

研究環境基盤部会 大学共同利用機関改革に関する作業部会 ヒアリング資料



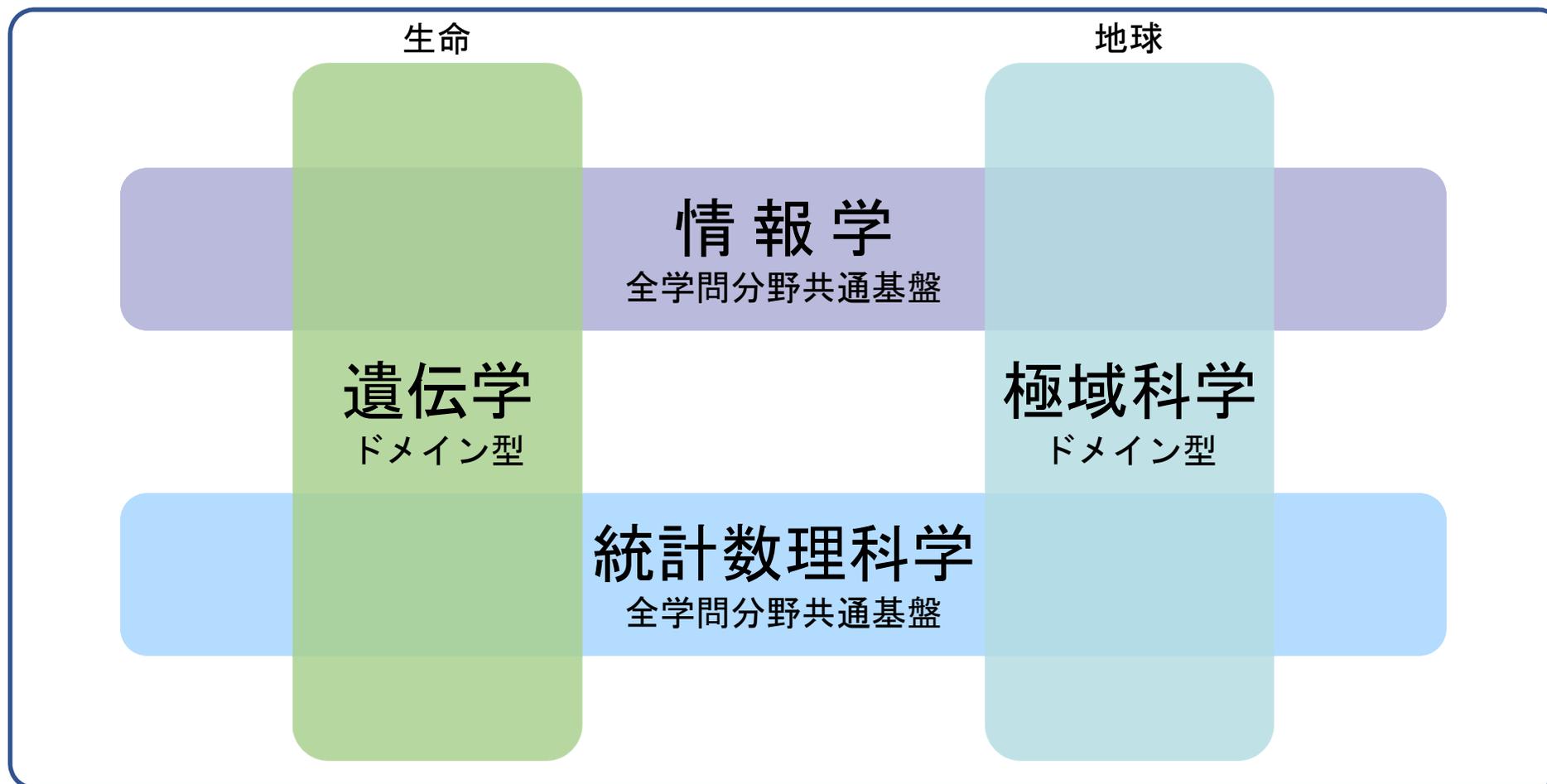
情報・システム研究機構
国立遺伝学研究所





情報・システム研究機構について

生命、地球、環境、社会などの複雑な問題（複雑科学）を、物質とエネルギーの観点に替って**情報とシステム**という立場から捉えるための、方法の研究、研究基盤の整備および融合研究による新分野の開拓を行う。

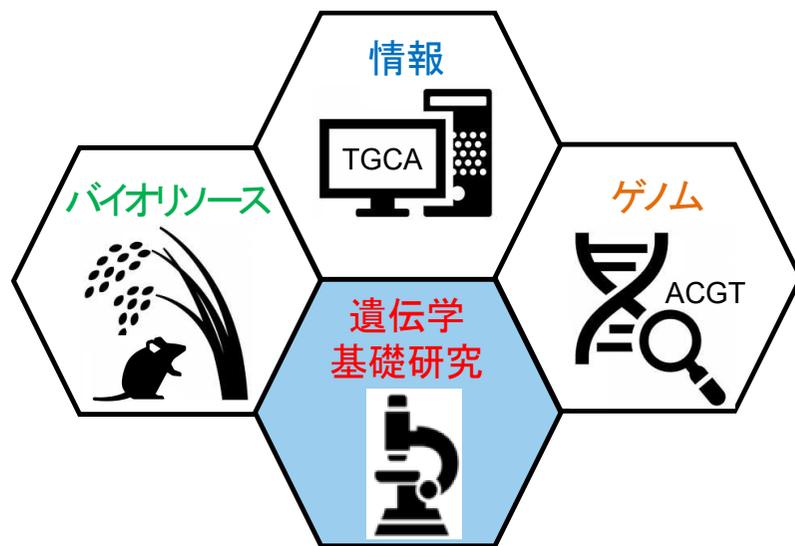




国立遺伝学研究所 (NIG)

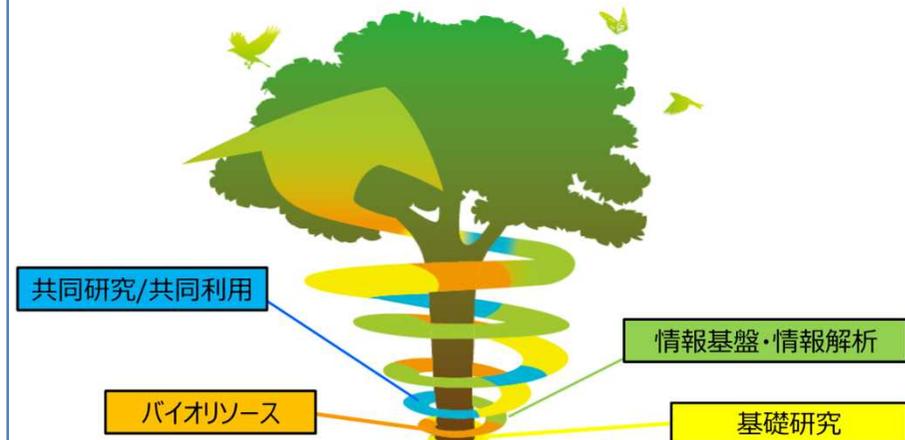
設置目的： 遺伝学の基礎とその応用に関する総合的研究を行い、
学術研究の発展に資することを目的とする。

- 1949年の創立以来、**遺伝学**の総合的な研究を推進してきた。
- 生命は**遺伝情報**をもとにできた複雑なシステムであり、それを解き明かす上で**遺伝学**の手法や考え方は非常に強力である。(遺伝学≡データサイエンス)



34の研究グループによる**遺伝学基礎研究**を
バックボーンにした「**バイオリソース**」、「**ゲノム**」、
「**情報**」の共同研究/共同利用主要3事業

共同研究/共同利用の高度化スパイラル



基盤研究成果によりバイオリソース、情報を高度化し、新たな研究基盤を整備することで、次の共同研究/共同利用に活かす

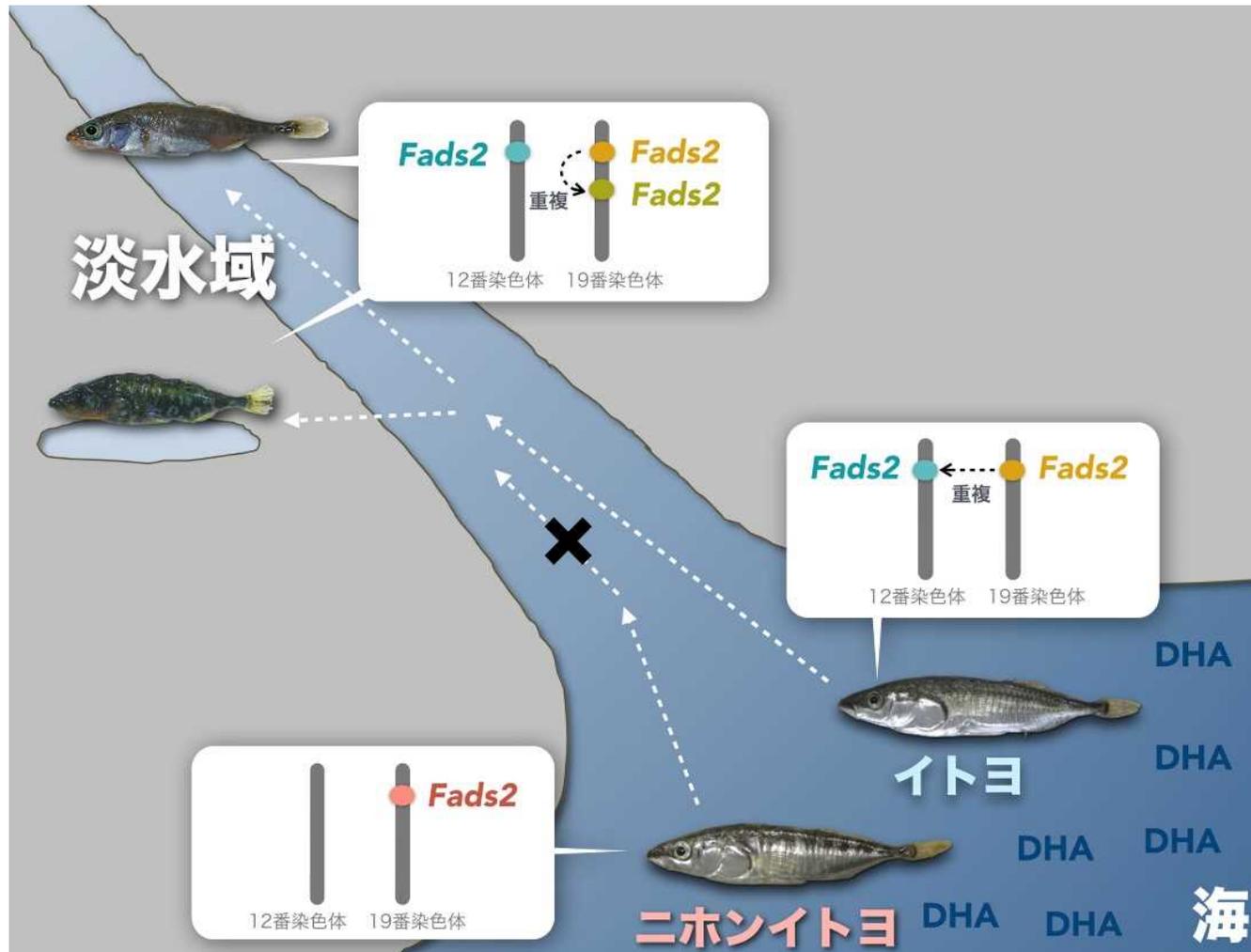
遺伝研の研究成果の例

魚の淡水進出を支えた鍵遺伝子の発見

海から川や湖へ！

— DHAを自分で合成すれば、海から離れても生きられる —

生態遺伝学研究室
 (北野 潤 教授)
 Ishikawa *et al.*:
 Science 2019,
 364: 886-889.



DHA:
 docosahexanoic acid
 (ドコサヘキサエン酸)
 多価不飽和脂肪酸

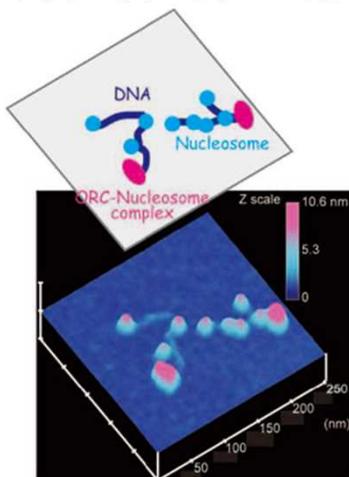
Fads2:
 DHA合成に必須な酵素
 の遺伝子

海水: DHAを多く含む餌
 が豊富

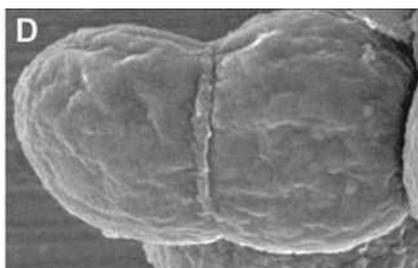
淡水: DHAを含まない餌
 が多い

DNA・細胞小器官に注目した研究

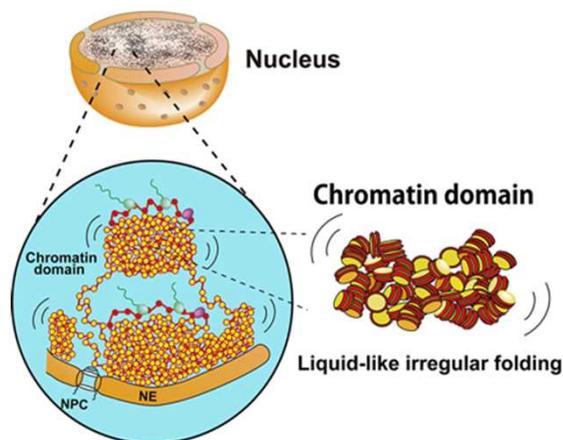
遺伝子破壊技術、物理計測、高解像度イメージング技術などの先端技術を駆使して、細胞内の構造と機能維持に着目した研究を推進している。遺伝研は、これらの研究で関連分野をリードする成果発信を続け、研究会・研究班の組織など共同研究の中核となっている。



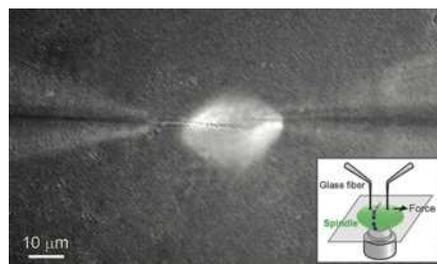
染色体複製開始領域の可視化 (AFM像)



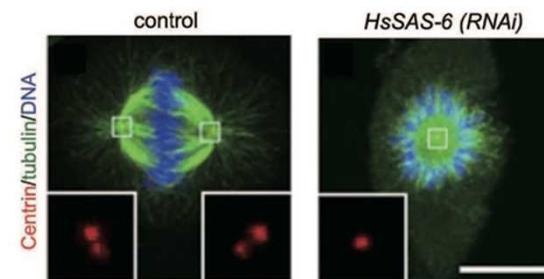
葉緑体の分裂面に作られる分裂装置の可視化



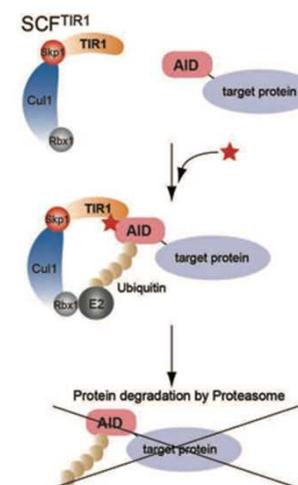
クロマチン構造の定説を覆す：
DNAは不規則に折りたたまれていく



マイクロマニピュレーション技術により紡錘体に人工的な力を加える



中心体の複製機構を探索：中心小体（赤）の制御遺伝子SAS-6を発見（左：野生型、右：SAS-6の機能破壊）

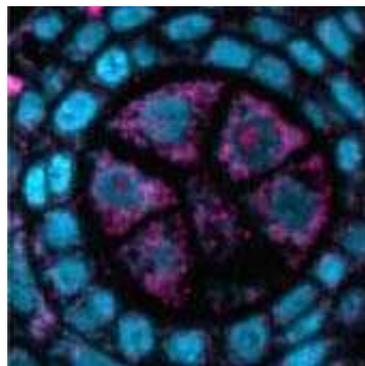


AID法によるタンパク質分解技術をヒト細胞に応用

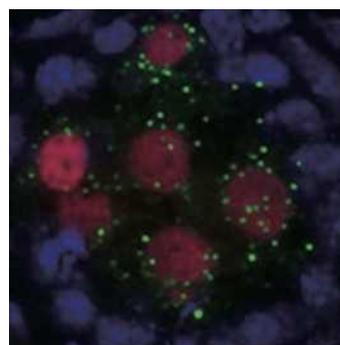


細胞分化・発生・脳に注目した研究

突然変異体等を利用した遺伝学的手法により、受精卵から組織・器官・個体が形成される仕組みを研究している。神経回路や脳の形態形成、動物行動の遺伝制御も重要な研究課題である。これらの研究分野で共同研究の中核として活動している。



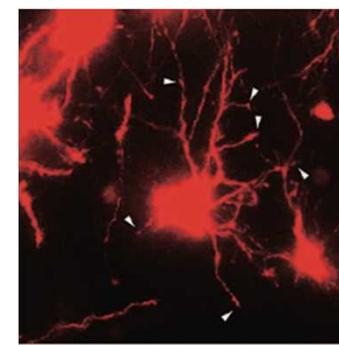
植物の生殖細胞発生を司る遺伝子群の発見



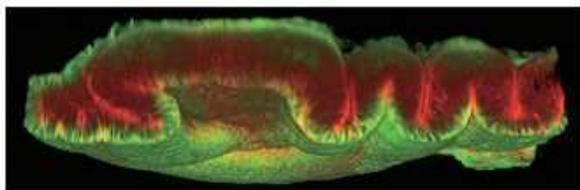
精子幹細胞を維持する仕組みを解明



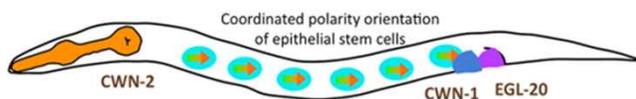
細胞・組織の遺伝子発現を操作する新システムを構築



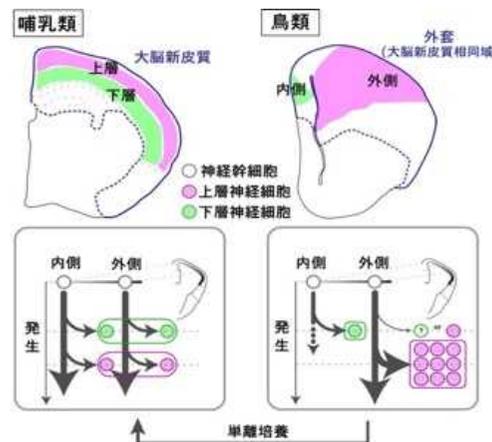
脳皮質の単一神経細胞を生きたまま可視化する技術を開発



腫瘍形成のメカニズムを探索 (ショウジョウバエ成虫原基)



分泌性因子が細胞分化を制御する仕組みを探索 (線虫)



大脳新皮質発生における進化的保存性

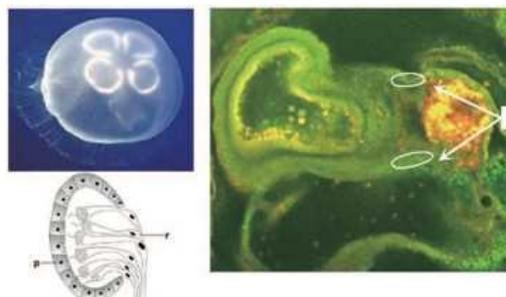
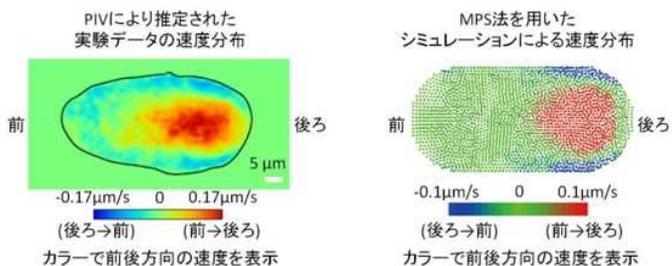
<p>自発活動性 ホームケージでの活動</p>	<p>不安様行動 明るくて新奇な場面での行動</p>	<p>社会行動 2個体のマウスの相互行動</p>
<p>痛みの感受性 高温に対する応答</p>	<p>味覚の感受性 にかみや付みに対する応答性</p>	<p>情動記憶 恐怖体験への記憶力のちがひ</p>

行動を制御する遺伝子の探索



進化・多様性・生命システムに注目した研究

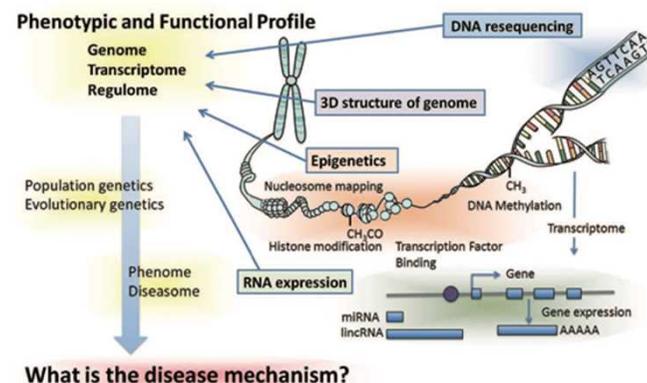
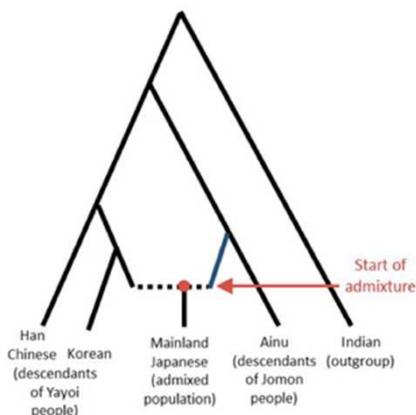
生命活動、進化、多様性という複雑な現象をシステムの観点から捉え研究を推進している。ゲノム情報や遺伝子発現などのビッグデータを情報学的な手法で解析することによって、生命システムの理解を目指す。



シミュレーション、データ同化から細胞生物学の命題に挑戦

新たな形質を獲得する進化過程をゲノムレベルで解析 (写真: ミズクラゲの眼点 (矢印))

微生物のゲノム情報から地球と生命の共進化を解き明かす (写真: 微生物サンプリング)



ゲノムデータから日本列島人の起源を推定

新たな種が生まれる仕組みを探索

次世代シーケンサーを駆使して、疾患メカニズムを解明



研究/共同利用の3本柱

共同研究/共同利用の3本柱

バイオリソース
生物遺伝資源情報
ナショナルバイオリソース
プロジェクトDB

日本版NCBIへ
超大量データ処理
高度アノテーション
統合データベース

次世代ゲノム
研究支援・先導
ゲノム比較から
システム比較へ

バイオリソース
(生物遺伝資源)
事業

DDBJ
DNAデータバンク
事業

先端
ゲノクス推進
事業

共同利用事業センター

国立遺伝学研究所・研究系

情報

ゲノム・進化

新分野創造
センター

遺伝形質

遺伝メカニズム

研究の3本柱

データ生産・解析を核とする
生命システムに注目した研究

研究手法の開発や遺伝メカ
ニズム・基本原理に着目した
研究

遺伝学の新たな研究分野の
創造

内外の研究者コミュニティ (大学等)



遺伝研主要事業：情報

生命情報・DDBJ センターは生命科学研究から生み出されるデータを共有するとともに、解析サービスを提供することで広く研究活動をサポートしている。**日本をまとめ、世界とつなぐ生命科学の公共財としてのDDBJ**

国際塩基配列データベース(INSD)



INSDC:世界の生命科学の根幹



データ連携

データ連携



オールジャパン体制で世界へ発信



Global Alliance for Genomics & Health

NIGスーパーコンピューター



NIGスパコンは全国130の学術機関が利用

遺伝研スパコン利用機関



利用者は約2,000名、5年前の2倍に急増



遺伝研主要事業：ゲノム

先端ゲノミクス推進事業

大学や他の研究機関と連携し、多様な生物種のゲノムや遺伝子の配列解析を行っている。また、常に最先端の技術と情報をコミュニティに提供できるよう技術開発および施設整備を進めている。

- シーケンシングから情報解析までシームレスな解析
- ゲノム情報解析パイプラインの開発と提供
- 生命研究各分野への先端ゲノミクスの応用と支援
- 先端ゲノミクス分野の人材育成

機種名	台数	タイプ	性能		
			解読長	データ量	ラン時間
ABI 3730xl	2	キャピラリー型	~800bp	~77kbp	2時間
NovaSeq 6000	1	蛍光逐次DNA合成	150bp	~3Tbp	45時間
HiSeq 2500	3	蛍光逐次DNA合成	250bp	~300Gbp	60時間
MiSeq	1	蛍光逐次DNA合成	300bp	~15Gbp	56時間
PacBio Sequel2	1	1分子鋳型	~100kbp	~100Gbp	20時間
PacBio Sequel	1	1分子鋳型	~100kbp	~10Gbp	20時間
GridION/MinION	1/1	ナノポア	~500kbp	~10Gbp	48時間

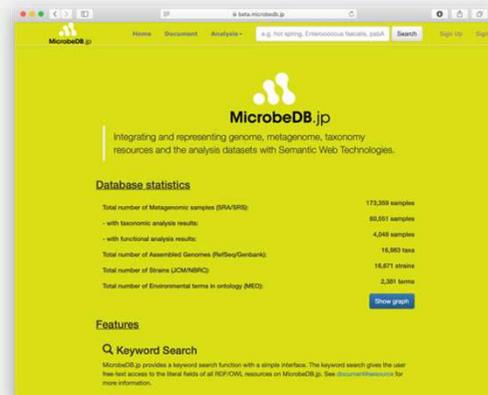
先端ゲノミクス推進センターが保有するNGS

キンギョ、トゲウオ、アフリカツメガエル、アサガオ、クマムシ、シーラカンス、ショウジョウバエなど、計1,129種
17,474サンプル(原著論文145報:2011~2018)

マイクロバイーム研究支援基盤強化促進事業

急発展するマイクロバイーム研究の基盤となる、大規模かつ高精度なメタゲノム解析の支援を目的とし、メタゲノムデータの解析-蓄積-活用の3Aサイクルを循環させ、我が国のマイクロバイーム研究の共同利用基盤を構築し、大学や産業界の国際競争力増強に貢献する(2018年度から)。

解析(Analysis): 多様なマイクロバイームのメタゲノム解析を実施し、高精度かつ高品質なデータを産生し解析する。
蓄積(Accumulation): 得られた結果は、世界中のメタゲノムデータを集積している微生物統合DBに蓄積する。
活用(Application): 蓄積された膨大なデータはその他のデータとともに俯瞰的に解析し、全利用者に提示するとともに、次世代マイクロバイーム研究の基盤となる。



微生物統合DB
「MicrobeDB.jp ver.2」

サンプル数：173,359

2018年度実績
総アクセス数：117,507
ユニークIP数：73,018

微生物統合DB「MicrobeDB.jp」



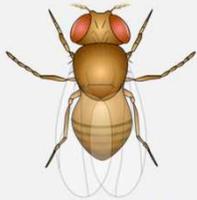
遺伝研主要事業：バイオリソース

学術研究用の生物系統の開発、収集、提供の中核拠点として**バイオリソース事業**を展開している。文科省NBRPの各種生物の中核代表機関としても活動し、さらに**情報センター**として大学等と連携してバイオリソースデータベースの構築と公開運用を進めている。

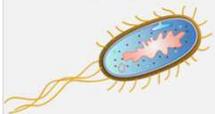
生命科学を支える様々なバイオリソース



イネ:世界的にも貴重な野生イネ系統のコレクション



ショウジョウバエ:世界最大規模のRNAiコレクション



大腸菌・枯草菌:世界最大規模の網羅的変異株コレクション



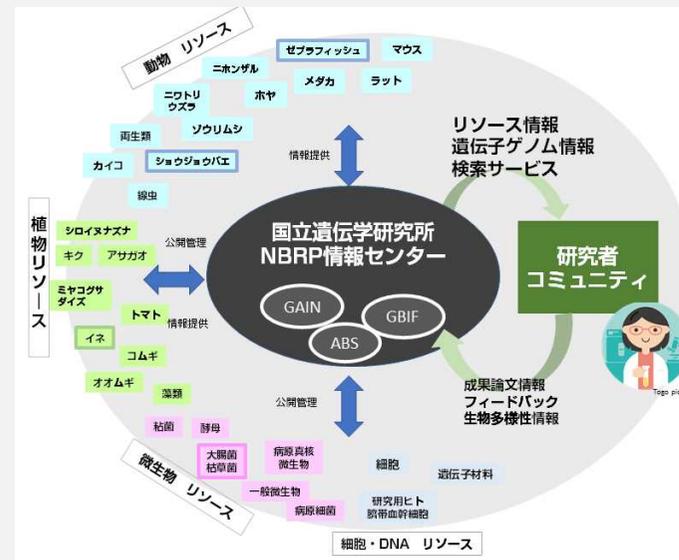
マウス:野生由来マウス株など



ゼブラフィッシュ:国際共同研究拠点

バイオリソース情報センター

大学や他の研究機関と連携して、NBRPバイオリソース関連情報（ゲノム情報や特性情報含む）のデータベース構築と公開を行っている。



その他、生物多様性条約の国際ルール「名古屋議定書」に対応するための国内ABS学術対策拠点



遺伝研が参画する主要大型プロジェクト



新学術領域[学術研究支援基盤形成] (科研費) 先進ゲノム解析研究支援プラットフォーム

多様な科研費研究課題に対して最先端のゲノム解析及び情報解析技術を提供することで、我が国のゲノム科学ひいては生命科学のピーク作りとすそ野拡大を進める。
(小原雄治、黒川顕、豊田敦)



新学術領域[研究領域提案型] (科研費) ゲノム配列を核としたヤポネシア人の起源と成立の解明

歴史的に日本列島に居住していた人類集団「ヤポネシア人」の歴史を明らかにし、これまでにない新しい視点からヤポネシア人像を明らかにすることを目標とする。
(斎藤成也)



ナショナルバイオリソースプロジェクト (AMED-NBRP)

実験動植物や微生物等のバイオリソースのうち、国が戦略的に整備することが重要なものについて、体系的な収集・保存・提供等の体制整備を行う。
(仁木宏典、川上浩一、佐藤豊、川本祥子、齋藤都暁、豊田敦)



ヒトマイクロバイーム研究開発拠点 (AMED-CREST)

ヒト微生物叢の制御に着目した新しい健康・医療シーズの創出に資する、微生物叢と宿主の相互作用・共生の理解と、それに基づく疾患発症のメカニズムを解明することを目的とする。
(豊田敦、有田正規)



遺伝研が参画する主要大型プロジェクト



難治性疾患実用化研究事業 (AMED-IRUD)

モデル動物等研究コーディネーティングネットワークによる希少・未診断疾患の病因遺伝子変異候補の機能解析研究 (井ノ上逸郎)



戦略的イノベーション創造プログラム(SIP)

スマートバイオ産業・農業基盤技術：バイオとデジタルの融合、多様で膨大なデータの利活用により、農林水産業等の生産性革命・競争力の強化、食による健康増進社会の実現、生物機能を活用したものづくりによる持続可能な成長社会の実現を目指す。(黒川顕、有田正規、櫻井望)



未来社会創造事業[探索加速型] (JST-MIRAI)

「地球規模課題である低炭素社会の実現」領域
弱酸性化海水を用いた微細藻類培養系及び利用系の構築 (宮城島進也)



戦略的創造研究推進事業(JST-さきがけ)

ゲノムスケールのDNA設計・合成による細胞制御技術の創出 (近藤周、村山泰斗)



大学共同利用機関改革に関する作業部会におけるヒアリング資料 情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所

① 検証の進め方（資料2-1）について

3-② 外部検証

- 研究環境基盤部会「改革作業部会」の委員を中心に、専門性等に配慮し所要の専門委員を加えて検証する体制は適切であると思われるが、発展が必須となっている融合領域分野（例えば、生命と情報など）を適切に評価できるよう、新規学問領域の発展を見通せる外部専門委員を充実して頂きたい。

4 検証の基準

- 資料2-2への意見中で要望をご説明させて頂く。



② 主な観点（資料2-2）について（1/2）

7つの要件の項目に対応する「主な観点」は短期間に検討されたものながら概ね適切であると思われる。

I 運営面

- ・ 特にコメントなし

II 中核拠点性

- ・ 特にコメントなし

III 国際性

- ・ 国際性の指標に、女性研究者への支援・取組を観点とするのは違和感がある。
→国際性と別に女性研究者については評価すべきではないか。

IV 研究資源

- ・ 国際的な水準、すなわち評価の基準値をどこに求めるのか。
→研究資源の独自性を考慮すべきではないか。



② 主な観点（資料2-2）について（2/2）

V 新分野の創出

- 特にコメントなし

VI 人材育成

- 特にコメントなし

VII 社会との関わり

- 特にコメントなし



③ 指標例（資料 2-2）について（1/3）

I 運営面

- 特になし

II 中核拠点性

- 共同利用/共同研究の成果として、謝辞等に記載された論文数
- 論文だけでなく、プロシーディングによる評価を加える（情報系では、論文発表より学会などでのプロシーディングによる成果発表が主）
- 共同利用に関する国内外の研究コミュニティの代表者からなるリソースやデータベースに関する運営会議の開催数、参加者数
- 研究成果物の寄託の実績（DNA情報や成果物のバイオリソースの保管により、研究活動における不正行為防止の体制整備につながる）
- 大型研究プロジェクトの実績



③ 指標例（資料 2-2）について（2/3）

Ⅲ 国際性

- 短期滞在による海外研究者の受け入れ実績
- 海外からの学生の受け入れ実績（応募の国数、応募者数も含む）
- 英語によるセミナーや講義の実績
- 海外からの研究者、学生の受け入れのための宿舎などの体制整備

Ⅵ 研究資源

- 新規の提供リソースの開発、整備の実績
- 提供リソースや技術に関する論文での謝辞等



③ 指標例（資料2-2）について（3/3）

V 新分野の創出

- リソースやスパコンのユーザーの新規参入数やその所属の多様性
- 新分野創出のための人事制度など体制整備

VI 人材育成

- 連携大学院に加え、共同研究/共同利用による短期の受け入れ大学院生の育成
- ポストクのキャリアパス事業
- 助教の育成の体制整備
- 英語による授業、セミナーによる国際的な人材の育成

VII 社会との関わり

- 企業等への学術指導数
- 小中高生、一般社会人に対する理科教育活動の実績
- リソースなどの企業への提供実績
- 企業との共同研究実績数、ライセンス締結数
- SNS等の活用実績



大学共同利用機関改革に関する作業部会におけるヒアリング資料 情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所

④ 機能別分類（大型設備・データ・情報基盤）の観点（資料3別添）から自己検証をする際に留意すべきことはあるか。

国立遺伝学研究所の分野別、機能別分類における分別
「生物学」「データ」

「遺伝学はそもそもデータサイエンス」

大学共同利用機関としての国立遺伝学研究所の使命は
DNA・ゲノム情報、表現型情報、リソース情報、研究技術情報
らを大学等に発信、提供

機能別分類における分別は

分野別 「生物学」&「情報学」

機能別 「データ」&「情報基盤」