser, R., Butch, C., Chandru, K., Cronin, L., Danielache, S., Fischer, J., Hernlund, J., Hut, P., Ikegami, T., Kimura, J., Kobayashi, K., Mariscal, C., McGlynn, S., Menard, B., Packard, N., Pascal, R., Pereto, J., Rajamani, S., Sinapayen, L., Smith, E., Switzer, C., Takai, K., Tian, F., Ueno, Y., Voytek, M., Witkowski, O., and Yabuta, H. (2015). A strategy for origins of life research. *Astrobiology* 15, 1031-1042.

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ています。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) に関する研究を行なっています。



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ある。

新規モデル生物開発室 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った。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った。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るだろう。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る。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たが、現在では理論上全ての生物への適応が可能となっている。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ている。

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る。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る。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る。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る。

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ある。無尾両生類のオタマジャクシは水生であり、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る。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る。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タイツメガエルのゲノム配列が解読された今もなお、明らかになっていない。

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る。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ある。細胞の脱分化と組織の再パターン化が大きな

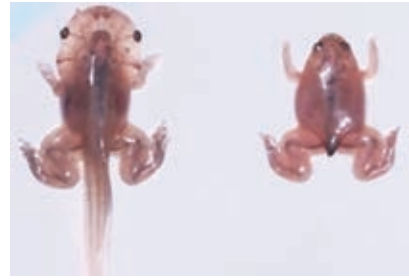


図1. ネッタイツメガエルのメタモルフォーゼ。約一週間でオタマジャクシからカエルへと華麗に変身。

鍵を握っているが、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ない。

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される。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る。

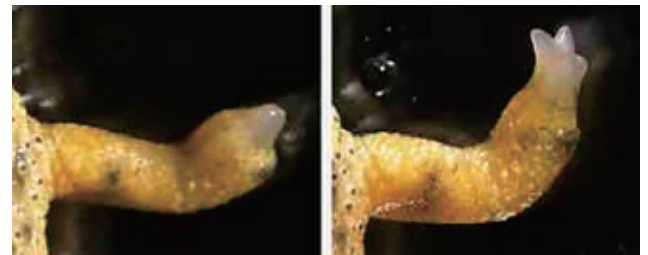


図2. イベリアトゲイモリの四肢再生。左図のように四肢を失っても、1~2ヶ月程度で元に戻る。

参考文献：

1. Suzuki, M., Okumura, A., Chihara, A., Shibata, Y., Endo, T., Teramoto, M., Agata, K., Bronner, M.E., and Suzuki, K.T. (2024). *Fgf10* mutant newts regenerate normal hindlimbs despite severe developmental defects. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* *121*, e231491121.
2. Shibata, Y., Suzuki, M., Hirose, N., Takayama, A., Sanbo, C., Inoue, T., Umesono, Y., Agata, K., Ueno, N., Suzuki, K.T., and Mochii, M. (2022). CRISPR/Cas9-based simple transgenesis in *Xenopus laevis*. *Dev. Biol.* *489*, 76-83.
3. 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.
4. Nakade, S., Tsubota, T., Sakane, Y., Kume, S., Sakamoto, N., Obara, M., Daimon, T., Sezutsu, H., Yamamoto, T., Sakuma, T., and Suzuki, K.T. (2014). Microhomology-mediated end-joining-dependent integration of donor DNA in cells and animals using TALENs and CRISPR/Cas9. *Nat. Commun.* *5*, 5560.

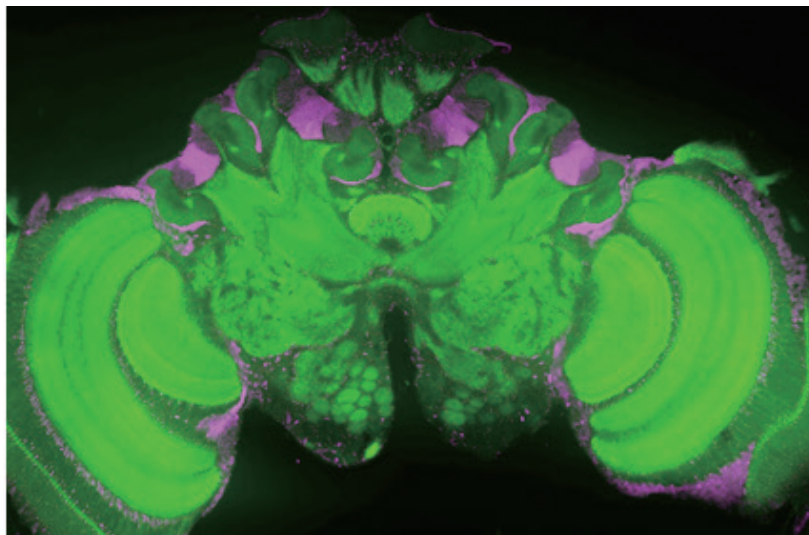


特任准教授
鈴木 賢一



昆虫の社会を創る脳基盤

脳がどのように行動を制御しているのかは神経科学のモデル生物を対象に研究が進んでいます。しかし、動物の多様な行動の理解には従来のモデル生物のみでは限界があります。昆虫は地球上のあらゆる環境へ進出して適応行動を獲得してきました。中でも多様な行動を示すハチ目昆虫は、行動進化の脳基盤を調べる上で有用な系統です。当グループでは、主に真社会性昆虫であるセイヨウミツバチを用い、ミツバチにおける分子・神経行動学ツールの拡充や、異なる行動を示す近縁種との脳領域・構成細胞の遺伝子発現比較解析などを通して、社会性行動を司る脳の分子神経基盤やその進化の解明を目指しています。



セイヨウミツバチの脳

ミツバチの行動を司る分子神経基盤

農作物の重要な花粉媒介昆虫として知られるセイヨウミツバチは、古くから社会性行動の研究対象として基礎研究にも用いられてきた。ミツバチの雌は女王蜂と働き蜂にカースト分化し、また働き蜂はコロニーを維持するために巢内の様々な仕事を分業する。動物行動学の始祖の一人であり、1973年にノーベル賞を受賞したKarl von Frischが解読したミツバチの尻振りダンスは、動物の高度なコミュニケーション手段の1つである。また、ゲノムが比較的早い2006年に解読されたこともあり、異なる役割を担うミツバチ個体間の脳で発現変動する遺伝子の同定や、着目した遺伝子の脳内発現局在解析など、行動と関連する脳神経機構は多く報告されている。しかし、行動を司る脳の分子神経基盤を因果関係で説明した研究例はほとんどない。この主因は、社会性をもつがゆえに遺伝子操作が難しかったことにあるが、近年、ミツバチでもゲノム編集法やトランスポゾンを用いた遺伝子操作が可能になってきている。これまで相関関係の説明にとどまっていた候補因子や遺伝子操作によって同定される新規因子の行動制御における機能を明らかにすべく、ミツバチにおける遺伝子操作法や行動実験系の確立を含め、研究を進めている。

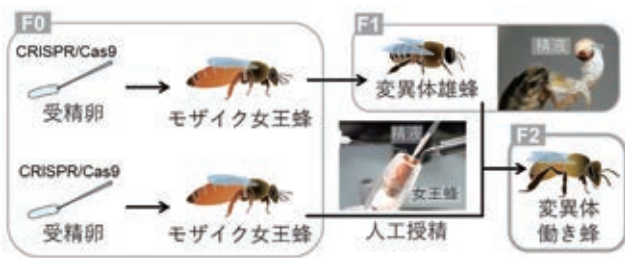


図 1. ゲノム編集法によるノックアウトミツバチの作出

ハチ目の行動差異と関連する脳基盤の探索

ハチ目昆虫では、異なる社会性段階の種や、植食性、寄生性、営巣性などの行動を示す種が、系統分岐に伴って進化してきた。これまでに、昆虫脳のキノコ体と呼ばれる高次中枢に着目した種間比較解析により、ハチ目の行動進化に伴ってその形態や細胞構成が変化してきたことが明らかになっている。一方、ミツバチなどが示す真社会性は、ハチ目の中でも武器としての毒針をもつ有刺類において複数回独立に獲得さ

れたと考えられているが、真社会性種に特徴的な脳基盤は見つかっていない。私たちは、ハチ目で最初に分岐するハチ目亜目に属するカブラハチや、有刺類の中でもミツバチを含むハナハチ類に属する種を用い、脳の細胞構成やその発生基盤の種間比較を通し、行動の違いと関連する脳基盤やその進化を駆動した分子基盤を探索している。

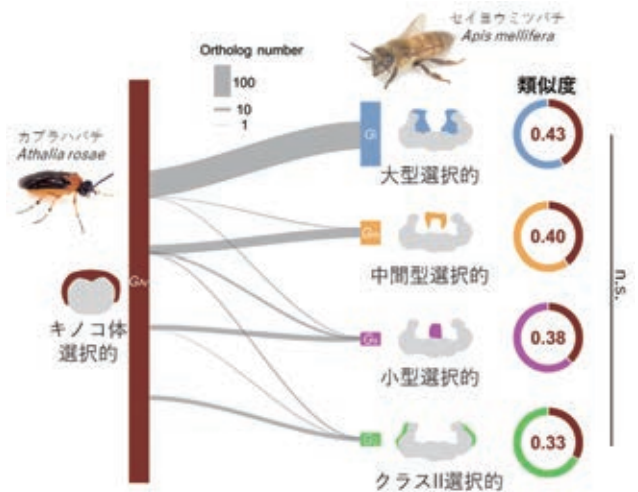


図 2. 行動様式の異なるハチ目昆虫を用いたキノコ体の種間比較解析
ハチ目は主にハチ目亜目、有刺類、有刺類に分かれており、キノコ体構成細胞（ケニオン細胞）のサブタイプ数は系統分岐に従って増加している。ハチ目亜目のカブラハチと有刺類のセイヨウミツバチの各サブタイプの遺伝子発現プロファイルを比較することで、祖先的なケニオン細胞から機能的分岐と専門化によりサブタイプ数が増加してきたことが示唆された。

参考文献：

- Kamata, S., Kubo, T., and Kohno, H. (2025). Analysis of molecular and cellular bases of honey bee mushroom body development. *Sci. Rep.* 15, 21462.
- SKohno, H.*, Kamata, S., and Kubo, T. (2023). Analysis of antennal responses to motion stimuli in the honey bee by automated tracking using DeepLabCut. *J. Insect Behav.* 36, 332–346. *corresponding author
- Kuwabara, T., Kohno, H.*, Hatakeyama, M., and Kubo, T.* (2023). Evolutionary dynamics of mushroom body Kenyon cell types in hymenopteran brains from multifunctional type to functionally specialized types. *Sci. Adv.* 9, eadd4201. *co-corresponding authors
- Kohno, H., and Kubo, T. (2018). *mKast* is dispensable for normal development and sexual maturation of the male European honeybee. *Sci. Rep.* 8, 11877.
- Oya, S., Kohno, H., Kainoh, Y., Ono, M., and Kubo, T. (2017). Increased complexity of mushroom body Kenyon cell subtypes in the brain is associated with behavioral evolution in hymenopteran insects. *Sci. Rep.* 7, 13785.
- Kohno, H., Suenami, S., Takeuchi, H., Sasaki, T., and Kubo, T. (2016). Production of knockout mutants by CRISPR/Cas9 in the European honeybee, *Apis mellifera* L. *Zool. Sci.* 33, 505-512.



特任准教授
河野 大輝

ナショナルバイオリソースプロジェクト

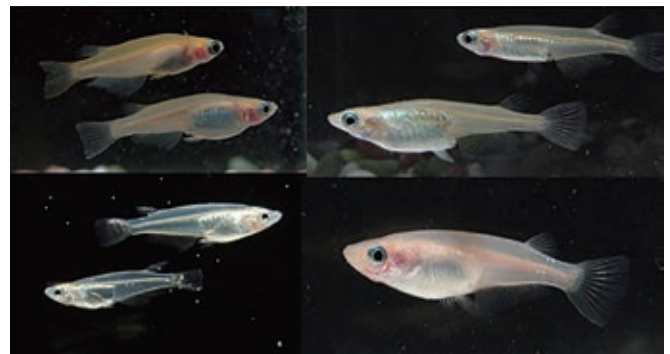
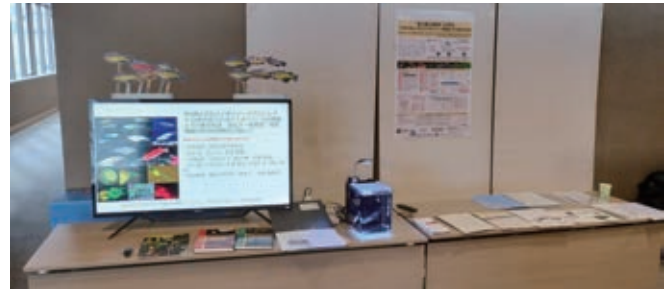
ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) は、ライフサイエンス研究の基礎・基盤となるバイオリソース (動物、植物等) について収集・保存・提供を行うとともに、バイオリソースの質の向上を目指し、保存技術等の開発、ゲノム等解析によるバイオリソースの付加価値向上により時代の要請に応えたバイオリソースの整備を行うプロジェクトです。基礎生物学研究所では、メダカの中核機関、およびアサガオ、ゼブラフィッシュの分担機関として、プロジェクトの一端を担っています。

NBRP メダカ

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

2022年度より始まった第5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) の中核機関に採択された。2025年度には新たな分担機関として長浜バイオ大学が加わった。NBRP Medaka ではメダカライブラリソース (600 系統以上に及び汎用系統、突然変異系統、遺伝子導入系統、近交系、野生系統、近縁種)、ゲノムリソース (32 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。メダカオミクス情報の整備では、国立遺伝学研究所を中心に新たに構築した Medakabase (<https://medakabase.nbrp.jp/>) をプラットフォームとしてとして様々な Tool (遺伝子名検索、Genome Browser、BLAST、GMAP - cDNA alignment、Genome Slicer、Gene Fetcher) を開発し提供するとともに、その利用マニュアルも整備している。さらに近年の AI の発展を受けて、メダカコミュニティが樹立してきたメダカ実験プロトコルをソースとして NotebookML による実験プロトコル集 (<https://notebooklm.google.com/notebook/8d7d71e6-830d-465a-b2c4-de544b3348bf?authuser=1>) を構築している。2024 年度にはメダカに近縁な 2 種 (ルソンメダカ、メコンメダカ) のゲノム配列を決定し、blast による相同性検索サイトを構築した。2022 年度には NBRP ゲノム情報等整備「メダカ野生由来系統のゲノム多型情報整備」が採択され、野生由来系統 100 系統を含む 130 系統の全ゲノム塩基配列を決定し、系統樹を作成した。この情報により野生由来系統を用いた GWAS 解析を行うことが可能となった。またこのデータを利用し、特定の系統に存在するアミノ酸置換やストップ変位など、タンパク質機能に影響を与える塩基置換を検索できるサイトを公開した (<https://medakabase.nbrp.jp/viewer/Hd-rR/>)。2023 年度には NBRP ゲノム情報等整備「表現型可塑性を探るメダカゲノム基盤の整備」が採択され、d-rR/Tokyo 系統を用いて夏季と冬季、海水と淡水に適応した

個体の組織の RNA-seq と EM-seq によるメチローム解析を雌雄別に行っている。2024 年度には基盤技術整備「メダカ生殖細胞移植技術の効率化・高度化」が採択されたことから生殖細胞移植における高効率なレシピエント系統の樹立と移植技術の高度化を実施している。(担当：東島 眞一)



NBRP アサガオ

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

基礎生物学研究所は、第5期NBRP(2022～2026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あり、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を備え、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がある。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。DNA クローンとしては、花や実生に由来する 62,000 の EST クローンおよび 115,000 の BAC クローンを整備している。また、5 つの花弁特異的発現ベクターに加え、マルバアサガオのトランスポゾンから開発されたメダカのトランスジェネシス用ベクターも提供している。さらに、2016年に公表された標準系統のゲノム配列をデータベース化し、DNA クロンの末端配列や遺伝子の発現情報を統合するとともに、変異遺伝子にもとづいた系統データベースとの連携

機能も整備して公開している (<http://viewer.shigen.info/asagao/>)。加えて、NBRP ゲノム情報整備等プログラムで代表的な 100 系統のリシーケンスを実施し、トランスポゾン挿入多型や遺伝子変異をゲノムブラウザ上で確認できる環境を整備している。(担当：星野 敦)

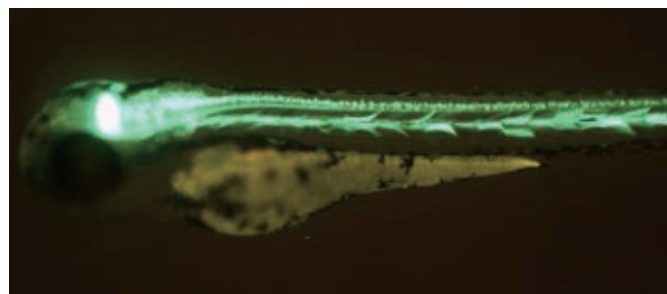


ゲノムが解読された標準系統(左) NBRP で整備しているゲノムブラウザでは、代表的な 100 系統を含む 141 系統のトランスポゾン挿入多型や遺伝子変異を確認できる(右)

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 眞一)



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、生物遺伝資源をバックアップ保管することで、災害等に強い、安定した研究環境を整備・支援する事を目的として始めました。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）と協力して全国の研究者からお預かりした研究サンプルを保管しています。また、生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究や 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推進を目指しています。

IBBP センター

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

センター長：梶根 一夫 RMC 准教授

大学連携バイオバックアッププロジェクト (IBBP) を推進するための中核拠点である基礎生物学研究所 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 (IBBP-easy)、保管環境常時監視システム、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設備を備えている。停電によって万一 IBBP センターへの電気供給が断たれても、液体窒素タンク内に保管している生物遺伝資源は 3 週間程度、超低温状態で維持できる。また生物遺伝資源保存技術開発共同利用研究を推進するため、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、精子運動解析装置等の特殊機器も整備している。共同利用研究を進めることにより、多種多様な生物遺伝資源のバックアップ保管を可能とする技術開発を目指している。さらに Cryopreservation Conference を開催することで、生物遺伝資源保存技術開発を目指す研究者と低温生物学・化学・物理学研究者等の出会いの場を提供し、保存技術開発に関わる研究者ネットワークの構築を目指す。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の開催等により、保存技術開発からも研究をサポートしたいと考えている。

今後、次世代シーケンサーやゲノム編集技術により、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は増加することが予想される。これらの新規モデル生物開発拠点と連携し、その長期保存技術開発を進める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。

RMC 准教授
梶根 一夫



技術課技術職員
加藤 愛

バックアップ保管システム

IBBP は研究者が作製・使用している研究途上の生物遺伝資源のバックアップ保管を目的としており、他のバンク事業とは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が公開されることはない。また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。現在 IBBP センターでは、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、動物胚および精子、低温低湿を維持できる部屋では植物種子を保管している。2025 年度は 69 件の新規、追加または延長申請を承認し、28 件の一時返却や恒久返却、廃棄申請を受け付けた。2026 年 4 月時点で、申請 291 件、容器合計 37,347 点の保管委託された生物遺伝資源サンプルをバックアップ保管している。



2025年度 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究	提案代表者名・所属
植物種子超低温保存におけるエピジェネティック修飾動態解析	伊藤 秀臣 北海道大学大学院 理学研究院
ラット未受精卵の受精能改善および凍結保存法の開発	金子 武人 大阪公立大学大学院 獣医学研究科
単為発生と卵巣凍結を利用したカイコ系統保存方法の開発	藤本 章晃 九州大学大学院 農学研究院
薬用植物トコン培養シュートの凍結保存技術開発に関する研究	梅原 三貴久 東洋大学 生命科学部
オタマボヤの未受精卵と初期胚の凍結保存技術の開発	小沼 健 鹿児島大学大学院 理工学研究科
カンキツの茎頂の凍結保存法の開発	間瀬 誠子 農業・食品産業技術総合研究機構 果樹茶業研究部門
単為発生能を保持・付与した遺伝子組換えカイコ作出用ホスト系統の品種育成	内野 恵郎 農業・食品産業技術総合研究機構 育成生物機能利用研究部門

共同利用研究・研究集会と技術講習会

近年、生命科学分野では非モデル生物の研究が飛躍的に進展している。しかし安定した長期保存法が確立していない生物種も多く、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 センター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 2025 年度は 7 件を実施した（表参照）。オンラインで開催された学会や研究会、また技術講習会（マウス・ラット生殖技術講習会等 3 件）などの機会を通じて、保存技術開発推進や技術共有に寄与した。



研究集会の開催

Cryopreservation Conference 2025

期間：2025年11月11日～12日

会場：文部科学省研究交流センター（茨城県つくば市）

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 基盤技術研究本部 遺伝資源研究センター、筑波大学 生命環境系）

桐根 一夫（自然科学研究機構 基礎生物学研究所 IBBP センター）

参加者：110人、口頭発表13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。2025年度は「時間と空間からの解放 — 超低温保存 —」をテーマとし、生物学者、新規保存技術開発者、凍害防御物質開発者、ガラス化に関する物理化学者、生物遺伝資源バンク関係者等、広い分野からの参加があった。特別講演では「インクジェットを用いた動物細胞の凍結保存技術の開発」「宇宙滞在しているヒト血液中免疫細胞の“スナップショット”」「凍結マウス ES 細胞を用いた国際宇宙ステーションにおける長期宇宙放射線の生物学的影響の解析」などの発表があり、対面での活発な議論が交わされた。





茎頂や腋芽を超低温で保存することができれば、接木によって親個体と同じゲノムを持った植物を再生することができる。

超低温による生物の保存

植物の種子は優れた保存器官であるが、寿命の短い難保存性の種子もあるので種子の寿命を伸ばす環境条件や要因について研究している。またカンキツなどは、ゲノムのヘテロ性が高いために種子では有用な形質を種子で遺伝させることができない。これらの植物は茎頂を保存することで系統の保存を行うことが必要となる。カンキツは低温に弱いので、低温に適応させた保存技術の開発を行っている。

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。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。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。

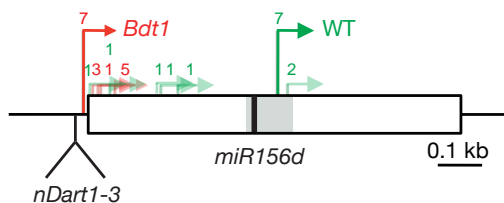


図 1. nDart の挿入による優性変異の原因の解明 (文献5)



RMC 准教授
梅根 一夫

超低温の世界で生物を保存するためには細胞の適応が必要です。その条件を探索する生物遺伝資源の保存技術の開発を行なっています。超低温の世界では DNA 配列が変化しなくても、様々な変化が起きています。ゲノム解析技術の進展により、様々な生物の分子生物学的な解析が可能となってきました。その中で保存方法の確立していない生物を対象に、低温・超低温条件下における反応を生体・物質の面から解析し理解することを目指しています。また、ゲノム中には多くの転移因子（トランスポゾン）が存在していますが、その多くは転移できません。しかし稀にゲノムによる抑制をすり抜けて転移できるトランスポゾンが存在してゲノムの再編成を起こしています。どのようにゲノムはトランスポゾンを制御しているのか、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ます。

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 *nDart1* 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 2)、さらに、脱メチル化によって *nDart1* を持たないイネ系統でも転移を活性化できることも示した (文献 4)。*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 (文献 5)、*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 3)。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. Tsugane, K., Kato, A., Matsubayashi, N., and Naruse, K. (2024). A guide to the use of the Inter-University Bio-Backup Project (IBBP) for the sustainability of individual research, even in the event of natural disasters or other accidents. *Cytologia* 89, 181-185.
2. Chiou, W.Y., Kawamoto, T., Himi, E., Rikiishi, K., Sugimoto, M., Hayashi-Tsugane, M., Tsugane, K., Maekawa, M. (2019). *LARGE GRAIN* encodes a putative RNA-Binding protein that regulates spikelet hull length in rice. *Plant Cell Physiol.* 60, 503-515.
3. 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.
4. 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.
5. 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.

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す。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) 光学顕微鏡支援活動、(2) 電子顕微鏡支援活動、(3) 磁気共鳴画像支援活動、(4) 画像解析支援活動と、バイオイメージング普及と若手育成のためのトレーニングを行っています。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ます。

ABiS

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

生命科学分野において、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用いられており、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 は、2016 年度より新学術領域研究（学術研究支援基盤形成）（2016 年度～2021 年度）として、2022 年度からは学術変革領域研究（学術研究支援基盤形成）として第2期の活動している（支援代表者：伊佐正、生理学研究所）。これまでに2,555 件の支援を行い、その成果は 707 報の論文として報告されている（2026 年 3 月 31 日現在）。基礎生物学研究所からは、光学顕微鏡支援活動の支援者として藤森俊彦（光学顕微鏡支援チームリーダー）、野中茂紀、亀井保博、画像解析支援活動の支援者として東島真一（画像解析支援チームリーダー）、小山宏史、加藤輝、光学顕微鏡トレーニング担当として甲本真也、画像解析トレーニング担当として、東島真一、亀井保博、加藤輝、小山宏史、総括支援活動担当として、三浦正幸、藤森俊彦、川口正代司、甲本真也、真野昌二が参画している。2025 年度は、270 件の支援と 25 件のトレーニングコースを開催した。また、シンポジウムやワークショップ開催による最先端イメージング技術の情報共有、学会でのイベント共催（図1）やブース展示による周知活動（図2）を行った。

国際連携活動の一環として、国際バイオイメージングネットワーク「Global Bioluminescence Imaging (GBI)」に2018 年より参画している。GBI の運営には本研究所から5 名がメンバーとして加わっているほか、国際トレーニングコースやシンポジウムの合同開催、さらに実務者会議である「Exchange of Experience (EoE)」への出席を通じ、世界共通の課題解決に向けた議論に加わっている。こうした活動を通じて最先端の技術や情報を共有し、世界標準の解析技術などを日本の研究者へ橋渡しするハブとしての役割を果たしている。

国内においては、他の3つの支援プラットフォームとともに生命科学連携推進協議会を構成している（総括班メンバー、三浦正幸、藤森俊彦）。各プラットフォームの機能を横断した技術支援の連携体制を継続的に強化しており、合同での公募説明会や成果発表会、展示ブースの出展などを精力的に展開している。

2025 年度活動実績

研究支援活動

- ・光学顕微鏡技術支援活動： 141 件
- ・電子顕微鏡技術支援活動： 93 件
- ・磁気共鳴画像技術支援活動： 13 件
- ・画像解析技術支援活動： 23 件
- ・トレーニング： 25 回



図1. イメージコンテストの開催

第77回日本細胞生物学会・第58回日本発生生物学会合同大会（2025年7月16日～18日、名古屋）にて、イメージコンテストを開催した。ランチョンセミナーのイベントとして、一次審査を通過した作品のプレゼンテーションが行われ、会場の参加者による投票を経て、静止画グランプリ、動画グランプリ、各学会の大会長賞、および ABiS 賞を選出して表彰した。



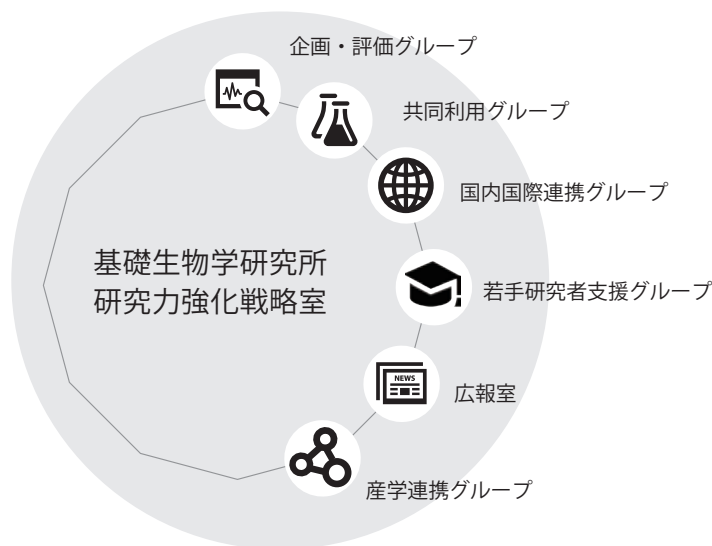
図2. ブース展示による周知活動

ABiS の活動を広く周知するため、各学会においてブース展示やポスター掲示、リーフレットの配布などを実施している。これらは ABiS 単独で行うほか、生命科学連携推進協議会を通じて4つのプラットフォーム合同で参加することもある。写真は、2025年9月に開催された日本動物学会第96回名古屋大会における展示の様子。

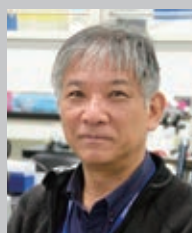


研究力強化戦略室

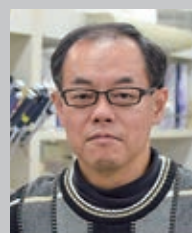
研究力強化戦略室は、企画・評価、国内国際連携、広報、共同利用、若手研究者支援、産学連携の6グループからなり、自然科学研究機構の共創戦略統括本部と連携し、共同利用を通じた国内外の大学や研究機関および基礎生物学研究所の研究力強化のための活動を行っています。



研究力強化戦略室
室長
副所長・教授
藤森 俊彦



副室長
特任教授
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、国内外の大学や研究機関などに所属する研究者とともに、所内の人的研究力、機器、施設を生かした共同利用研究を行うことで、生物学分野の研究力強化を目指しています。共同利用グループでは、効果的な共同研究を行うための運営方法、機器や施設の効率的利用方法、ならびに、将来計画立案を行っています。

教授
重信 秀治



RMC 教授
亀井 保博



准教授
内山 郁夫



特任准教授
吉田 拓也



RMC 准教授
立松 圭



RMC 准教授
倉田 智子



RMC 准教授
梶根 一夫



助教
作田 拓



研究力強化戦略室 企画・評価グループ

企画・評価グループは、研究力と拠点性の強化のため、運営会議、教授会議における目標設定と計画策定、評価、改善方法の検討のための資料収集、作成、保管を行います。さらに、各種委員会での共同利用、国内国際連携、広報、若手研究者育成、ジェンダー平等と多様性促進、産学連携、デジタル変革における活動を円滑に進めるための情報を収集して分析し、所の活動に反映させます。

現在行っている主な活動

1. 目標設定と計画策定：
 - (1) 所の現状分析と将来計画の情報収集と資料作成
 - (2) 予算要求のための申請書作成
 - (3) 所員の外部資金申請のための情報収集と申請書作成のサポート
2. 評価と改善：
 - (1) 年度実績と中期計画実績の分析と資料作成
 - (2) 自己点検評価と外部点検評価のための資料作成と会議運営
 - (3) 個人業績評価および国際評価のための資料作成と会議運営
 - (4) 文部科学省等訪問時の対応

特任教授
真野 昌二



助教
藤田 浩徳



RMC 准教授
立松 圭



RMC 准教授
倉田 智子



研究力強化戦略室 国内国際連携グループ

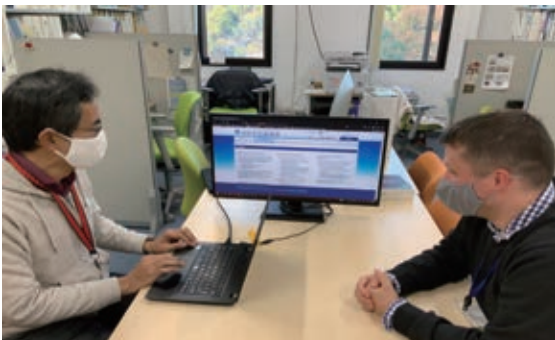
研究力強化戦略室国内国際連携グループは、基礎生物学研究所の学術交流事業の支援を行っています。主な業務は、研究所が主催する会議や実習コースの企画・運営および連携する国内外の学術機関などとの研究者や学生の人材交流活動支援などです。また、海外からの訪問研究者、インターンシップ生受入れへの対応も行っています。

基礎生物学研究所は、基礎生物学研究所コンファレンス (NIBB Conference) 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。海外は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 Heidelberg、ドイツ)、コンスタンツ大学 Research School of Chemical Biology (ドイツ、KoRS-CB)、プリンストン大学 (米国) 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、共同研究などを行っている。また、国内は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の共同利用・共同研究拠点との連携や大学連携バイオバックアップ (Inter-University Bio-Backup Project, 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。

現在行っている主な活動

1. EMBL、プリンストン大学、COS Heidelberg や KoRS-CB 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、人的交流に対する支援
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. 共同利用・共同研究拠点などの国内学術機関との連携に係る各種活動に対する支援
4. IBBP や ABiS などの研究支援事業に係る各種活動に対する支援
5. 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
6. 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
7. 海外からの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
8. 外部資金獲得のための財団等公募情報、外部の学術機関が主催する研究会等開催情報の所内への提供



外国人研究者への外部資金情報の提供



中部大学、生理学研究所との連携セミナーでの受付業務

RMC 准教授
立松 圭



助教
定塚 勝樹



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す。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ます。

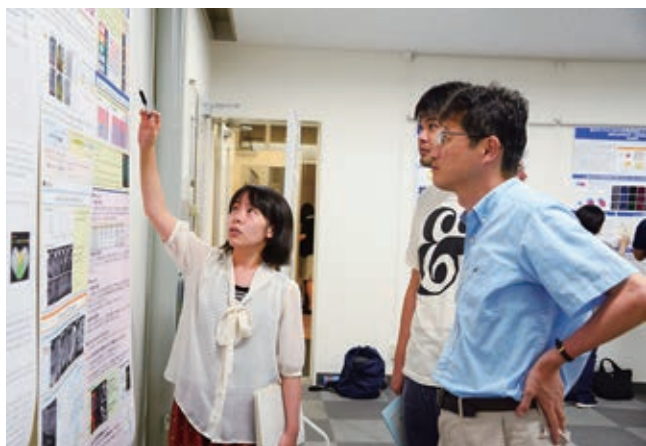
基礎生物学研究所は、総合研究大学院大学（全国 20 力所の大学共同利用機関等で教育を行う大学院大学、以下、総研大）の基盤機関として、基礎生物学コースに所属する大学院生の教育を担当している。また、国内外の大学の要請に応じて、それらの大学に所属する大学院生を「特別共同利用研究員」として受け入れ、研究指導を行っている。さらに、短期訪問中の学生なども加わり、当研究所には 50 名程度の博士学位取得を目指す学生・研究生が在籍している。

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等のとりまとめ
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. 若手研究者賞、所内セミナー、科研費カフェ、キャリアパスセミナーなど、所員向け事業の企画・運営
4. 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
5. フレッシュマンコース、生命科学リトリートなど、総研大におけるコース横断的な授業科目・プログラムへの協力、実施支援
6. 基礎生物学コース・教育担当教員として、総研大での教育研究や学生支援に関わる事項の審議への参画
7. 学生、教員向け各種情報の集約・提供

助教
高橋 弘樹



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 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ます。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ます。

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 先端学術院 基礎生物学コース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

RMC 准教授
倉田 智子



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ます。これら先端的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ます。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ます。

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、自然科学研究機構共創戦略統括本部、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

特任教授
真野 昌二



2025 年度版シリーズ集



新あいち創造開発研究展 2025 でのブース出展
(2025年6月4日～6日)

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ます。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、電話番号簿の作成等を行っています。受付・事務室の業務は東島眞一主幹が統括しています。

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. 人事情報の管理

電話番号簿等の作成、各種メーリングリスト管理

3. 各種管理

印刷物の管理、掲示物の管理、鍵・電話台帳の管理、会議室等共通室・印刷室等の共通機器の管理

4. その他

所内で行われる各種セミナーの対応、基生研平面図・ドア表示の作成、共通および技術課経費の会計



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ます。

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定例の安全衛生巡視に加えて産業医による巡視を行っている。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担当者連絡会に加わり自然科学研究機構内で情報交換を行い、安全衛生の向上に努めている。

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

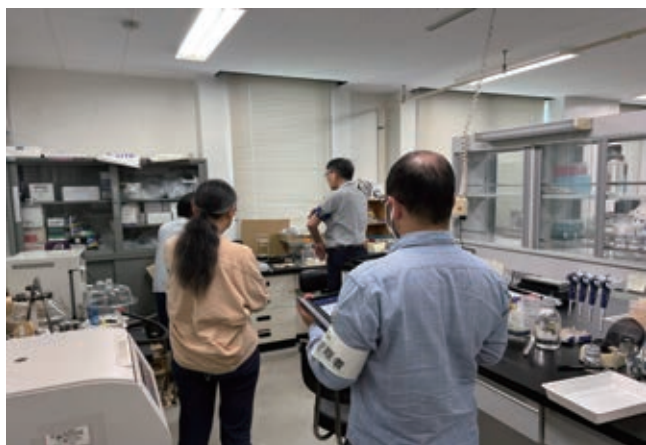
1. 法令で定められている安全衛生巡視及び産業医巡視の企画・実施
2. 有害業務（化学物質の使用）に関する調査
3. 小型圧力容器、遠心機、レーザー機器、局所排気装置等の自主点検
4. 安全衛生講習会（雇入れ教育）の実施
5. 薬品管理システムの運用管理
6. 自然科学研究機構特別相互巡視および安全衛生担当者連絡会への参加
7. 岡崎3機関安全衛生委員会及び安全衛生小委員会（基生研安全委員会）の開催・参加
8. 安全衛生管理室会議の開催
9. 東海北陸地区 国立大学・研究所 環境安全衛生協議会への参加
10. その他、安全及び衛生に関する調査・対応

安全衛生管理室長
教授
森田（寺尾）美代

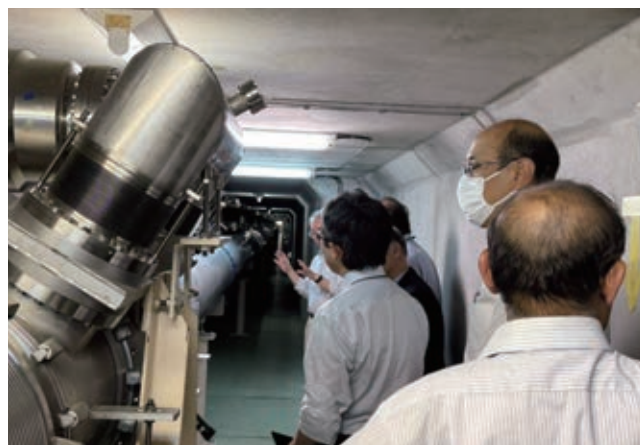


技術課技術職員

三輪 朋樹 諸岡 直樹
水谷 健 澤田 薫
松田 淑美 飯沼 秀子



産業医による所内巡視



自然科学研究機構 特別相互巡視（国立天文台・三鷹地区）

技術課

技術課は所長に直属した技術者の組織で、専門性の高い技術を通してさまざまな分野で研究所の研究活動を支援しています。すべての技術職員は技術課に所属していますが、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ます。また、技術課内でセミナーや研修等の活動を行い、最新の情報及び技術の習得と向上に努めています。

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や各種顕微鏡及び画像解析システムの保守管理、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、生物遺伝資源の凍結保管施設や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. 技術報告セミナー：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技術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。



研究施設・研究部門へ配属している技術職員



技術課長 三輪 朋樹



技術班長 諸岡 直樹

施設第一係

技師 森 友子
技術係長 牧野 由美子
主任技術員 山口 勝司
技術職員 中野 朱莉

施設第二係

技術係長 高木 知世
主任技術員 斎田 美佐子

施設第三係

技術係長 西出 浩世
技術主任 中村 貴宣
技術職員 杉浦 宏樹

施設第四係

技術係長 竹内 靖
技術主任 野口 裕司

施設第六係

主任技術員 松田 淑美
主任技術員 澤田 薫
技術主任 飯沼 秀子
技術主任 加藤 愛



技術班長 水谷 健

研究第一係

主任技術員 田中 幸子
技術主任 野田 千代
技術職員 西本 裕希

研究第二係

技術係長 林 晃司
技術主任 大井 祥子
技術職員 森 祥伍
シニア技術職員 近藤 真紀

研究第三係

技術係長 水口 洋子
主任技術員 大澤 園子
主任技術員 岡 早苗

研究第四係

技術係長 内海 秀子
技術主任 尾納 隆大

岡崎共通研究施設

アイソトープ実験センター

<https://sites.google.com/nibb.ac.jp/ricenter/>

センター長：中山 潤一 教授

本センターは、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、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す。

センターの運営は、センター長（兼任）、技術職員 3 名で行われています。なお、本センターは 2027 年 3 月に廃止の予定です。

センター職員は、センターの管理運営を行うとともに、利用者に対する教育訓練等の安全指導を担当しています。

本センターでは、以下の核種の使用が承認されています。

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

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



施設の外観



RI 使用室



RI 排気設備



汚染検査室



RI 排水設備



施設利用者のための教育訓練（2025 年 5 月 RI 新規利用者講習会）



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分野の理論計算科学研究のための共同利用施設としての経験を活かし、分子科学計算に加えて分子科学と生物学の境界領域に展開を図る岡崎共通研究施設です。岡崎3研究所だけでなく国内の分子科学研究者、バイオサイエンス研究者に対して大学等では不可能な大規模な計算を実行できるハードウェアと様々なプログラムソフトが使える環境を提供しています。

基礎生物学研究所で運用されてきた生物情報解析システムのサービスは2024年度から計算科学研究センターに移行して運用されています。

動物資源共同利用研究センター

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

動物資源共同利用研究センターは、生理学、基礎生物学及び分子科学の基礎研究に必要な実験動物の飼育管理と動物実験を行うための機構共通の研究施設で、機構内のみならず国内・外における実験動物を用いた生命科学研究の支援と共同利用を推進するために、1) マウスをはじめとする各種実験動物の適切な飼育管理、2) 遺伝子改変マウスの胚移植と凍結保存、3) 獣医学的診断、微生物学検査、疾病防止に関する手法の改善と新規開発、4) マウス・ラットの遺伝子改変動物作製及び行動解析、5) 動物実験に関わる研究、教育、啓発、情報提供、技術指導などを実施しています。

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っています。

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います。さらに、コンピュータによる、画像処理、画像計測、画像出力も行っています。

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、補修などを行います。

機器研究試作室





岡崎共通施設

岡崎情報図書館

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

岡崎情報図書館は、基礎生物学、生理学及び分子科学に関する図書、雑誌その他情報資料を収集し、整理保存して、岡崎3機関及び生命創成探究センターの職員、共同利用研究者等の利用に供しています。

- ・ 24時間利用可能（図書館への登録が必要）
- ・ 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

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

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です。



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名の利用ができます。



大隅ホール

岡崎共同利用研究者宿泊施設

<https://lodge.orion.ac.jp/>

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10]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ます。



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す。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ます。

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（生命創成探究センターを含む）との間に雇用関係がある職員、来訪研究員、大学院生、機構と派遣会社が契約を結ぶことによって受入れる派遣職員

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

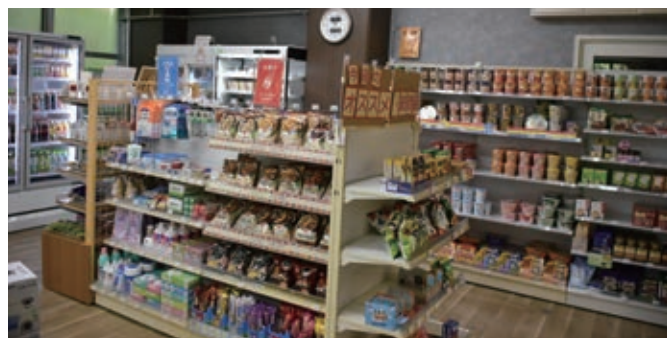
飲食スペース、売店（1階）、トレーニングルーム（地下1階）などがあります。



職員会館 外観



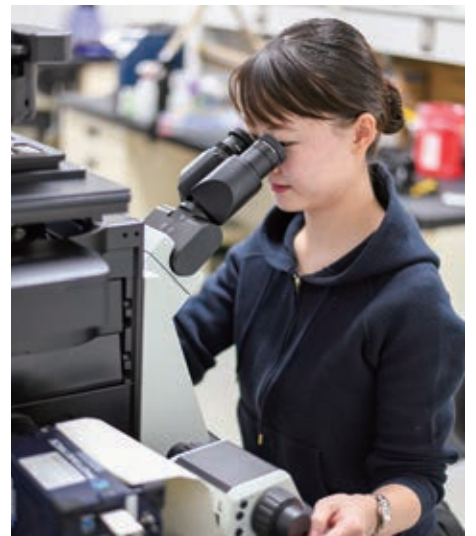
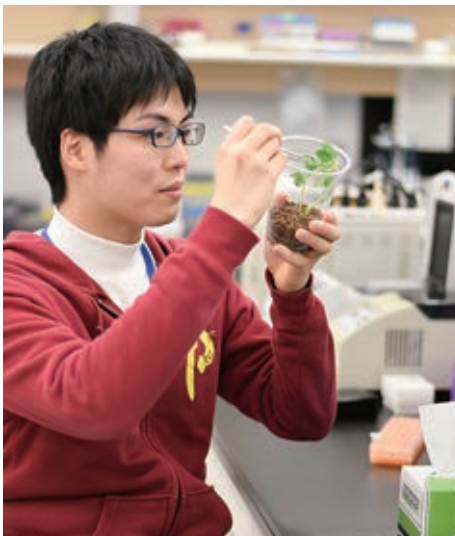
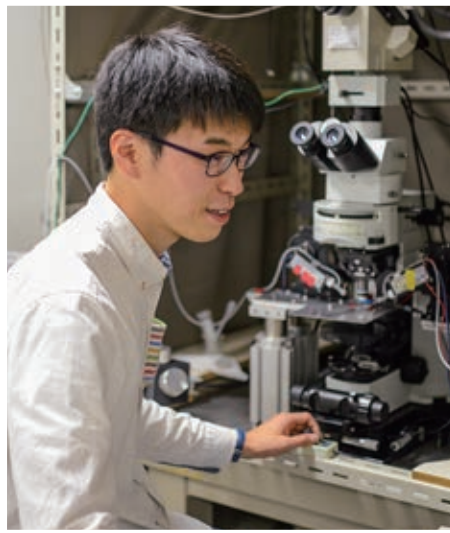
飲食スペース



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 先端学術院 基礎生物学コース

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。



基礎生物学研究所は、1977年に愛知県岡崎市に設立された国立の研究機関で、様々な生物の特性を活かし、最先端技術を駆使して革新的な生物学の研究にチャレンジしています。生命の謎を解明し、未来の生物学の発展に貢献することを目標として、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、幅広い分野で先端の研究を展開しています。2022年4月には、超階層生物学センター（Trans-Scale Biology Center）を創設し、遺伝子レベルから個体群レベルまでの多様な生物学的階層に至る生物学的階層を包括的に理解することを目指しています。また、次世代シーケンサーや画像解析データなどのビッグデータを統合解析するために、AIを活用した解析を強化し、膨大なデータから生命現象を理解する取り組みを推進しています。

基礎生物学研究所での大学院教育は、総合研究大学院大学で行われ、世界最先端の研究所を教育の場として活用し、高度な専門性を有する博士人材の育成を目指しています。基礎生物学コースでは、学生一人ひとりが独自の研究テーマを追求し、世界で活躍できる研究者として成長することをサポートしています。そして、皆さんの情熱と好奇心が、未来の生物学の発展に寄与することを心から願っています。若い学生さんの柔軟な発想は教員にとっても大きな刺激となり、研究の新しい展開を促すことでしょう。お互いに切磋琢磨し、共に成長することが大切です。

研究の道は決して平坦ではなく、山登りに喩えられます。頂上を目指す過程では、深い森で迷ったり、険しい壁に直面したり、予期せぬ困難に遭遇することがあります。しかし、困難を乗り越えるためには、持続的な努力、創造性、そして何より周囲との協力が欠かせません。研究が山登りと異なる点は、頂上に到達しても次の山が現れ、終わりのない果てしない探求が続くことです。

私の研究対象である完全変態昆虫は、成長過程で幼虫から蛹、成虫へと驚くべき変化を遂げます。当研究所で学ぶことによって、チョウのように華麗に変身し、研究の世界で自在に羽ばたく研究者へと成長することを願っています。



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、20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、先端学術院基礎生物学コースがあり、大学院生を募集しています。

総研大には、生命科学系のコースとして基礎生物学コースの他、同じ岡崎にある生理学研究所の生理科学コース、静岡県三島市の国立遺伝学研究所の遺伝学コース、葉山の総研大本部にある統合進化科学コースが存在し、相互の交流も盛んです。基礎生物学コースには、学部卒業生を対象とする5年一貫制博士課程と、修士課程修了者を対象とする博士後期課程があり、いずれも入学時期は4月と10月の2回です。

基礎生物学コースの教育基本方針

基礎生物学コースでは、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。

基礎生物学コースの特色

少数精鋭の大学院教育

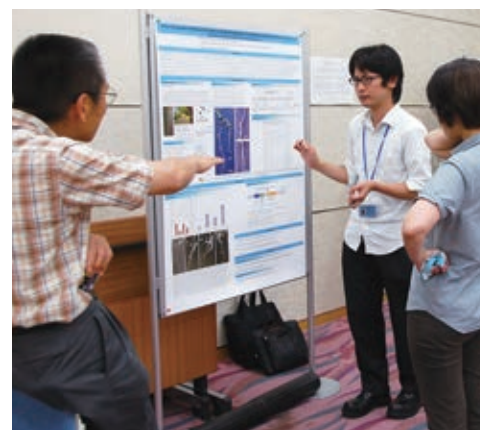
総合研究大学院大学は、他大学に比べて大学院生に対する教員数が非常に多く、それぞれの学生にあった十分な個別指導が行える体制を整えています。現在基礎生物学コースでは、総研大生39名に対して教員57名の体制で教育を行っています。また、一人の学生を複数の教員が指導をする複数教員指導体制をとっており、所属研究室の枠を超えて指導を受けることができます。また研究所には教員以外にも多くの研究者が在籍しており、共同研究や交流を行うことができます。

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、プリンストン大学、COS Heidelberg、コンスタンツ大学）と学術交流協定に基づいた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。本コースは、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。

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。超階層生物学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出来ます。

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

基礎生物学コースでは、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知識を持った人材の育成を目指しています。また、国際交流やコース間の交流の機会も多く用意されています。

基礎生物学コースの入試について

基礎生物学コースが求める学生像

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。

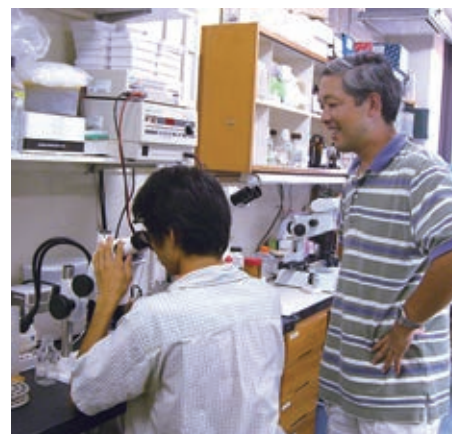
入学者選抜の基本的な考え方

提出書類および基礎生物学コース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。オンライン参加も可能ですが、研究所を是非見に来てください。



体験入学

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・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。2025年度は全国の大学・大学院から21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。

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複数のコース(基礎生物学、生理科学、遺伝学、統合進化科学および関連分野)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。コース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

基礎生物学コースで開講されている科目(抜粋)

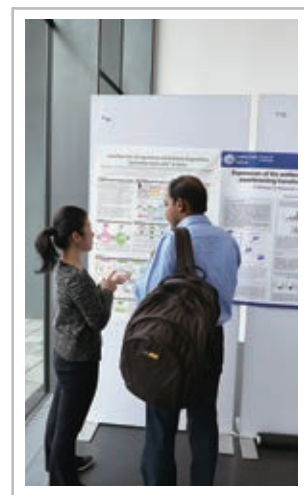
先端学術院特別研究Ⅰ～Ⅴ
基礎生物学プログレスⅠ～Ⅴ
基礎生物学論文演習Ⅰ～Ⅴ
基礎生物学特論Ⅰ～Ⅱ
発生・再生生物学
進化環境生物学Ⅰ～Ⅱ
バイオイメーjing
バイオインフォマティクス
アドバンストコンファレンスⅠ
基礎生物学セミナーⅠ～Ⅴ

英語口語表現演習Ⅰ～Ⅹ
生命科学リトリートⅠ～Ⅴ
分子細胞生物学Ⅰ～Ⅱ
基盤神経科学Ⅰ～Ⅱ

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、基礎生物学コースの学生には、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 シンポジウムや、COS ハイデルベルグ、プリンストン大学などとの合同シンポジウムなど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



基礎生物学コース入学者の出身大学

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 東北大学 山形大学 埼玉大学 東京大学 東京農工大学 東京農業大学 東京理科大学 早稲田大学 慶應義塾大学 学習院大学 お茶の水女子大学 国際基督教大学 北里大学 山梨大学 横浜薬科大学 法政大学 信州大学 石川県立大学 岐阜大学 福井工業大学 石川大学 静岡大学 名古屋大学 名古屋工業大学 愛知教育大学 名古屋市立大学 大阪医科大学 京都工芸繊維大学 同志社大学 立命館大学 奈良女子大学 神戸大学 神戸大学附属中等教育学校 島根大学 山口大学 山口東京理科大学 高知大学 九州大学 Capital Normal Univ.(China), Stellenbosch Univ.(South Africa), Mulawarman Univ.(Indonesia), Peking Univ. (China), Univ. of Sains Malaysia(Malaysia), Univ. of Belgrade(Serbia), Univ. of Pécs(Hungary), Vietnam National Univ.(Vietnam), Justus Liebig Univ.(Germany), Abdul Wali Khan Univ.(Pakistan), Hanoi Univ. of Science(Vietnam), Vietnam National Univ. (Vietnam), Gyeongsang National Univ.(South Korea), Univ. of Poonch Rawalakot(Pakistan), Guru Gobind Singh Indraprastha Univ.(India) [2011 年度 - 2026 年度 入学者]

博士後期課程：

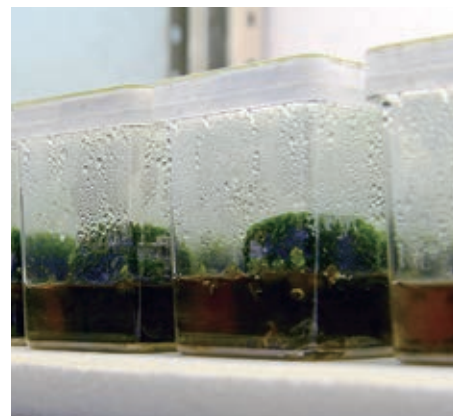
北海道大学大学院 東北大学大学院 筑波大学大学院 千葉大学大学院 東京大学大学院 東京工業大学大学院 日本大学大学院 東京理科大学大学院 東京農業大学大学院 早稲田大学大学院 お茶の水女子大学大学院 北里大学大学院 麻布大学大学院 長岡技術科学大学大学院 石川県立大学大学院 名古屋大学大学院 名城大学大学院 三重大学大学院 奈良女子大学大学院 立命館大学大学院 京都府立医科大学大学院 大阪薬科大学大学院 広島大学大学院 岡山大学大学院 高知大学大学院 九州大学大学院 福岡大学 (薬学部) 宮崎大学大学院 熊本大学大学院 Beihua Univ.(China), Capital Normal Univ.(China), Tarim Univ. (China), Huazhong Agricultural Univ.(China) [2011 年度 - 2026 年度 入学者]

基礎生物学コース修了者の進路

2010年～2025年度の修了者（75名）の進路→研究機関の博士研究員や特任助教等 67%（50名）、民間企業に就職 18%（14名）、中高教員 4%（3名）、その他 11%（8名）

研究機関：基礎生物学研究所、生命創成探究センター、国立遺伝学研究所、生理学研究所、理化学研究所、九州大学、浜松医科大学、京都大学、名古屋大学、富山大学、埼玉大学、岡山大学、沖縄科学技術大学院大学、上智大学、明治大学、岡山大学、愛媛大学、新潟大学、大阪大学、Univ. of Colorado(USA), Univ. of Toronto(Canada), Hubei Univ. of Medicine(China)

民間企業：雪国まいたけ、テクノプロ・R&D、タカラバイオ、ミツカン、日本アイ・ビー・エム、マクシスエンジニアリング、マイキャン・テクノロジーズ、ミルテニーバイオテク、フジクリーン工業、セルソース、東レ、コアコンセプト・テクノロジー、ニッスイ [2010 年度 - 2025 年度 修了者]





基礎生物学研究所（以下、基生研）は遺伝子・タンパク質・細胞・組織・器官・個体・異種生物間の相互作用など、ミクロからマクロまで多階層、超階層にわたる研究技術・手法を用いて『生物』の理解を深める国立の研究所です。また、基生研は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の役割をも果たしています。そんな基生研は総合研究大学院大学（以下、総研大）の先端学術院 基礎生物学コースの担当機関となっています。総研大とは全国各地の研究所・研究機関など様々な分野における世界最先端の研究拠点を教育の場とすることで高い専門性を持った博士人材の育成を目的とした大学院大学であります。総研大は5年一貫制博士課程を採用しており、普通の大学という修士課程（博士前期課程2年間）と博士課程（博士後期課程3年間）を合わせた5年を博士課程とします。基生研は世界トップレベルの研究環境であり、そこでの大学院生活は通常の大学とは異なる側面が幾つかあります。ここでは、それらの特色を幾つか紹介したいと思います。

【設備】

当然の事ながら、基生研には遺伝子から個体間までの様々なレベルで解明するための最新鋭の機器が数多く揃っています。また、大学等と比べた際にラボ全体の人数が比較的少ないため、割と自由に実験機器を使いたい放題出来ます。他の人が使っている遠心分離機を止めたいなどという思いが生まれる事はありません。更に、実際に実験機器を使う中で生じる様々なトラブルの対処に長けた人材が多数居ることも大きなメリットです。自分は学部生の時に使っていた機器に詳しい人がおらず、暗中模索の日々を過ごしていた事もありました。

今まで紹介してきたのは所謂 Wet 実験のための設備でしたが、Dry 実験に関しての設備も揃っています。NGS 解析や大規模なシミュレーションをするためのスパコンは勿論、近年飛躍的に進歩し続ける AI 解析のために必要な GPU クラスタまでもあります。Wet 実験を行い、そのデータを Dry で解析し、更なる発展を目指すための仕組みがここにはあります。

【人】

周知の通り、基生研には優秀な研究者が多数集まっています。それは入学前から予想していました。しかし、実際に研究活動を行う中で技術支援員の方や秘書さん、事務の方など研究活動のサポートを享受する機会が非常に多いことに気がきました。その一部を少し紹介すると、日常の実験業務を手助け頂く技術課の方々、プレスリリースやメディア対応など研究活動を社会に伝える広報室、学会出張や科研費による物品購入など書類作成を担う秘書の方々、全国の研究機関との共同利用研究や海外研究機関との合同国際会議の開催を企画する研究力強化戦略室などなど。ここで述べたのは基生研だけですが、大学院係や財務課などを要する岡崎統合事務センターや海外派遣のためのトラベルサポートや特別研究員（※後に詳述）に関わる総研大の本部などなど、様々なサポートがあります。研究所は研究活動に専念するための仕組みが備わってることを実感すると思います。

【機会】

基生研では研究発表を行う機会がたくさんあります。所属ラボ外の研究者(3名程度)に1対1で研究紹介を行う”生命科学プロGRESS”(半年に1回)、総研大の生命科学分野を担う生理学研究所、国立遺伝学研究所、統合進化科学研究センターと基生研という4機関でポスター発表を行う”生命科学リトリート”(年1回)、所内でのポスター発表会(2・4年生)や所内セミナーなどなど。これに加えて、ラボで参加する学会や研究会での発表があります。

非公式での研究発表も基生研では多いです(笑)。基生研の文化というか雰囲気としてラボ同士の垣根が非常に低く、飲み会や廊下での雑談を学生やポスドクから教授まで様々な人とする事が多いです。基生研は非常に多種多様な研究分野の人間がおり、扱う生物は個人によって千差万別であり研究手法においても人によって様々です。なので、自分の研究を紹介した時に多種多様な視点での質問が来ます。それが研究にブレイクスルーを与えてくれたり、共同研究に発展する事もしばしばあります。また、基生研では大学院生がライフステージの最初期です。そのため、次のステージのポスドクや助教の方と話をすることが自分の将来を考えることにとっても役立ちます。基生研では教授、名誉教授、所長との垣根も低いので色々な面白い話を聞くことも多いです。教科書や専門書に載ってる方々と話すのはなかなか緊張しますが…

【経済的な支援】

基生研ではRA制度によって入学してすぐの5年一貫制博士課程の1年目から年間約100万円の経済的な支援が得られます。この支援は年齢や国籍を問わずに援助しており、他大学の所属で基生研での研究を行う特別共同利用研究員も受給されます。また、学生によっては学術振興会から受給するDC1,DC2によって給料を受給しています。さらに、5年一貫制博士の3年目(普通の大学での博士1年)からはJSTの「次世代研究者挑戦的研究プログラム」,「次世代AI人材育成プログラム」によって総研大から特別研究員として採用されると、前者では研究奨励費として月額19万円,研究費として年額32万円が、後者では研究奨励費として月額30万円,研究費として年額30万円を受給することが出来ます。とても有難い事に自分自身は総研大の特別研究員として採用頂いたことで生活への不安感が払拭され、研究活動に邁進しています。また、総研大の特別研究員に選ばされると、核融合研究所や情報学研究所,民俗学博物館など多種多様な研究機関の学生と交流が出来ます。

最後になりますが、基生研での大学院生活は自立した研究者を育成するものです。立場は学生ですが、研究の場面では学生として扱われるのではなく、“1人の研究者”として扱われます。自分で考え、実験し、解析したデータを発表し、論文によって出版する。そのサイクル全てを自身が行うだけのスキルを身につけた先に博士号が待っています。たぶん…

入学した当初は右も左も分からない受精卵でしたが、今では右と左がギリ分かるので桑実胚くらいになりました。ここから1番大事な原腸形成を頑張っ、ヒヨコとなって世に羽ばたいて行きたいと思います。



福島 健児
コロラド大学 研究員（執筆当時）
現 遺伝学研究所 准教授

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てみると、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けていきました。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（2017年当時）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 (2023 - 2026)

- Bou, K. and Agata, K. (2026). Introns as protective buffers against transposable elements invasion during genome gigantism in a newt. *Genes Cells*. 31, e70102.
- Toyama, A., Goto, Y., Yamauchi, Y., Sugiyama, H., Kondo, Y., Mochizuki, A., and Aoki, K. (2025). Quantification of Cyclin-CDK dissociation constants using FCCS with green and near-infrared fluorescent proteins. *J. Cell Sci*. 138, jcs262334.
- De Villiers, R.M., Palfalvi, G., Kanai, A., Suzuki, Y., Hasebe, M., and Ishikawa, M. (2025). STEMIN transcription factor drives selective chromatin remodeling for gene activation within a relaxed chromatin during reprogramming in the moss *Physcomitrium patens*. *Plant J*. 123, e70386.
- Tsuruoka, T., Goto, Y., and Aoki, K. (2025). Opto-p53: A light-controllable activation of p53 signaling pathway. *Cell Struct. Funct*. 50, 145-156.
- Nakamura, R., Hayashi, A., Nakagawa, R., Yoshimura, Y., Horikoshi, N., Kurumizaka, H., and Nakayama, J.-I. (2025). Intrinsically disordered region of Ctr4/Suv39 regulates its enzymatic activity and ensures heterochromatin spreading. *Nucleic Acids Res*. 53, gkaf878.
- Tan, K.X.Y., and Shigenobu, S. (2025). Targeted disruption of the *cls* gene in *Buchnera aphidicola* impairs membrane integrity and host symbiont dynamics. *iScience* 28. 113178.
- Murakami, A., Komatsu, Y., and Takizawa, K. (2025). Remote Detection of Red Edge Spectral Characteristics in Floating Aquatic Vegetation. *Astrobiology* 25. 209-224.
- Horiuchi, Y., Umakawa, N., Otani, R., Tamada, Y., Kosetsu, K., Hiwatashi, Y., Wakisaka, R., Yoshida, S., Murata, T., Hasebe, M., Ishikawa, M., and Kofuji R. (2025). *Physcomitrium LATERAL SUPPRESSOR* genes promote formative cell divisions to produce germ cell lineages in both male and female gametangia. *New Phytol*. 245. 2004-2015.
- Matsumoto, A., Daigaku, Y., and Tsubouchi, T. (2025). Polymerase-usage sequencing identifies initiation zones with less bias across S phase in mouse embryonic stem cells. *J. Biochem*. 177, 213-223.
- Oya, T., Tanaka, M., Hayashi, A., Yoshimura, Y., Nakamura, R., Arita, K., Murakami, Y., and Nakayama, J. (2025). Characterization of the Swi6/HP1 binding motif in its partner protein reveals the basis for the functional divergence of the HP1 family proteins in fission yeast. *FASEB J*. 39, e70387.
- Nakagawa, S., Hoshino, A., and Park, K.-I. (2025). Labor- and cost-effective long-read amplicon sequencing using a plasmid analysis service: application to transposon-containing alleles in Japanese morning glory. *Genes Genet. Syst*. 100, 100.
- Shimizu, S., Katayama, T., Nishiumi, N., Tanimoto, M., Kimura, Y., and Higashijima, S. (2025). Spatially ordered recruitment of fast muscles in accordance with movement strengths in larval zebrafish. *Zoological Lett*. 11, 1.
- Itoh, T., Kondo, Y., Aoki, K., and Saito, N. (2024). Revisiting the evolution of bow-tie architecture in signaling networks. *NPJ Syst. Biol. Appl*. 10, 70.
- Sakurai, J., Oka, S., Higuchi, Y., Ohsawa, S., and Fujimori, T. (2024). Effects of blastocyst elongation and implantation chamber formation on the alignment of the embryonic axis and uterine axis in mice. *Front. Cell Dev. Biol*. 12, 1421222.
- Zhang, L., Sasaki-Sekimoto, Y., Kosetsu, K., Aoyama, T., Murata, T., Kabeya, Y., Sato, Y., Koshimizu, S., Shimojima, M., Ohta, H., Hasebe, M., and Ishikawa, M. (2024). An ABCB transporter regulates anisotropic cell expansion via cuticle deposition in the moss *Physcomitrium patens*. *New Phytol*. 241, 665-675.
- Murakami, A., Kim, E., Minagawa, J., and Takizawa, K. (2024). How much heat does non-photochemical quenching produce?. *Front. Plant Sci*. 15, 1367795.
- Tan, K.X.Y., and Shigenobu, S. (2024). In vivo interference of pea aphid endosymbiont *Buchnera groEL* gene by synthetic peptide nucleic acids. *Sci. Rep*. 14, 5378.
- Sugiura, N., and Agata, K. (2024). FGF-stimulated tendon cells embrace a chondrogenic fate with BMP7 in newt tissue culture. *Dev. Growth Differ*. 66, 182-193.
- Suzuki, M., Takada, S., and Mii, Y. (2024). Dissection of *N*-deacetylase and *N*-sulfotransferase activities of NDST1 and their effects on Wnt8 distribution and signaling in *Xenopus* embryos. *Dev. Growth Differ*. 66, 248-255.
- Kumazaki, T., Yonekawa, C., and Tsubouchi, T. (2023). Microscopic Analysis of Cell Fate Alteration Induced by Cell Fusion. *Cell Reprogram*. 25, 251-259.
- Kuroki, Y., and Agata, K. (2023). Isolation of planarian viable cells using fluorescence-activated cell sorting for advancing single-cell transcriptome analysis. *Genes Cells* 28. 800-810.
- Rahayu, A. F., Hayashi, A., Yoshimura, Y., Nakagawa, R., Arita K., and Nakayama J. (2023). Cooperative DNA-binding activities of Chp2 are critical for its function in heterochromatin assembly. *J. Biochem*. 174. 371-382.
- Hatakeyama, Y., Saito, N., Mii, Y., Takada, R., Shinozuka, T., Takemoto, T., Honda, N., and Takada, S. (2023). Intercellular exchange of Wnt ligands reduces cell population heterogeneity during embryogenesis. *Nat. Commun*. 14. 1924.
- Horio, T., Ishikura, Y., Ohashi, R., and Shiina N. (2023). Regulation of RNG105/caprin1 dynamics by pathogenic cytoplasmic FUS and TDP-43 in neuronal RNA granules modulates synaptic loss. *Heliyon* 9, e17065.
- Sugioka, T., Tanimoto, M., and Higashijima, S. (2023). Biomechanics and neural circuits for vestibular-induced fine postural control in larval zebrafish. *Nat. Commun*. 14, 1217.
- Yamashita, A., Shichino, Y., Fujii, K., Koshidak, Y., Adachi M., Sasagawa, E., Mito, M., Nakagawa, S., Iwasaki, S., Takao, K., and Shiina N. (2023). ILF3 prion-like domain regulates gene expression and fear memory under chronic stress. *iScience* 26, 106229.



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。

2025 年度 特別共同利用研究員

氏名	所属	研究題目
御子柴 誠也	名古屋大学大学院 理学研究科理学専攻	マウス着床後胚における前後軸方向決定過程の解析
小川 佳孝	名古屋大学大学院 理学研究科理学専攻	ユビキチンシステムを通じた人為的タンパク質の分解制御の研究
東條 義大	東京科学大学 生命理工学院生命理工学コース	超解像顕微技術の開発および光合成捕集系の超複合体スケールでの機能解析
佐藤 晋	大阪公立大学大学院 理学研究科生物学専攻	ヘビ特有の体軸伸長を誘導する進化の分化メカニズムの解明

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。

超階層生物学共同利用研究

遺伝子から高分子、細胞小器官、細胞、組織、器官、個体、個体群にいたる様々な階層に渡る生物現象を統合的に理解するために、所外と所内の教員が共同して行う研究。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100万円の研究費を助成する他、報告会・ワークショップの開催を推奨しており、各々最大50万円までの範囲で開催に必要な経費を申請することができます。

新規モデル生物開発共同利用研究

生物学研究に有用な新しいモデル生物の確立および開発に向けて、所外と所内の教員が共同して行う研究。本共同利用研究は新しいモデル生物の確立や開発が生物学の進展に極めて重要であるとの観点から推進するもので「モデル生物の創成、改良等新規なモデル生物の確立にむけた研究」「モデル生物や新規解析技術の普及を目指すワークショップ等の開催」を対象とします。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。

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50万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/>

2025年度共同利用研究課題は、こちらからご覧ください。
<https://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/project/2025.pdf>



受賞

2025年度

令和7年度 科学技術分野の文部科学大臣表彰 科学技術賞（研究部門）

吉田 松生（生殖細胞研究部門 教授）

2024年度 日本細胞生物学会論文賞

尾納 隆大（技術課 技術主任）

2025年度 日本動物学会賞

成瀬 清（バイオリソース研究室 特任研究員／総合研究大学院大学 名誉教授）

2025年度 日本動物学会奨励賞

城倉 圭（神経行動学研究部門 若手研究者雇用特別研究員）

第14回 自然科学研究機構 若手研究者賞

西海 望（神経行動学研究部門 元 若手研究者雇用特別研究員）

第42回 井上研究奨励賞

福田 彩華（神経行動学研究部門 若手研究者雇用特別研究員）

MBSJ-EMBO Poster Award 2025

中根 丞維（幹細胞生物学研究室 元 総研大生）

第20回 わかしち奨励賞 基礎科学研究部門 最優秀賞

金澤 建彦（細胞動態研究部門 助教）

2025年度 NIBB 若手研究者賞

第1位 Feng Yihong（細胞動態研究部門 特任助教）

第2位 依田 真一（進化ゲノミクス研究室 特任研究員）

第3位 嵐田 遥（共生システム研究部門 特任助教）

プレスリリース一覧

<2025年度>

2025年4月7日

雌雄異株から雌雄同株への進化に伴う性染色体の運命とは — コケ植物の有性生殖システム転換における染色体再編成の解明—
（京都大学、広島大学、基礎生物学研究所 超階層生物学センター、近畿大学、科学技術振興機構）

2025年4月8日

マウスの遺伝子解析を行う大規模基盤モデルの開発に成功 — データ変換によるヒトの疾病予測や創薬への応用も可能に—
（中部大学、基礎生物学研究所 超階層生物学センター／進化ゲノミクス研究室、筑波大学）

2025年5月16日

種子でのタンパク質の大量輸送の仕組みはどのようにして誕生したのか — 膜交通タンパク質の段階的な機能変化が示す進化の足跡—
（基礎生物学研究所 細胞動態研究部門、東京大学、お茶の水女子大学、立命館大学）

2025年6月20日

量子輸送ネットワーク解析により光合成を担うクロロフィルの組成の意義が明らかに — 「効率よりも安全」植物が選んだ戦略とは—
（基礎生物学研究所 環境光生物学研究部門、分子科学研究所、東京大学）

2025年6月27日

大事な物質を維持するための"隠れた消費抑制機構" — 見かけの安定に潜む代謝産物制御メカニズムの解明—
（東北大学、科学技術振興機構、基礎生物学研究所 細胞活力制御研究室、東京大学）

2025年8月4日

エレクトロポレーション（電気穿孔法）を用いたカブトムシの遺伝子機能解析手法の確立に成功
（基礎生物学研究所 進化発生研究部門、京都大学）

2025年8月7日

アブラムシに最適化したゲノム編集法により越冬卵を守る遺伝子の働きを解明
(基礎生物学研究所 進化ゲノミクス研究室)

2025年8月8日

植物の葉細胞が幹細胞に変わる仕組み ～DNAのたたみ方を段階的に変えるメカニズムの発見～
(基礎生物学研究所 生物進化研究部門、総合研究大学院大学)

2025年8月20日

植物の「光ストレス応答」と「ゲノム可塑性」を繋ぐ発見：DET1タンパク質による光合成光防御反応とトランスポゾン活性化の統合制御
(基礎生物学研究所 環境光生物学研究部門)

2025年9月18日

水中でバランスを保つ秘密 ～成魚が体をわずかに曲げて姿勢を保つメカニズムを発見～
(基礎生物学研究所 神経行動学研究部門、生命創成探究センター、総合研究大学院大学)

2025年9月22日

遺伝子のスイッチ OFFに関わるヒストンのメチル化酵素の活性を制御する新たな仕組みを発見
(基礎生物学研究所 クロマチン制御研究部門、総合研究大学院大学、東京大学)

2025年9月30日

ハエトリソウの"触覚"センサーを解明 -植物の感覚の解明に向けて大きく前進-
(埼玉大学、基礎生物学研究所 生物進化研究部門、科学技術振興機構)

2025年10月2日

ヒトの7倍の巨大ゲノムを解読 -イベリアトゲイモリが示す発生・再生・進化・行動の謎-
(基礎生物学研究所 超階層生物学センター、広島大学、東京科学大学、琉球大学、情報・システム研究機構、国立遺伝学研究所、日本獣医生命科学大学、徳島大学、東邦大学、中央大学、玉川大学、鳥取大学)

2025年10月3日

植物細胞に存在した新たな細胞内輸送経路の発見 ～植物特異的膜交通タンパク質が明かす液胞膜からのリサイクリング機構～
(基礎生物学研究所 細胞動態研究部門、愛媛大学、お茶の水女子大学)

2025年10月10日

光合成生物の分裂に新たな仕組みを発見 -チラコイド膜を形づくるタンパク質が細胞・葉緑体分裂にも関与-
(日本大学、基礎生物学研究所 環境光生物学研究部門、国立遺伝学研究所、山形大学)

2025年10月16日

アサガオがつぼみから咲いてしおれるまで、花卉でのすべての遺伝子の動きを明らかに
(基礎生物学研究所 分野横断研究ユニット、総合研究大学院大学)

2025年10月24日

ヌクレオシド補給によるDNA複製速度上昇において新たなメカニズムを発見
(基礎生物学研究所 幹細胞生物学研究室)

2025年11月27日

原始緑藻の集光タンパクの構造と機能に着目し海底環境に特化した光合成アンテナを発見
(大阪公立大学、大阪大学、基礎生物学研究所 環境光生物学研究部門)

2025年12月4日

プラナリアの無性生殖から有性生殖への転換に必要な遺伝子を発見
(弘前大学、慶應義塾大学、基礎生物学研究所 超階層生物学センター、東邦大学)

2025年12月23日

千葉工業大学・基礎生物学研究所・兵庫県立大学の研究チーム、次世代AI技術「HetAESN」アーキテクチャを開発 -高次元・マルチスケール時系列予測で従来モデルを凌駕する性能を達成-
(千葉工業大学、基礎生物学研究所 神経生理学研究室、兵庫県立大学)

2026年1月29日

動的な細胞接触を捉える蛍光センサー Gachapin を新開発 ～従来困難だった一過的な接触や「自己接触」のリアルタイム可視化を実現～
(大阪大学、基礎生物学研究所 神経細胞生物学研究室、三重大学)

2026年2月18日

観賞用メダカがどこから来て多様な体の色や形を育んできたのか、世界初の大規模ゲノムDNA解析によって明らかに -関西・瀬戸内由来であることやヒトの不随意運動症との関連を発見-
(広島大学、長浜バイオ大学、国立遺伝学研究所、基礎生物学研究所 バイオリソース研究室)

2026年2月19日

共生細菌の置き換えによって加速するゲノムの縮小進化 ～アブラムシ多重共生系におけるパートナーの交代劇と進化の連鎖を解明～
(基礎生物学研究所 進化ゲノミクス研究室)

2026年3月4日

細胞の方向性はどのように揃えられるのか? -従来の濃度勾配説を覆すメカニズムを発見-
(基礎生物学研究所 分子発生学研究部門、京都大学)

2026年3月13日

"脳のない動物"が示す高度な神経統合 -クシクラゲの平衡器の神経コネクトームを世界で初めて解明-
(基礎生物学研究所 神経行動学研究部門、生命創成探究センター)

2026年3月19日

不均一な組織で細胞の向きを揃えるメカニズム ～数理とAIが明らかにした細胞種配置のルール～
(基礎生物学研究所 初期発生研究部門)

2026年3月30日

メタゲノム由来ゲノムを収集・整理した統合データベース「Microbiome Datahub」を開発 -21万ゲノム以上のMAG配列と環境・機能情報を統合し、微生物研究を加速-
(国立遺伝学研究所、基礎生物学研究所 ゲノム情報研究室、東京科学大学、京都大学)



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、また最先端の研究成果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69回基礎生物学研究所コンファレンス

Deciphering Biological Phenotypes Regulated by Cell Vigor

開催期間：2025年11月6日～11月7日

会場：岡崎コンファレンスセンター

オーガナイザー：

三浦 正幸（基礎生物学研究所）

藤森 俊彦（基礎生物学研究所）

共同オーガナイザー：

立松 圭（基礎生物学研究所）

招待講演者

Ulrich Brinkmann (Roche Innovation Center Munich, Penzberg, Germany)

Sharad Kumar (University of South Australia, Australia)

Yusuke Toyama (National University of Singapore, Singapore)

Benjamin Weaver (The University of Texas Southwestern Medical Center, USA)

Junying Yuan (Chinese Academy of Sciences, China)

井垣 達史（京都大学）

岡田 康志（東京大学/理化学研究所 生命機能科学研究センター）

長田 重一（大阪大学）

古藤 日子（産業技術総合研究所）

篠田 夏樹（東京大学）

三浦 恭子（九州大学）

宮脇 敦史（理化学研究所）

本橋 ほづみ（東北大学）

山口 良文（北海道大学）

吉田 松生（基礎生物学研究所）

若本 祐一（東京大学）



開催報告

三浦 正幸（基礎生物学研究所長）

細胞の活動は、物質を分解する異化と合成する同化からなる代謝によって支えられており、これは「壊すこと」と「創ること」が互いに生命維持に関わっている端的な例です。本コンファレンスでは、細胞の活力が低下する生命現象に注目し、分子から個体レベルまで、それぞれの階層で取り組まれている研究から生物の活力の制御機構とその生理的な役割を考察することを目的に企画しました。

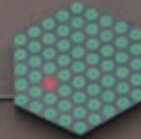
キーノートレクチャーでは、Yuan 博士が「How do cells die?」という問いに対する多岐にわたる研究を紹介し、ミクログリアにおける制御されたネクローシス機構が神経変性の進行に関わる可能性を示しました。長田博士は、アポトーシス時に細胞膜リン脂質の非対称性が乱れる現象を制御する中心分子であるフリッパーゼとスクランブラーゼファミリーの包括的かつ詳細な解析から、生体膜のリン脂質非対称性制御が多彩な生理機能を持つことを明らかにしました。

続く講演では、細胞死およびストレス応答に関するテーマが紹介されました。次に、細胞社会の文脈における細胞活力低下や幹細胞維持の制御に焦点が当てられました。細胞活力制御の個体レベルでの生命現象に関してはユニークな生物を用いた研究が紹介されました。

上記の異なる階層の研究において、生体イメージング技術が積極的かつ有効に用いられました。中でも、技術開発によって未知の細胞状態を明らかにした宮脇博士の研究、細胞が活着している状態の理解に焦点を当てた岡田博士の研究は、細胞活力の捉え方に大きな示唆を与えるものでした。

ポスターセッションにおいても、生物種や解析の階層を超えた多岐にわたる37演題の発表がなされ、活発な議論が展開されました。「細胞の活力制御」という素朴な問いに関するコンファレンスでしたが、共通の興味のもとで深い議論が行われ、特に若手研究者の議論への積極的な参加が印象的でした。

本会議を非常に有意義なものにくださった発表者と参加者の皆様（106名：中国、米国、オーストラリア、シンガポール、ドイツ、日本）、そして財政的支援をいただいた ABiS、PiCLS、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、細胞活力制御研究室、基生研技術課の皆様に心よりお礼を申し上げます。



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。近年のバイオイメージング分野での連携活動を踏まえ、2024年7月に連携協定が更新されました。



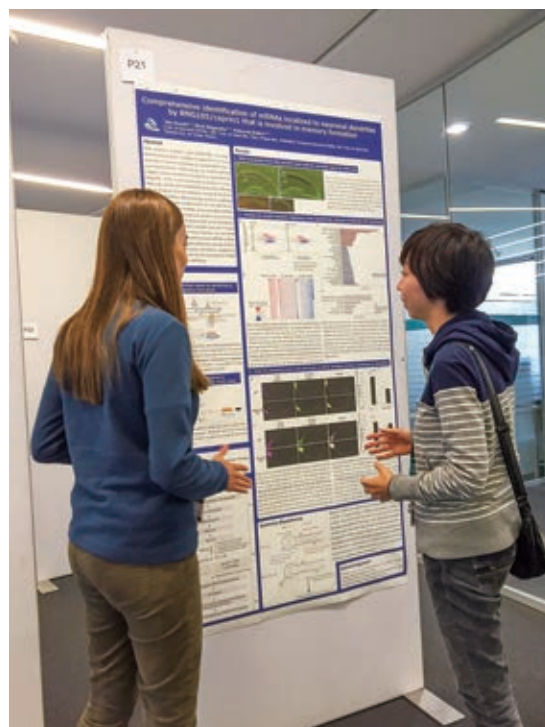
小森彰夫自然科学研究機構長の署名による協定更新文書を持参した阿形清和所長(右)とEMBL所長Edith Heard博士(左)(肩書は全て当時)

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"

Dr. Thorsten Henrich

2005年11月8日

"Control of Proliferation and Differentiation in the Developing Retina"

Dr. Jochen Wittbrodt

2006年4月12日

"Assembly of an RNP Complex for Intracellular mRNA Transport and Translational Control"

Dr. Anne Ephrussi

2006年6月24日

NIBB Special Lecture (for young scientists)

"A late developer; My career in science"

Dr. Iain Mattaj (EMBL 所長)

2006年11月29日

"A post translationally modified protein as biomarker for the caucasian form of moyamoya disease"

Dr. Thomas Andreas Franz

2006年12月27日

"Understanding of biological systems as dynamics"

Dr. Kota Miura

2008年4月17日

"Light sheet based Fluorescence Microscopes (LSFM, SPIM, DSLM) - Tools for a modern biology"

Dr. Ernst Stelzer

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"

Dr. Anne Ephrussi

2019年8月21日

"Outbred Genetics in Medaka fish and humans - bringing models and medicine together"

Dr. Ewan Birney

2025年12月16日

"Beyond Energy and Growth: A Signaling Role of Metabolism in Developmental Timing"

Dr. Hidenobu Miyazawa



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

Dr. Thorsten Henrich

2019年8月21日

Dr. Ewan Birney (EMBL-EBI 所長)



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)・Dr. Ewan Birney

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、2016年からはさらに生命科学分野での交流へと発展させ、これまで発生生物学、細胞生物学、イメージング生物学、生物物理学、脳科学分野などの幅広い分野で国際共同研究を進めています。2025年1月には学術交流協定が更新されました。

NIBB/NINS - プリンストン大学 合同シンポジウム

- 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)
- 第3回 2023年3月22日～23日
Emerging Life Sciences (Princeton Univ.)

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)

2024年5月15日～17日
NIBB-Princeton Joint Proteomics Training Course 2024 - Advanced proteomics to define protein function and dynamic regulation - (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）

2022年4月から2025年2月 8回
上野 直人（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 Univ.)
Prof. Lynn Enquist (Chair, Dept. of Molecular Biology, Princeton Univ.)

2017年7月18日～22日
Prof. Ileana M. Cristea (Department of Molecular Biology, Princeton University)
Dr. Todd Greco (Dept. of Molecular Biology, Princeton Univ.)
2017年10月17日
Prof. Pablo Debenedetti (Dean of Research, Dept. of Chemical and Biological Engineering, Princeton Univ.)

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

2024年5月13日～17日
Prof. Ileana M. Cristea (Dept. of Molecular Biology, Princeton Univ.)
Dr. Todd Greco (Dept. of Molecular Biology, Princeton Univ.)

NIBB 滞在

2010年3月～5月

Dr. Dayalan Srinivasan (Dept. of Ecology and Evolution Biology, Princeton Univ.)

2022年7月9日～12月22日

Dr. Ellen Reed (Dept. of Molecular Biology, Princeton Univ.)

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 (Dept. of Molecular Biology, Princeton Univ.)

2018年6月11日

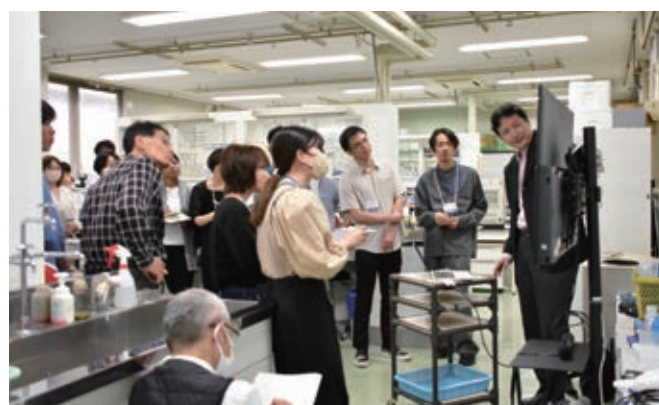
“New Roles for Motile Cilia in Development and Disease”

Associate Prof. Rebecca D. Burdine (Dept. of Molecular Biology, Princeton Univ.)

2019年1月15日

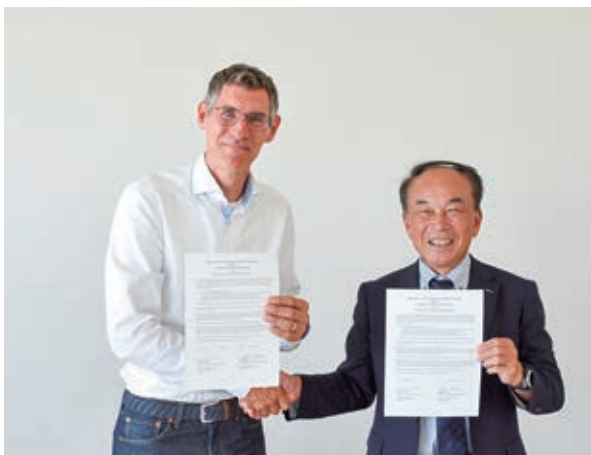
“Single cell resolution of animal development”

Prof. Michel Levine (The Lewis-Sigler Institute for Integrative Genomics / Dept. of Molecular Biology, Princeton Univ.)



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、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を行ってきました。これまでの活動を踏まえ、2024年7月に連携協定の更新を行いました。



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(2019, 肩書は全て当時)

NIBB-COS Workshop

2022年10月12日～13日
COS Heidelberg, Germany

2024年10月8日～10日
岡崎コンファレンスセンター

NIBB-COS Online Meeting

2021年3月30日
The Kick Off (1st) meeting for NIBB-COS Heidelberg International Collaborations
Lecture series #1 "Plant Root Development"

2021年6月25日
The 2nd Meeting for NIBB-COS Heidelberg International Collaborations
Lecture series #2 "Stem Cell"

2022年3月31日
The 3rd Meeting for NIBB-COS Heidelberg International Collaborations
Lecture series #3 "Cell Signaling / Cell Biology"

2022年7月5日
The 4th Meeting for NIBB-COS Heidelberg International Collaborations

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)

2023年3月7日
頼本 隼汰 (基礎生物学研究所)

2023年8月1日～10月10日
金澤 建彦 (基礎生物学研究所)

2023年8月5日～8日
高田 慎治 (基礎生物学研究所)
鈴木 美奈子 (基礎生物学研究所)
Tran Thi Hong Nguyen (基礎生物学研究所)

2023年12月11日～15日
坪内 知美 (基礎生物学研究所)
熊崎 泰成 (基礎生物学研究所)

2024年2月19日～22日
成瀬 清 (基礎生物学研究所)

2024年3月12日～13日
吉田 拓也 (基礎生物学研究所)

2025年1月19日～25日
倉島 公憲 (基礎生物学研究所)

2025年4月2日～10日
城倉 圭 (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 Meisel (W2 Professorship, COS Heidelberg)

2019年9月8日～9日

Dr. Annika Guse (W2 Professorship, COS Heidelberg)

2023年11月22日～12月4日

Xiaomin Liu (Ph.D Student, COS Heidelberg)

2025年4月10日～7月4日

Juliane Lenze (Master Student, 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

Annika Guse (Professor, COS Heidelberg)

岸本 真理子 (基礎生物学研究所)

上野 直人 (基礎生物学研究所)

ゼニゴケでの細胞内小胞輸送に関する国際共同研究

Karin Schumacher (Professor, COS Heidelberg)

上田 貴志 (基礎生物学研究所)

金澤 建彦 (基礎生物学研究所)

幹細胞性の維持に関する国際共同研究

Ingrid Lohmann (Professor, COS Heidelberg)

Sergio P. Acebron (Professor, COS Heidelberg)

坪内 知美 (基礎生物学研究所)

野生メダカ系統を用いた温度環境応答に関する国際共同研究

Joachim Wittbrodit (Professor, COS Heidelberg)

成瀬 清 (基礎生物学研究所)

クシクラゲを用いた細胞生物学での国際共同研究

Gaspar Jekrey (Professor, COS Heidelberg)

東島 真一 (基礎生物学研究所)

城倉 圭 (基礎生物学研究所)

コンスタンツ大学 KoRS-CB/CRC1756 との連携活動

コンスタンツ大学 Konstanz Research School Chemical Biology (KoRS-CB) は、コンスタンツ大学の生物学と化学の双方の分野の研究者が所属し、生物化学分野の研究を推進しています。また、コンスタンツ大学がドイツ研究振興協会 (DFG) からの予算措置を受けて設置された Collaborative Research Center 1756 (CRC1756) の中心として、生物化学分野での教育と研究を推進しています。2026年4月に両者の間で連携協定を締結し、今後、双方の大学院生の交流、並びに、双方の研究手法や研究集会等の情報共有を中心に交流を深めていくことが期待されます。

KoRS-CB 訪問

2025年1月17日～19日

2025年11月29日～12月1日

上田 貴志 (基礎生物学研究所)



NIBB 訪問

2026年2月24日～25日

Prof. Dr. Jörg Hartig (KoRS-CB / CRC 1756)

Prof. Dr. Erika Isono (KoRS-CB / CRC 1756)

Prof. Dr. Florian Stengel (KoRS-CB / CRC 1756)

Prof. Dr. Karin Hauser (KoRS-CB / CRC 1756)

Prof. Dr. Thomas Mayer (KoRS-CB / CRC 1756)

Dr. Tina Romer (KoRS-CB / CRC 1756)



合同セミナー

2026年2月24日～25日

NIBB - CRC 1756/KoRS-CB International Exchange Seminars



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)”への参加や最新のイメージング技術を共有するなど、その連携活動に携わっています。今後、GBIに参加している各国のイメージングネットワーク組織を繋いだ協力関係が強化され、さらなる連携や情報共有が進む予定です。



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 (2018, 肩書は全て当時)



2026年10月26日～29日(予定)
Exchange of Experience 2026 (Heidelberg, Germany)
甲本 真也 (基礎生物学研究所)

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～8日

Exchange of Experience V (オンライン)

上野 直人 (基礎生物学研究所)

2021年9月8日～9日

Exchange of Experience VI (オンライン)

上野 直人 (基礎生物学研究所)

2022年9月14日～16日

Exchange of Experience VII (Montevideo, Uruguay)

上野 直人 (基礎生物学研究所)

2023年10月25日～27日

Exchange of Experience 2023 (Stellenbosch, South Africa)

上野 直人 (基礎生物学研究所)

甲本 真也 (基礎生物学研究所)

2025年10月6日～10日

Exchange of Experience 2025 (Montreal, Canada)

甲本 真也 (基礎生物学研究所)

Exchange of Experience (EoE) の開催

2024年10月29日～31日

Exchange of Experience 2024 (岡崎コンファレンスセンター)

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)

2023年7月3日～7日

ABiS-GBI 2023 course - Image data: image analysis, data management and reuse (基礎生物学研究所 岡崎、理化学研究所 神戸)



共同利用・共同研究拠点との連携活動

基礎生物学研究所では、新分野創成や異分野融合研究のために、特徴ある研究を行っている国内外の他機関との連携を推進し、国内外の研究者が参画する高次の生命現象解明に向けた共同利用・共同研究推進体制の強化を進めています。全国の大学に附置されている共同利用・共同研究拠点(共共拠点)との連携により、生命科学の研究拠点ネットワークを構築し、情報共有や人材育成を推進しています。

主な活動

北海道大学 低温科学研究所

- ・哺乳類冬眠の理解に向けた共同研究の実施

熊本大学 発生医学研究所

- ・ほ乳類精子形成の温度依存性に関する共同研究の実施
- ・発生生物学分野での若手研究者や大学院生が参加する勉強会の定例開催
- ・発生医学研究所主催の国際セミナー等へのオンライン参加

徳島大学 先端酵素学研究所

- ・先端バイオイメージング支援プラットフォームによる画像取得および画像解析の共同研究の実施、ゲノム編集技術に関する情報共有
- ・質量分析装置に関する技術・手法の共有、および、トレーニングコースの共催

群馬大学 生体調節研究所

- ・植物細胞の膜交通システムに関する共同研究の実施
- ・生体調節研究所主催のシンポジウムでの研究事例などの紹介

琉球大学 熱帯生物圏研究センター

- ・刺胞動物の環境応答に関する共同研究の実施
- ・シロアリの社会性及びゲノム情報に関する共同研究の実施
- ・大学院生等の相互訪問による交流

NIBB 訪問

2023年3月2日

佐藤 美由紀 教授 (群馬大学 生体調節研究所)

2024年6月6日

西村 隆史 教授 (群馬大学 生体調節研究所)

2024年5月14日~17日

小迫 英尊 教授 (徳島大学 先端酵素学研究所)

西野 耕平 技術職員 (徳島大学 先端酵素学研究所)

共共拠点訪問

2023年9月1日 徳島大学 先端酵素学研究所

重信 秀治 (基礎生物学研究所)

吉田 拓也 (基礎生物学研究所)

2023年9月7日~8日 群馬大学 生体調節研究所

吉田 拓也 (基礎生物学研究所)

立松 圭 (基礎生物学研究所)

2025年6月11日 琉球大学 熱帯生物圏研究センター

藤森 俊彦 (基礎生物学研究所)

2025年9月29日~30日 熊本大学 発生医学研究所

坪内 知美 (基礎生物学研究所)

鈴木 賢一 (基礎生物学研究所)

2025年10月9日~10日 群馬大学 生体調節研究所

征矢野 敬 (基礎生物学研究所)

共共拠点との連携協定の締結

2019年12月9日

北海道大学 低温科学研究所



連携協定調印式での阿形清和所長と福井学 北海道大学低温科学研究所長

2020年5月26日

熊本大学 発生医学研究所 (オンライン調印式)



連携協定調印式での阿形清和所長と丹羽仁史 熊本大学発生医学研究所長

2020年11月26日

徳島大学 先端酵素学研究所 (オンライン調印式)



連携協定調印式での阿形清和所長と片桐豊雅 徳島大学先端酵素学研究所長

2021年4月7日

群馬大学 生体調節研究所 (オンライン調印式)



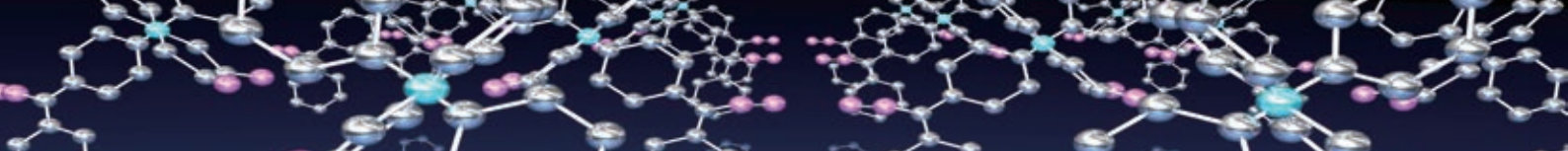
連携協定調印式での阿形清和所長と佐藤健 群馬大学生体調節研究所長

2024年11月18日

琉球大学 熱帯生物圏研究センター (オンライン調印式)



連携協定調印式での琉球大学の西田睦学長、熱帯生物圏研究センターの徳田岳教授、高橋俊一教授と藤森俊彦教授、阿形清和所長



AI解析に関する学術拠点との連携

基礎生物学研究所は、第4期中期計画期間にて、「遺伝子」、「高分子」、「細胞小器官」、「細胞」、「器官・組織」、「個体」、「個体群」に至る各階層の関係を結びつけ、階層（スケール）を超えて生命現象を解析する『超階層生物学』を推進します。超階層生物学研究では、次世代シーケンシングデータやバイオイメージングデータ等のビックデータに対し、AIを用いた解析を行うことで、新たな生物学的意義や発見を見出し、生命現象の理解を目指しています。AI解析の導入と情報共有、人材育成を目指して、2021年より国内外の学術機関と様々な連携を進めています。

連携機関

自然科学研究機構 生理学研究所
中部大学 AI数理データサイエンスセンター等

「マウス版 Geneformer」に関する共同研究の実施（中部大学）
重信 秀治（基礎生物学研究所）
藤吉 弘亘（中部大学）

2022年7月21日
中部大学および生理学研究所との連携交流に関する包括的協定書の締結

中部大学が主催する「AI技術講習会」への研究所の若手研究者派遣を通じた情報共有（中部大学）
2022年10月25日～26日
「生物学×深層学習スタートアップ講座」
2023年10月11日
「生物学×深層学習スタートアップ講座2」

主な活動

「AIと生命システム」をテーマとする連携セミナーの開催（生理学研究所、中部大学）
第1回 2021年10月28日 中部大学(オンサイト開催)
第2回 2022年1月27日 生理学研究所 (オンライン開催)
第3回 2022年3月28日 基礎生物学研究所 (ハイブリッド開催)
第4回 2023年1月27日 中部大学(ハイブリッド開催)
研究好事例の紹介や少人数グループディスカッションの実施、研究施設の見学



第4回 中部大学 生理学研究所 基礎生物学研究所 連携セミナー



東京工業大学-基礎生物学研究所-生理学研究所-中部大学 合同マッチングワークショップ

2024年2月21日～22日
東京工業大学-基礎生物学研究所-生理学研究所-中部大学 合同マッチングワークショップ
「生命と情報の新たな融和：超階層生物学とAI・数理」

2025年7月～12月
NIBB-Chubu Univ. AI-Biology Hackathon 2025

主な共同研究

「人の錯視」に関する共同研究の実施（中部大学）
渡辺 英治（基礎生物学研究所）
平田 豊（中部大学）

「動物行動学」に関する共同研究の実施（中部大学）
西海 望（基礎生物学研究所）
藤吉 弘亘（中部大学）

「動物の姿勢制御」に関する共同研究の実施（中部大学）
東島 真一（基礎生物学研究所）
平田 豊（中部大学）

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 2025 夏

[NGS 解析入門：UNIX・R・NGS の基本]

開催期間：2025 年 8 月 20 日～ 8 月 21 日
会場（受講生：基礎生物学研究所 聴講生：オンライン）

オーガナイザー：

重信 秀治（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）
内山 郁夫（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）

講師：

佐藤 昌直（北海道大学大学院 農学研究院）
渡辺 英治（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）
山口 勝司（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）
西出 浩世（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）
中村 貴宣（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）
杉浦 宏樹（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）

[実習内容]

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
統計学入門
AI 解析入門
演習

受講者 21 名 聴講生 258 名 (応募者 328 名)



ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース 2025 夏

[RNA-seq 入門：RNA-seq 解析パイプライン]

開催期間：2025 年 9 月 10 日～ 9 月 11 日
会場（受講生：基礎生物学研究所 聴講生：オンライン）

オーガナイザー：

重信 秀治（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）
内山 郁夫（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）

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 超階層生物学センター）
西出 浩世（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）

[実習内容]

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
RNA-seq 基礎、トランスクリプトベース、ゲノムベース、*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

受講者 19 名 聴講生 219 名 (応募者 311 名)



ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース 2026 春

「生命科学者のためのインフォマティクス入門」

開催期間：2026 年 2 月 4 日～ 2 月 5 日

会場（受講生：基礎生物学研究所 聴講生：オンライン）

オーガナイザー：

重信 秀治（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）

内山 郁夫（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）

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 超階層生物学センター）

西出 浩世（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）

中村 貴宣（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）

杉浦 宏樹（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）

[実習内容]

UNIX 基礎

R 入門

統計学入門

バイオインフォマティクスデータフォーマット

バイオインフォマティクス基本ツール

エディタとスクリプト

テキスト処理

演習

受講者 16 名 聴講生 102 名（応募者 140 名）

ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース 2026 春

「ゲノム解析入門 ～アセンブルからアノテーションまで～」

開催期間：2026 年 3 月 4 日～ 3 月 5 日

会場：基礎生物学研究所

オーガナイザー：

重信 秀治（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）

内山 郁夫（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）

[実習内容]

ゲノムインフォマティクス概論

体験ゲノム解析

アセンブル

アノテーション

ゲノム情報の可視化

基本フォーマットとツール

配列解析とデータベース検索の基礎

比較ゲノム解析の基礎

実践演習

受講者 19 名（応募者 30 名）

開催報告

内山 郁夫（データ統合解析室）

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、大規模なシーケンス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。手持ちのデータ解析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基礎的な内容にも力を入れた構成になっています。GITC には複数のコースがありますが、いずれも計算機によるハンズオン実習を含んでおり、受講者個々のスキルに応じてきめ細かいサポートを行う点が特徴となっています。

今年度は、まず例年行っている「NGS 解析入門」と「RNA-seq 入門」を夏に開催しました。「NGS 解析入門」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、統計的な考え方などを習得する基礎的なコース、「RNA-seq 入門」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実践的なコースで、両者を合わせて受講することで、RNA-seq 解析の基礎から実践までを学ぶことができます。昨年度同様に、オンサイト、オンラインのハイブリッド開催で、参加者はオンサイトできめ細かいサポートが受けられる受講生と、オンラインで遠隔地から気楽に参加できる聴講生という 2 種類の形態を選択できます。各コース 300 名を超える方に参加していただきました。

後半は、今年度から始まった二つのコースを開催しました。「生命科学者のためのインフォマティクス入門」は「NGS 解析入門」の内容を一部改変したもので、Unix や R、統計学を中心とした従来の内容を踏襲しつつ、必ずしも NGS 解析に特化しない汎用的な入門コースに改変しました。「ゲノム解析入門」は全く新しいコースで、近年のロングリードシーケンサーの発展に伴い、より容易になってきた新規ゲノム配列の決定に焦点を当てました。ゲノム配列のアセンブルからアノテーションまでを実践演習を交えて習得する中級向けのコースで、オンサイトのみで実施しました。

今年度は久しぶりに新規コースを開催しましたが、概ね好評でした。今後とも内容や方式についての検討を重ね、より良いコースにしていきたいと思っております。

OPT2025 基礎から学ぶ顕微鏡光学系実習

第5回 基礎から学ぶ顕微鏡光学系実習 OPT2025 ～きいて、みて、さわって！原理から学ぶ光学顕微鏡～

開催期間：
(前期) 2025年12月15日～16日
オンデマンド講義+実習
(後期) 2025年12月17日～19日
講義+実習
会場：自然科学研究機構 基礎生物学研究所
明大寺キャンパス 会議室
オーガナイザー・講師：
大友 康平 (順天堂大学 / ExCELLS / 生理学研究所 / ABiS)
勝木 健雄 (ソーラボジヤパン株式会社)
亀井 保博 (基礎生物学研究所 / ABiS)
甲本 真也 (基礎生物学研究所 / OIST / ABiS)
坂本 丞 (生理学研究所 / ABiS)
洲崎 悦生 (順天堂大学 / ABiS)
谷口 篤史 (北海道大学 / ジオラマ行動力学)
堤 元佐 (防衛医科大学校)
野中 茂紀 (ExCELLS / 基礎生物学研究所)
世話人：
浅尾 桃子 (基礎生物学研究所 / ABiS)
斎田 美佐子 (基礎生物学研究所)
高木 知世 (基礎生物学研究所)
餘家 博 (基礎生物学研究所 / ABiS)
依藤 絵里 (名古屋大学)
富菜 雄介 (北海道大学 / ABiS)
渡我部 ゆき (生理学研究所)
岡本 貴樹 (兵庫医科大学)
立崎 武弘 (ソーラボジヤパン株式会社)
市川 明彦 (カールツァイス株式会社)
長利 卓 (ライカマイクロシステムズ株式会社)
田中 晋太郎 (ライカマイクロシステムズ株式会社)
スーパーバイザー：
根本 知己 (ExCELLS / 生理学研究所 / ABiS)
東島 真一 (ExCELLS / 基礎生物学研究所 / ABiS)

プログラム

[前期]

1日目 12月15日(月)

開会の挨拶

光学系組み立て実習1, 2, 3, 4, 5

実習1：撮像系の構築 (レンズ1枚での結像)

実習2：撮像系の構築 (レンズ2枚での結像)

実習3：透過照明系の構築・レンズ1枚による照明

実習4：透過照明系の構築・クリティカル照明

実習5：透過照明系の構築・ケーラー照明

2日目 12月16日(火)

光学系組み立て実習6, 7

実習6：蛍光観察光路の構築

実習7：蛍光照明光路の改変

実習機と実機の対応確認

閉会の挨拶

[後期]

1日目 12月17日(水)

開会の挨拶

【講義1】光とその性質

【講義2】光学デバイス基礎 [レンズ編]

【講義3】顕微鏡光学系基礎

光学系組み立て実習1～5

実習1：撮像系の構築 (レンズ1枚での結像)

実習2：撮像系の構築 (レンズ2枚での結像)

実習3：透過照明系の構築・レンズ1枚による照明

実習4：透過照明系の構築・クリティカル照明

実習5：透過照明系の構築・ケーラー照明

2日目 12月18日(木)

【講義4】光学デバイス基礎 [検出器編]

【講義5】蛍光基礎・蛍光イメージング基礎

【講義6】サンプル調製の妙

光学系組み立て実習6, 7

実習6：蛍光観察光路の構築

実習7：蛍光照明光路の改変

実習機と実機の対応確認

ソーラボテクニカルセミナー「カスタム顕微鏡を設計してみよう」

3日目 12月19日(金)

【講義7】共焦点顕微鏡・二光子顕微鏡

【講義8】超解像顕微鏡

【講義9】ライトシート顕微鏡

【講義10】「講演：蛍光・発光タンパク質」

【講義11】「講演：組織透明化技術の基礎と応用」

【講義12】「コンサルテーションの心構え」

実習機と実機の対応確認

閉会の挨拶

受講者総数 20名 (前期 10名+後期 10名) (応募者 25名)



前期 実習の様子



後期 講義の様子



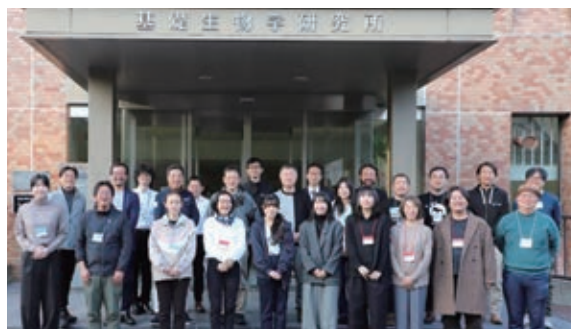
後期 実機実習



後期 組立実習



前期 集合写真



後期 集合写真

開催報告

亀井 保博 (バイオイメージング解析室)

学術変革領域研究(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)」の主催、基礎生物学研究所、生理学研究所、生命創成探究センター(ExCELLS)、学術変革領域研究「ジオラマ行動学」、ソーラボジャパンの共催により、「基礎から学ぶ顕微鏡光学系実習/OPTICAL MICROSCOPY PRINCIPLE TRAINING COURSE; 以下OPT2025」を12月15-16、17-19日に開催しました。本コースは、特定機種 of 顕微鏡の技術習得ではなく、光学顕微鏡の基本原則を座学で学び、さらに、レンズやフィルターなどの光学デバイスを光学定盤上に追加しカスタム顕微鏡を組み立てる実習により、原理の理解を定着させるように座学と実習のプログラムを組みました。受講対象者は、顕微鏡イメージングの初心者から、顕微鏡を自作してみたい研究者や、技術職員などの研究支援担当者と設定しました。

本コースの内容は、基礎座学40%、組立実習40%、先端顕微鏡技術解説20%とし、基礎座学は光を知る事から始め、レンズの役割、カメラの原理、蛍光、蛍光タンパク質などを学び、実習では、明視野・蛍光顕微鏡を組み立てて、最後は共焦点顕微鏡の原理を理解するための課題を行いました。高度な顕微鏡技術や先端バイオイメージング手法の座学として、蛍光タンパク質や発光タンパク質、二光子顕微鏡、超解像顕微鏡、ライトシート顕微鏡なども学び、実機実習として共焦点顕微鏡の実機による実習も追加しました。

また、本実習の受講機会を増やすために遠征開催も進めています。2025年度には、佐賀大学、九州大学、北海道大学、兵庫医科大学の顕微鏡や機器施設の協力を得てサテライト開催として実施しました。座学部分はオンデマンド講義を事前に受講し、組立実習を各サテライトで実施する形式です。サテライト開催では、受講生だけでなく施設スタッフの方々のより深い学びの機会にもなっています。

最後に、準備、運営ならびに講義にご尽力いただいた講師および世話人の皆様、そして各サテライト会場のスタッフの方々皆さまのご協力に御礼申し上げます。

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2025

開催期間：2025年12月22日～12月24日

会場：自然科学研究機構 基礎生物学研究所

オーガナイザー・講師：

代表：加藤 輝（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）

野中 茂紀（ExCELLS、基礎生物学研究所）

村田 隆（神奈川工科大学）

スーパーバイザー：

藤森 俊彦（基礎生物学研究所）

東島 眞一（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 #1（野中）

・ マクロとは何か、基本編

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）

定量的解析のための画像データの準備法（亀井）

ImageJ マクロ講義・実習 #2（野中）

・ 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）

・ Intensity の定量

AI 活用のための基礎知識（小山）

画像の定量化について 講義・実習（加藤、小山）

・ 数の定量

・ 形の定量

・ 画像の特性（模様など）の定量

・ 動きの定量

クリニック（受講者が実際直面している問題についての議論）
（全講師）

受講者 20 名

（応募者 44 名）



開催報告

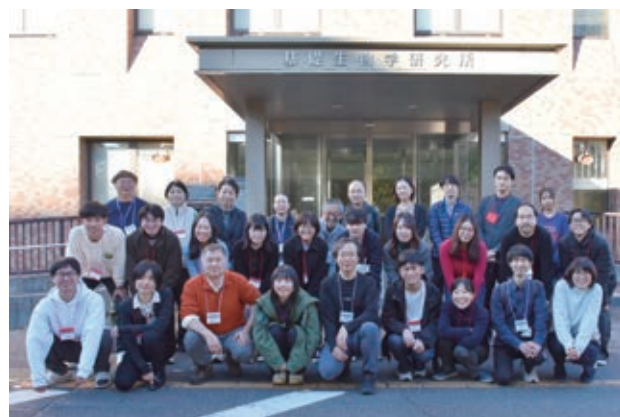
加藤 輝（バイオイメージング解析室）

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2025」を12月22～24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としています。第13回目の開催となった本年度は16名の定員に対し44名の応募があり、生物画像データ解析への関心並びに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・解析ソフトウェアであるImageJを用い、その基本操作、画像処理・解析について実習を行いました。また、近年の顕微鏡画像の多次元化・大容量化に対応するべく、これらの作業をマクロプログラムとして記述、自動化する技法について実習しました。

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、解説ならびに議論を行いました。

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。



生物データ解析のための・Python AI プログラミング・トレーニングコース

生物データ解析のための・Python AI プログラミング・トレーニングコース 2025

開催期間：2025年7月30日～8月1日

会場：自然科学研究機構 基礎生物学研究所

オーガナイザー・講師：

代表：小山 宏史（基礎生物学研究所）

加藤 輝（基礎生物学研究所）

渡辺 英治（基礎生物学研究所）

杉浦 宏樹（基礎生物学研究所）

中村 貴宣（基礎生物学研究所）

西出 浩世（基礎生物学研究所）

スーパーバイザー：

藤森 俊彦（基礎生物学研究所）

東島 眞一（基礎生物学研究所）

プログラム

1日目 7月30日

開発環境

python プログラミングの基礎

データの入出力

基礎的なデータ解析と演習

2日目 7月31日

ファイル名の操作

ユーザ定義関数・class

画像処置の講義・演習

深層学習入門

3日目 8月1日

深層学習講義

深層学習 AI によるデータ・画像解析演習

受講者 20 名



開催報告

小山 宏史（初期発生研究部門）

本コースは、基礎生物学研究所 超階層生物学センター AI 解析室、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) の共催により実施しました。

Python プログラミングの基礎から始まり、基本的なデータの取り扱い方法、そして深層学習を用いた画像解析に至るまでの内容となっています。Python は近年、深層学習 AI のみならず、主成分分析や UMAP などの様々なデータ解析においてもファーストチョイスとなりつつあります。受講者の中にはプログラミング経験が全くない方も多く含まれていたため、プログラミングの基礎に十分な時間を割きました。その後、データの入出力や前処理法、データの可視化について学びました。深層学習のセクションでは、畳み込みニューラルネットワークを用いた画像分類の実装を行いました。生物系研究者にとってイメージしやすいように、トランスクリプトームデータを模したデータ形式や、細胞の顕微鏡画像を用いることで、抽象的になりがちなプログラミング講義・実習を具体的かつ実践的なものにしました。

深層学習の世界は日進月歩ですが、ツールの使い方講座ではなく、原理・考え方に重点をおく普遍性の高い内容を目指したいと思います。



プロテオミクス・トレーニングコース (ProTC)

プロテオミクス・トレーニングコース (ProTC) 2025

開催期間：2025年9月18日～9月19日

会場：自然科学研究機構 基礎生物学研究所

オーガナイザー・講師：

代表：吉田 拓也 (基礎生物学研究所)

牧野 由美子 (基礎生物学研究所)

森 友子 (基礎生物学研究所)

中野 朱莉 (基礎生物学研究所)

スーパーバイザー：

重信 秀治 (基礎生物学研究所)

挨拶・概要 (吉田)

実験室実習1：タンパク質精製～ペプチド消化 (吉田・牧野・森・中野)

実験室実習2：ペプチド精製 (吉田・牧野・森・中野)

講義1：プロテオミクス (吉田)

講義2：質量分析 (吉田)

講義3：機能プロテオミクス (吉田)

質量分析 (牧野・森・中野)

講義4：データ処理 (吉田)

データ解析実習1：データ処理～ペプチド同定 (吉田)

講義5：データ解析 (吉田)

データ解析実習2：解析ツール (吉田)

データ解析演習

おわりに (重信)

受講者 15名

(応募者 34名)

開催報告

吉田 拓也 (トランスオミクス解析室)

2025年9月18日と19日の2日間、基礎生物学研究所にてプロテオミクス・トレーニングコースを開催しました。全国から多数のご応募をいただき、募集人数を大きく上回る中から選考を経て、大学や研究機関の学生、研究者、技術職員合わせて15名が参加しました。

本コースでは、質量分析を用いた最新のプロテオーム解析について学ぶことを目的に、理論講義と実践的な実習を組み合わせたプログラムを実施しました。講義では、質量分析の基本原則やデータ解析のポイント、解析ツールなどを解説しました。実習では、実際に試料調製を行い、解析ソフトウェアを用いた図の作成までを体験していただき、より実践的なスキルを身につけていただきました。特に今回は、蛍光タンパク質であるGFPを用いたアフィニティ精製質量分析をテーマに取り上げ、活発な質疑応答やディスカッションが行われ、参加者同士や講師陣との交流も深まりました。

参加者からは、「実際の試料を使って学べた」「データ解析の流れが理解できた」など好意的な意見が多く寄せられ、高い満足度が示されました。今回初めて外部機関との連携を伴わずにプロテオミクス・トレーニングコースの企画・運営を行いました。全体として成功裏に終了することができました。今後は、今回得られた課題を踏まえつつ、内容や実施時期をさらに検討・充実させ、次年度以降も継続的な開催を目指してまいります。本コースでの経験が、受講生の研究活動や技術習得の一助となれば幸いです。



共同利用研究公募トレーニングコース

イペリアトゲイモリを用いた遺伝子発現イメージングの基礎技術～簡便な HCR 法の技術講習会～

開催期間：2026年3月11日～3月13日

会場：自然科学研究機構 基礎生物学研究所

講師：

特別：恒岡 洋右（東邦大学）

代表：林 利憲（広島大学）

福井 彰雅（中央大学）

宇野 好宣（徳島大学）

阿形 清和（基礎生物学研究所）

佐藤 伸（岡山大学）

松波 雅俊（琉球大学）

佐藤 勇輝（関西医科大学）

松原 遼（鳥取大学）

戸澤 紗代（中央大学）

亀井 保博（基礎生物学研究所）

他 TA など世話人 11 名

プログラム

1日目 3月11日（水）

オリエンテーション（林）

講演1：恒岡 洋右「ISHpalette を使ったシングルコピー mRNA 検出入門：低コスト・スキマ時間で始める FISH」

実習（切片作製・固定・ハイブリダイゼーション）

ワークショップ1：プローブの設計・作製（林）

講演2：阿形 清和「イペリアトゲイモリを新規モデル生物として使ってどんな新しい発見があったのか!？」

2日目 3月12日（木）

ワークショップ2：Whole-mount in situ hybridization に関する情報（福井・松原・戸澤）

ワークショップ3：トランスクリプトーム情報の利用方法（佐藤勇・松波）

講演3：佐藤 伸「有尾両生類の再生と皮膚研究」

実習（洗浄・Amplify・封入）

ワークショップ4：シグナルの正しい撮影法（亀井）

ワークショップ5：染色体 FISH の可能性：（宇野）

3日目 3月13日（金）

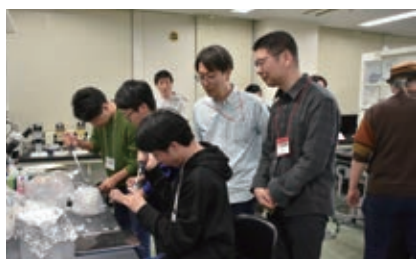
実習（観察）蛍光顕微鏡あるいは共焦点顕微鏡による撮影結果の解説（林）

クロージング（福井）

所内施設見学

受講者 16 名

（応募者 24 名）



開催報告

亀井 保博（バイオイメージング解析室）

2026年3月11日～3月13日の3日間で「イペリアトゲイモリを用いた遺伝子発現イメージングの基礎技術」として HCR 法の簡便な技術を開発した東邦大学の常岡先生をお迎えして技術講習会を実施した。参加者はイペリアトゲイモリを活用する研究者から広く募ったが、結果的にはメダカやマウスのモデル生物種を使う研究者からも含めて 24 名の応募があり、本法への関心が高いことが分かった。当初 10 名を定員としていたが、応募多数ということもあり選考して 16 名を受講生として迎えた。内訳は、学部生 2 名、修士院生 4 名、博士院生 2 名、助教・講師クラス 5 名、教授・准教授クラス 3 名でした。専門は、発生生物学、再生生物学、神経科学など多岐に渡り、研究で使用する生物種もイペリアトゲイモリ以外に、メダカ、ゼブラフィッシュ、マウス、アフリカツメガエル、ヒルと多岐に渡った。初日には実習として切片の前処理～ハイブリダイゼーションを各自実施し、さらに、開発者の恒岡先生の講演（所内にも公開セミナーとして聴講募集）と、阿形先生の講演があった。夜には情報交換会を実施し、受講生の自己紹介を含めた交流を行った。2 日目には洗浄・増幅・封入の実習と、イペリアトゲイモリの関連技術のワークショップを実施した。最終日には共焦点レーザー顕微鏡など 4 台を使った各自のサンプルの観察・記録を行い、結果の議論を行った。

アンケート結果から、おおむね好評で、HCR 法の簡便性と第一線の研究者による講演が高く評価され、多くの参加者が自ラボでの即時導入に意欲を示す結果となった。また、成功例だけでなく「失敗例（うまくいかなかったケース）」の情報共有の希望や、イペリアトゲイモリに限らず、他生物種でのホールマウントプロトコルを相互に共有・参照できる仕組みへの期待が示された。

今回、イペリアトゲイモリユーザーを想定して企画だったが、他の生物種のユーザーも多く、本法の汎用性の高さや簡便さに期待が大きいことが分かり、一方で、交流会では「他分野の研究者や講師とフランクに議論できた」とのポジティブな意見が多数あり、技術習得のみならず、様々な分野の様々な生物種を使っている研究者間のコミュニティ形成の場として重要な役割を果たせたと感じた。



SABER-FISH 講習会

第二回 SABER-FISH 講習会

開催期間：2026年3月18日～3月20日

会場：自然科学研究機構 基礎生物学研究所

講師：

佐藤 恵太（岡山大学学術研究院医歯薬学域）

千原 あかね（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）

水野 莉万（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）

高山 鮎子（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）

奥村 晃成（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）

鈴木 賢一（基礎生物学研究所 超階層生物学センター）

プログラム

3月18日

probe 合成、probe ハイブリ (O/N)

3月19日

ワークショップ「FISH ベース空間オミクス」（トランスオミクス解析室との合同 WS）

演者：佐藤恵太（岡山大学）、小園康広（筑波大学）、

千原あかね（NIBB）、落合博（九州大学）

Wash、branch ハイブリ (O/N) 研究交流会

3月20日

Wash、検出

講習会参加 5名（すべて所外）

：研究機関1名、大学（教員1名、大学院生3名）

WS 参加者 38名

：所内16名、所外（オンライン）22名

開催報告

鈴木 賢一（新規モデル生物開発室）

空間トランスクリプトームの解析法として、高感度かつマルチプレックス（多重）に転写産物を検出する in situ FISH 技術が多用されています。今回は、その一つとして注目されている「Signal Amplification By Exchange Reaction (SABER)-FISH」に関する講習会を開催しました。

本技術は、in vitro で自作したプローブを用いることで、組織上の mRNA を高感度かつ多重的に検出できる手法です。第2回となる今回の講習会では、より実践的な内容を目指し、論文発表に直結するような成果を得ることを目標としました。参加者は各自で標的遺伝子のプローブデザインから作製までを行い、持参した切片を用いた FISH 実験に臨みました。その結果、多くの参加者が目的遺伝子の検出（複数遺伝子の同時検出も含む）に成功し、各自の研究における確かな手応えを掴むことができたようです。

また、2日目に開催したワークショップでは、4名の講師をお招きし、細胞・組織・器官における遺伝子発現を1分子レベルで可視化する、FISH ベースの最先端空間オミクス技術をご紹介いただきました。独自のプローブや増幅原理を用いて検出感度を高める SABER-FISH や HCR、そして高度な多重解析を可能にする SeqFISH など、FISH ベースの空間トランスクリプトーム技術を網羅的に解説していただきました。技術の原理から、実験成功の鍵となるシグナル検出のノウハウ、具体的な実験例や応用展開に至るまで多角的に解説され、高感度かつ高解像度な空間遺伝子発現情報を研究に取り入れたい参加者から活発な質問が寄せられました。



NIBB Academic Experience Program

NIBB Academic Research Experience 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実施されているプログラムです。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所内の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。

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、往復の旅費とロッジ利用の滞在費が補助されます。

2025年度は、海外（インド、ベトナム、バングラデシュ、モンゴル、トルコ、ドイツ、英国、アイルランド、デンマーク、ギリシャ、UAE、米国）から29名、国内から3名の合計32名の応募があり、選考の結果、インド1名、ベトナム1名、トルコ1名、ギリシャ1名、ドイツ1名、米国1名、日本1名の計7名の受入を採択しました。



大学生のための夏の実習 2025

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。2025年度は7コースが行われ、全国から応募した26名が参加しました。

2025年度 実習内容

「植物の細胞を観る」

上田 貴志、金澤 建彦（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、川口 隆之（クロマチン制御研究部門）

「生物の光特性を調べてみよう！」

近藤 徹（光物理生物学研究部門）

「神経細胞を蛍光で観察しよう」

椎名 伸之、京 卓志（神経細胞生物学研究室）

「植物の重力屈性を細胞レベルで観察しよう」

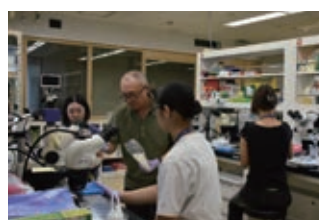
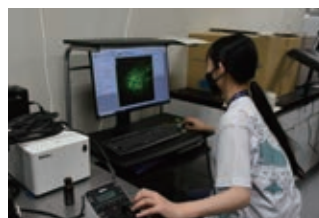
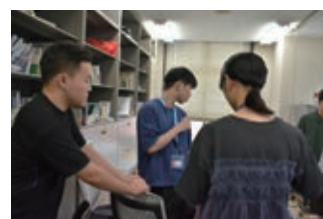
森田（寺尾）美代（植物環境応答研究部門）

「カンキツの茎頂の接ぎ木とその超低温保存への挑戦」

梶根 一夫（IBBPセンター）、間瀬 誠子（農研機構）

「メダカ胚へのマイクロインジェクション」

成瀬 清（バイオリソース研究室）

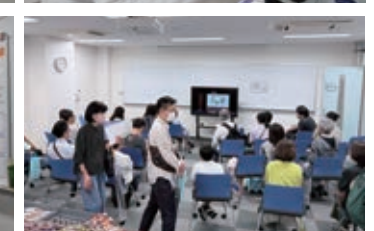
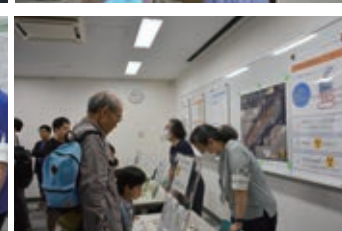
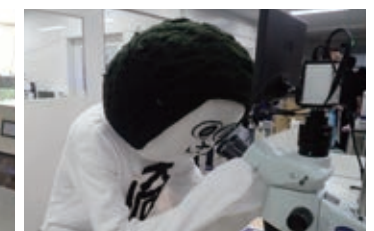
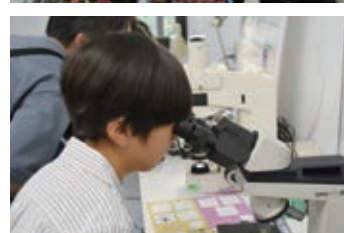


基礎生物学研究所 一般公開

2025年10月11日、基礎生物学研究所は「生き物はすごい!!」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、トークライブやスタンプラリーなどを行い、3503名の方々にご来場いただきました。

研究施設公開とブース展示 (明大寺地区)

- 1 NIBBのあゆみ～もうすぐ50歳!～ (技術課・受付)
- 2 ノーベル賞はすごい!?(大隅良典名誉教授ブース)
- 3 宇宙の生き物はすごい?
(アストロバイオロジーセンター)
- 4 昆虫はすごい!! 形と模様のふしぎ (進化発生研究部門)
- 5 生物の設計図「ゲノム」を、コンピュータで読み解く
(データ統合解析室・ゲノム情報解析室)
- 6 見て、感じて、光合成。(環境光生物学研究部門)
- 7 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)
- 8 動く植物 (生物進化研究部門)
- 9 植物は倒れたらどうなる? (植物環境応答研究部門)
- 10 植物の油はどこから来る? ~種子の中の小さな倉庫~
(オルガネラ制御研究室)
- 11 光で探る、生き物の神経のはたらき
(神経行動学研究部門)
- 12 イモリの不思議 (新規モデル生物研究センター)
- 13 回転する「毛」がからだの左右を決める
(時空間制御研究室)
- 14 細胞ってびじゅいじゃん (細胞動態研究部門)
- 15 DNA、見えるの? (クロマチン制御研究部門)
- 16 メダカの目で探る! 光と生命のフシギ
(バイオイメージング解析室)
- 17 -196℃の液体窒素を体験しよう★ (IBBPセンター)
- 18 アブラムシはすごい!! (進化ゲノミクス研究室)
- 19 放射線を測ってみよう (アイソトープ実験センター)
- 20 遺伝子、タンパク質、代謝物 ぜんぶまとめて大調査
(トランスオミクス解析室)

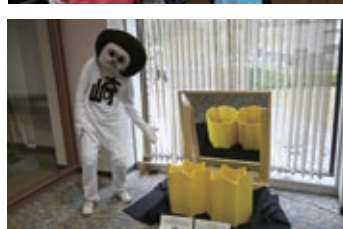


研究室紹介展示（岡崎コンファレンスセンター）

- 1 視覚の世界（神経生理学研究室）
- 2 アサガオのすごいひみつ（分野横断研究ユニット）
- 3 異分野融合研究の拠点 ～ What is Life ? ～
（生命創成探究センター（ExCELLS））
- 4 生体内の物理現象を光で観よう！！
（光物理生物学研究部門）
- 5 細胞の中にきらめく滴（しずく）
（神経細胞生物学研究室）
- 6 探る！！命のはじめ（生殖細胞研究部門）
- 7 “卵”から始まる体の形作り（初期発生研究部門）

研究者トーク

- 「1細胞の中のすごい！」 渡部 匡己 特任准教授
 「アサガオのすごいひみつ」 星野 敦 助教
 「生物学はすごい!!」 オカザえもん+渡辺 英治 准教授
 「南極の藻類にみつかった、すごい光合成メカニズム」
 小杉 真貴子 助教
 「倒れても起き上がる！すごい植物のひみつ」
 森田（寺尾）美代 教授
 「昆虫はすごい!!」 新美 輝幸 教授
 「ガチでエグい世界の植物」 長谷部 光泰 教授
 「研究所で働く人々」 総司 会：三浦 正幸 所長





愛知県立岡崎高等学校SSH部
研究ポスター展示



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。



NIBB 基礎生物学研究所
一般公開2025
**生き物は
すごい!!**
10月11日 土
9:30~16:30 (入場16:00まで)
入場無料・事前申込不要

研究施設公開
研究展示・体験
研究者トーク
スタンプラリー

<https://openhouse2025.nibb.ac.jp/>

基礎生物学研究所は2027年に創立50周年を迎えます

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**

〒444-0505 愛知県岡崎市大平町字島崎9-0-0
TEL 0564-55-7000 E-mail openhouse2025@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。

2025年7月1日

北中学校「多様な昆虫には不思議がいっぱい！」

新美 輝幸

2025年7月2日

葵中学校「【職業講話】研究者という働き方」

井上 紘一

2026年2月4日

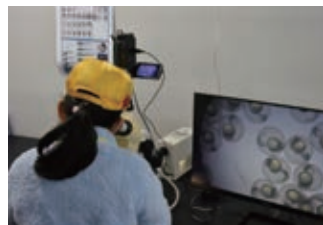
城北中学校「『つとめてやまない』植物研究」

長谷部 光泰



岡崎市立三島小学校見学

2025年11月21日



中学生職場見学

中学校で実施されている職場体験の受け入れを行なっています。

豊田市立豊南中学校 1名

岡崎市立竜海中学校 3名

岡崎市立美川中学校 4名



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

2025年6月11日

探究活動発表会のポスター指導

立松 圭



2025年9月4日

課題研究の準備に向けた指導

立松 圭



2026年3月9日

出前授業

「遺伝子で探るテントウムシの
斑紋とカブトムシの角」

新美 輝幸



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

2025年12月26日
ブース出展 成瀬 清、倉田 智子
ポスター発表指導 立松 圭



静岡県立浜松南高等学校見学
2025年7月22日

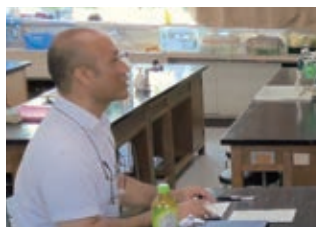


山梨県立日川高等学校見学
2025年7月25日



愛知県立豊田西高等学校スーパーサイエンスハイスクールへの協力

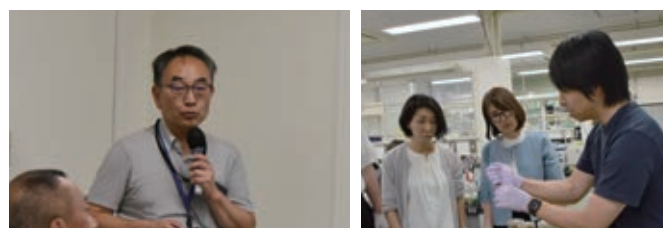
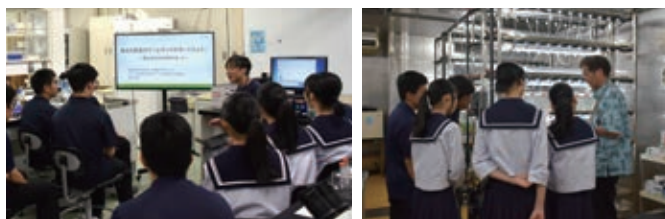
2025年7月22日
2026年1月30日
課題研究指導
吉田 拓也



西三河理科教育研究会研修

2025年6月25日
講演「Evo-Devo で探る昆虫の多様性」
実習「カブトムシの幼虫などの観察」
新美 輝幸、森田 慎一

実習および研究所見学
2025年8月20日



愛知県立岡崎北高等学校への協力

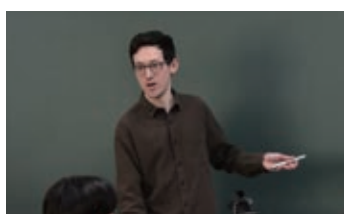
2025年6月27日
出前授業
「～授業の先に何かがあるのか～
生物を物理と化学の視点で眺めてみよう！」
近藤 徹



国研セミナー 見学
2025年7月24日



2026年1月30日
Science and English
「My research:Plant morphogenesis」
Hugh Mulvey



愛知県高校教員向け実習

2025年8月19日
講話「日本発のモデル生物メダカから学ぶ生物学」
実習「PCR 法を用いたメダカの雌雄判別」
成瀬 清



高校生を対象にした公開科学イベント

「遺伝子研究の最前線

～個体の運命を決定する仕組みの謎に迫る～

2025年7月23日

世話人 中山 潤一

講演

「手足の再生が現実に？
有尾両生類と再生研究の
最前線」

鈴木 賢一



講演

「遺伝子のスイッチが親から
子に？酵母と配偶子研究の
最前線」

林 亜紀



親子で楽しむ まちの講演会

2025年7月25日

講演

「虫のせかいをのぞいてみよう！」

新美 輝幸



造形教室 見学

2025年8月6日



第14回 自然科学研究機構若手研究者賞記念講演

(YouTube LIV・ニコニコ生放送にてライブ配信)

2025年7月18日

講演

「生き残るための知恵：動物たちの巧みな行動戦略

～捕食者と被食者の行動から探る合理的意思決定～

西海 望



おかしん先端科学奨学金制度 奨学生による成果発表会

(発表動画公開)

2026年3月21日～

講演

「近赤外蛍光タンパク質を使って生きた細胞内で

タンパク質間の相互作用をはかる」

遠山 藍夏



第40回 自然科学研究機構シンポジウム

2025年9月13日

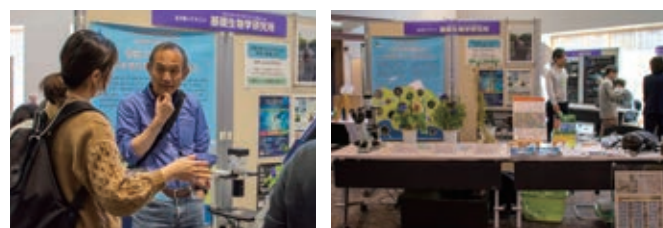
ブース展示



第41回 自然科学研究機構シンポジウム

2026年3月14日

ブース展示





エフエム EGAO ラジオ出演

基礎生物学研究所 一般公開特番生番組

2025年9月16日

倉田 智子、城倉 圭、加藤 愛、森 優輝也



一般公開についての記者会見

2025年9月26日

岡崎市政記者会にて



未来の科学者賞 2025 授与

2025年10月19日

岡崎市理科作品展に出展された小中学校の理科の自由研究を対象に基礎生物学研究所・生理学研究所・分子科学研究所の3研究所で10名を表彰



2025年度 未来の科学者賞選考委員（基礎生物学研究所）

近藤 徹

倉田 智子

野中 茂紀

小峰 由里子

嵐田 遥



理科作品展ブース展示

2025年

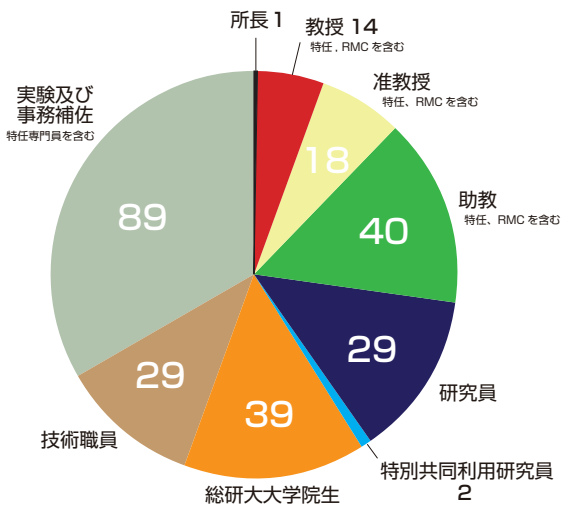
10月18-19日



研究所の現況

研究所で働く人たち (2026年4月1日現在)

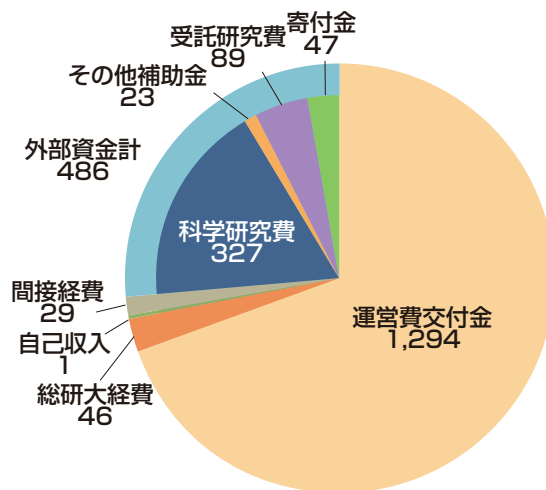
Total 267人



研究所の財政規模 (2025年度決算額)

Total 1,856

単位：百万円

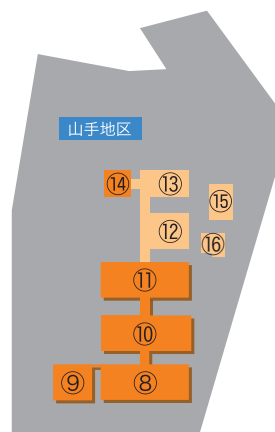


基礎生物学研究所では国からの補助（運営費交付金、総研大経費）に加え、各研究者の努力により科学研究費、受託研究費など多くの競争的資金を獲得して研究を行っています。

配置図



明大寺地区
愛知県岡崎市明大寺町字西郷中38



山手地区
愛知県岡崎市明大寺町字東山5-1



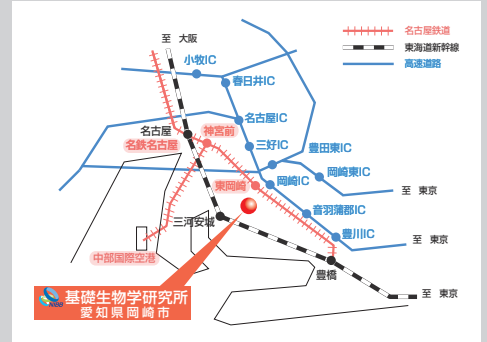
自然科学研究機構 岡崎統合事務センター

岡崎統合事務センター組織	
総務課	
	総務係
	企画評価係
	図書・ITソリューション係
	業務支援室
人事労務課	
	人事係
	職員係
	給与係
国際研究協力課	
	国際・研究支援係
	大学院係
	共同利用係
	研究推進第一係
	研究推進第二係
財務課	
	監査・財務総務係
	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	
	調達第一係
	調達第二係
	旅費係
施設課	
	施設管理係
	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



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1.5 km、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。



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

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 2026
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

