

東北大学 大学院

生命科学研究科

GRADUATE SCHOOL OF LIFE SCIENCES, TOHOKU UNIVERSITY

2026



生命科学研究科とは

21世紀のライフサイエンスはめざましい発展を続けています。その一方で、私たちを取り巻く社会は、地球規模の温暖化、生物多様性の喪失、人口増加、急速な高齢化など、さまざまな問題に直面しています。生命科学研究科はライフサイエンスの研究・教育を推進することにより、これら諸問題の解決ならびに生命のさらなる探求に挑みます。

本研究科は、「こころと体を制御するしくみの解明をめざす、脳生命統御科学専攻 (Integrative Life Sciences)」、「環境変動下における細胞・生物個体から生態系までの維持機構の解明をめざす、生態発生適応科学専攻 (Ecological Developmental Adaptability Life Sciences)」、「分子が生命体内で働く仕組みから生命制御の方法を解明する、分子化学生物学専攻 (Molecular and Chemical Life Sciences)」の3つの専攻で構成されています。それぞれの専攻では、最先端の研究・教育を通して、ライフサイエンスに関する幅広い知識と研究力をもち、さまざまな方面で活躍できるグローバルリーダーを育成します。また、産業界において指導的立場で活躍する博士バイオ人材を育成するために、専攻横断的な「バイオ人材育成カリキュラム」が設けられています。

What is the Graduate School of Life Sciences?

21st century life sciences are continuing to experience remarkable development. On the other hand, the society we live in is facing a multitude of problems, including global warming, loss of biodiversity, increasing population, and a rapidly aging population. The Graduate School of Life Sciences, through promotion of research and education, strives to solve these problems and delve further into exploration of life.

This graduate school comprises 3 majors: Integrative Life Sciences: “aims to clarify the mechanisms that control the mind and body”, Ecological Developmental Adaptability Life Sciences: “aims to clarify the mechanisms that maintain life from cells and biological organisms to ecosystems in changing environments”, and Molecular and Chemical Life Sciences: “aims to clarify methods of controlling life based on the working mechanisms of molecules within living bodies”. In each of these majors, we cultivate global leaders with a broad range of knowledge and research skills in life sciences, who are active in various fields. We have also set up cross-sectoral research majoring in “curriculums to foster human resources in bioscience” to cultivate PhD graduates in the field of bioscience who will be active in leadership positions in the industry.

Contents

01	生命科学研究科とは	What is the Graduate School of Life Sciences?
03	はじめに	Greeting from the Dean
05	組 織	Organization
08	基本データ	Data
10	脳生命統御科学専攻	Department of Integrative Life Sciences
26	生態発生活適応科学専攻	Department of Ecological Developmental Adaptability Life Sciences
46	分子化学生物学専攻	Department of Molecular and Chemical Life Sciences
68	附属施設 および 研究センター	Facility and Research Centers
70	バイオインダストリー人材育成プログラム	Bioindustry Human Resources Development Program
71	組織・拠点・プログラム	Organization・Projects・Programs
73	資 料	Supplement Data
75	キャンパスマップ	Campus map



東北大学
大学院生命科学研究科長

彦坂 幸毅

Dean, Graduate School
of Life Sciences,
Tohoku University
HIKOSAKA Kouki, Ph.D.

生態学には「ニッチ」(あるいはニッチェ)という言葉があります。ニッチは、もともとは装飾品や植物を置くために壁に作られた窪み(壁龕)のことを指しますが、生態学では、ある種の個体が生存、成長、繁殖できる環境特性の範囲、と定義されます。地球上には様々な環境がありますが、多くの生物種はあらゆる環境で生存することができるわけではありません。ニッチを確保できたもののみが生き延びることができます。

「ニッチ」は、日本語では「生態学的地位」と訳されますが、この訳はもうあまり使われていません。むしろ、ニッチ産業(すさま産業)などと一般社会でも使われる言葉になってきています。ただ、一般社会で「ニッチ」が使われるときには、そこには「狭い範囲」というニュアンスが含まれているように感じます。生態学で使われる「ニッチ」には、必ずしもそのようなニュアンスはありません。広範囲のニッチをもつ生物もいて、そのような種は「ジェネラリスト」と呼ばれます。狭い範囲のニッチしかもたない種は「スペシャリスト」と呼ばれます。

私たち生命科学研究科が目指しているのは生命科学のジェネラリストです。分子から生態系まで、幅広い階層の研究者(スペシャリスト)が集まることで、生命科学のあらゆる階層を網羅しています。それぞれの研究者が世界最先端を目指すだけでなく、異なる階層の研究者が協働して研究を行うことで、新たな研究領域の創造を目指しています。他の研究機関には真似のできない、新しいニッチを開拓しています。

2024年に、東北大学は国際卓越研究大学として認定されました。世界的に卓越した研究、指導的人材の育成、社会の多様なパートナーとの共同を通して、平和で公正な人類社会の実現に貢献することを使命とし、様々な変革と挑戦を始めています。生命科学研究科も、最先端研究者の登用、新たな国際化教育、研究設備の充実を目指して動き始めました。さらにインパクトの高い研究成果をあげること、社会に貢献する学生を育てることを目指し、進化し続けていきたいと思えます。

2026年4月1日

In ecology, we have a term called “niche”. The word originally refers to a depression made in a wall to hold ornaments or plants, but in ecology it is defined as the range of environments in which individuals of a species can survive, grow, and reproduce. There are various environments on earth, but most species cannot survive in all environments. Only those who can secure their niche will survive.

“Niche” has become a term used in general society, such as a “niche industry”. However, when “niche” is used in general society, I feel that it has the nuance of “narrow space”. “Niche” as used in ecology does not necessarily have such nuances. Some organisms have wide niches and are called “generalists”. Species that have only a narrow niche are called “specialists”.

Our Graduate School of Life Sciences aims to be a generalist in the life sciences. By bringing together researchers (specialists) from a wide range of hierarchies, from molecules to ecosystems, we cover all areas of life science. Not only do our individual researchers aim to be on the cutting-edge, but we also aim to create new research areas through collaboration by researchers from different hierarchies. We are pioneering a new niche that other research institutions cannot occupy.

In 2024, Tohoku University was certified as a University for International Research Excellence. The mission of Tohoku University is to contribute to the realization of a peaceful and just human society through world-class research, cultivate a talented workforce, collaborate with diverse partners in society, and embark on a variety of changes and challenges. Our Graduate School of Life Sciences has also started working on hiring cutting-edge researchers, providing new international education, and improving research facilities. We would like to continue to evolve with the aim of producing even more impactful research results and nurturing students who will contribute to society.

April 1, 2026

組織

脳生命統御科学専攻		Integrative Life Sciences			
		神経ネットワーク講座		Brain and Nervous System	
神経行動分野	Neuroethology	教授	Professor	谷本 拓	TANIMOTO Hiromu
		准教授	Associate Professor	小金澤 雅之	KOGANEZAWA Masayuki
		助教	Assistant Professor	黄子庭	HUANG Tzu Ting
		助教	Assistant Professor	THOMA VLADIMIRO	THOMA Vladimiro
分子行動分野	Molecular Ethology	教授	Professor	竹内 秀明	TAKEUCHI Hideaki
		助教	Assistant Professor	梶山 十和子	KAJIYAMA Towako
脳機能発達分野	Brain Development	教授	Professor	安部 健太郎	ABE Kentaro
		助教	Assistant Professor	青木 祥	AOKI Sho
脳神経システム分野	Systems Neuroscience	教授	Professor	筒井 健一郎	TSUTSUI Ken-ichiro
		教授(クロスアポイントメント)	Professor	星野 歩子	HOSHINO Ayuko
		准教授	Associate Professor	大原 慎也	OHARA Shinya
		特任准教授	Specially-appointed Associate Professor	中村 晋也	NAKAMURA Shinya
		特任講師	Specially-Appointed Senior Assistant Professor	渡邊 秀典	WATANABE Hidenori
		助教(兼)	Assistant Professor	木村 慧	KIMURA Kei
		助教(兼)	Assistant Professor	洪 紹 閔	HUNG Shao-Min
		細胞ネットワーク講座		Cellular Network	
膜輸送機構解析分野	Membrane Trafficking Mechanisms	教授	Professor	福田 光 則	FUKUDA Mitsunori
		助教	Assistant Professor	笠原 敦子	KASAHARA Atsuko
発生ダイナミクス分野	Developmental Dynamics	教授	Professor	杉本 亜 砂子	SUGIMOTO Asako
		准教授(兼)	Associate Professor	春田 奈美	HARUTA Nami
		特任講師	Specially-Appointed Senior Assistant Professor	田原 浩 昭	TABARA Hiroaki
		講師(クロスアポイントメント)	Lecture	太田 緑	OHTA Midori
細胞小器官疾患学分野	Organelle Pathophysiology	教授	Professor	田口 友 彦	TAGUCHI Tomohiko
		助教	Assistant Professor	朽津 芳 彦	KUCHITSU Yoshihiko
		特任助教	Specially-appointed Assistant Professor	ELEONORA MARGHERITIS	ELEONORA Margheritis
超回路脳機能分野	Super-Network Brain Physiology	教授	Professor	松井 広	MATSUI Ko
		助教	Assistant Professor	生駒 葉子	IKOMA Yoko
		分化制御ネットワーク講座		Developmental Regulation Network	
腫瘍生物学分野	Cancer Biology	教授	Professor	千葉 奈津子	CHIBA Natsuko
		助教	Assistant Professor	吉野 優 樹	YOSHINO Yuki
		助教	Assistant Professor	方 震 宙	FANG Zhenzhou
		協力教員		Cooperative faculties	
神経解剖学分野	Neuroanatomy	教授	Professor	大和田 祐二	OWADA Yuji
システム神経生理学分野	Systems Neurophysiology	教授	Professor	高橋 真 有	TAKAHASHI Mayu
分子腫瘍学分野	Molecular Oncology	教授	Professor	田中 耕 三	TANAKA Kozo
免疫生物学分野	Immunobiology	教授	Professor	小笠原 康悦	OGASAWARA Koetsu
神経細胞生物学分野	Neuronal Cell Biology	准教授	Associate Professor	丹羽 伸 介	NIWA Shinsuke

生態発生適応科学専攻		Ecological Developmental Adaptability Life Sciences			
		個体ダイナミクス講座		Biological Dynamics	
動物発生分野	Organ Morphogenesis	教授	Professor	田村宏治	TAMURA Koji
		助教	Assistant Professor	上坂将弘	UESAKA Masahiro
		教授(クロスアポイントメント)	Professor	倉永英里奈	KURANAGA Erina
植物細胞動態分野	Plant Cell Dynamics	教授	Professor	植田美那子	UEDA Minako
		助教	Assistant Professor	木全祐資	KIMATA Yusuke
		助教	Assistant Professor	松本光梨	MATSUMOTO Hikari
		助教	Assistant Professor	鈴木秀政	SUZUKI Hidemasa
植物発生分野	Plant Development	教授(国際卓越)	Distinguished Professor	経塚淳子	KYOZUKA Junko
		特任助教	Specialty-appointed Assistant Professor	小松愛乃	KOMATSU Aino
		特任助教	Specialty-appointed Assistant Professor	HSAING-TING LEE	Hsaing-Ting Lee
		助教	Assistant Professor	寺西美佳	TERANISHI Mika
		特任助教	Specialty-appointed Assistant Professor	依田彬義	YODA Akiyoshi
植物進化動態分野	Plant Evolution Dynamics	教授	Professor	安居佑季子	YASUI Yukiko
環境遺伝分野	Environmental Genetics	教授	Professor	奥村美紗子	OKUMURA Misako
環境応答分野	Plant Sensory and Developmental Biology	准教授	Associate Professor	藤井伸治	FUJII Nobuharu
適応形態分野	Adaptive Morphology	助教(国際卓越)	Distinguished Assistant Professor	安藤俊哉	ANDO Toshiya
		生態ダイナミクス講座		Ecological Dynamics	
機能生態分野	Functional Ecology	教授	Professor	彦坂幸毅	HIKOSAKA Kouki
		助教	Assistant Professor	梶野浩史	KAJINO Hirofumi
統合生態分野	Ecological Integration	教授	Professor	近藤倫生	KONDOH Michio
		教授(兼)	Professor	藤田香	FUJITA Kaori
		助教	Assistant Professor	石川昂汰	ISHIKAWA Kota
		助教	Assistant Professor	田邊晶史	TANABE Akifumi
		助教	Assistant Professor	SIUD IMANE	SIUD Imane
		特任助教	Specialty-appointed Assistant Professor	小林知里	KOBAYASHI Chisato
		特任助教	Specialty-appointed Assistant Professor	加藤三步	KATO Mitsuho
共生ゲノミクス分野	Symbiosis Genomics	教授	Professor	佐藤修正	SATO Shusei
		准教授	Associate Professor	三井久幸	MITSUI Hisayuki
		助教	Assistant Professor	橋本駿	HASHIMOTO Shun
		助教	Assistant Professor	YUSDAR MUSTAMIN	YUSDAR Mustamin
		助教	Assistant Professor	花野滋	HANANO Shigeru
		助教	Assistant Professor	ABDELA ARGEN ADEM	ABDELA Argen Adem
マクロ生態分野	Macroecology	准教授	Associate Professor	KASS JAMIE MICHAEL	KASS Jamie Michael
		助教	Assistant Professor	MIRANDA EVERTON B.P.	MIRANDA Everton B.P.
		助教	Assistant Professor	竹重志織	TAKESHIGE Shiori
		特任助教	Specialty-appointed Assistant Professor	矢島豪太	YAJIMA Gota
		准教授	Associate Professor	宇野裕美	UNO Hiromi
流域生態分野	Watershed Ecology	助教	Assistant Professor	FAULKS LEANNE KAY	FAULKS Lanne kay
		助教	Assistant Professor	牧野渡	MAKINO Wataru
		助教	Assistant Professor	牧野渡	MAKINO Wataru
		多様性ダイナミクス講座		Biodiversity Dynamics	
植物進化多様性分野	Plant Diversity and Evolution	教授	Professor	牧雅之	MAKI Masayuki
		助教	Assistant Professor	大山幹成	OHYAMA Motonari
		助教	Assistant Professor	伊東拓朗	ITO Takuro
海洋生物多様性分野	Marine Biodiversity	教授	Professor	熊野岳	KUMANO Gaku
		教授(兼)	Professor	近藤倫生	KONDOH Michio
		准教授	Associate Professor	美濃川拓哉	MINOKAWA Takuya
		助教	Assistant Professor	岩崎藍子	IWASAKI Aiko
		助教	Assistant Professor	森田俊平	MORITA Shumpei
		助教	Assistant Professor	福森啓晶	FUKUMORI Hiroaki
		生態複合ダイナミクス講座		Eco-Socio Dynamics	
生態系機能分野	Ecosystem Functions	客員教授	Visiting Professor	陀安一郎	TAYASU Ichiro
		客員准教授	Visiting Associate Professor	石井励一郎	ISHII Reichiro
		特任教員		Specialty-appointed faculties	
土壌微生物分野	Soil Microbiology	特任教授	Specialty-appointed Professor	南澤究	MINAMISAWA Kiwamu
		特任助教	Specialty-appointed Assistant Professor	板倉学	ITAKURA Manabu
		特任助教	Specialty-appointed Assistant Professor	大久保智司	OHKUBO Satoshi
		特任助教	Specialty-appointed Assistant Professor	加藤広海	KATO Hiromi
		協力教員		Cooperative faculties	
生命情報システム科学分野	Systems Bioinformatics	教授	Professor	木下賢吾	KINOSHITA Kengo
人類進化分野	Human Evolution	教授	Professor	佐野勝宏	SANO Katsuhiro

分子化学生物学専攻			Molecular and Chemical Life Sciences		
ケミカルバイオロジー講座			Chemical Biology		
分子情報化学分野	Analytical Bioorganic Chemistry	教授	Professor	有本博一	ARIMOTO Hirokazu
		助教	Assistant Professor	高橋大輝	TAKAHASHI Daiki
生命構造化学分野	Biostructural Chemistry	教授	Professor	植田浩史	UEDA Hirofumi
		助教	Assistant Professor	梅原厚志	UMEHARA Atsushi
活性分子動態分野	Bioactive Molecules	教授	Professor	石川稔	ISHIKAWA Minoru
		助教	Assistant Professor	友重秀介	TOMOSHIGE Shusuke
分子細胞生物分野	Molecular and Cellular Biology	教授	Professor	大橋一正	OHASHI Kazumasa
		准教授	Associate Professor	安元研一	YASUMOTO Ken-ichi
応用生命分子解析分野	Applied Biological Molecular Science	助教	Assistant Professor	千葉秀平	CHIBA Shuhei
		教授	Professor	田中良和	TANAKA Yoshikazu
分子ネットワーク講座			Molecular and Network Genomics		
微生物遺伝進化分野	Microbial Genetics and Evolution	教授	Professor	永田裕二	NAGATA Yuji
		准教授	Associate Professor	大坪嘉行	OTSUBO Yoshiyuki
		助教	Assistant Professor	岸田康平	KISHIDA Kouhei
植物生殖システム分野	Plant Reproductive System	教授	Professor	渡辺正夫	WATANABE Masao
		准教授(クロスアポイントメント)	Associate Professor	稲葉靖子	INABA Yasuko
		助教	Assistant Professor	林真妃	HAYASHI Maki
分子遺伝生理分野	Molecular Genetics and Physiology	教授	Professor	東谷篤志	HIGASHITANI Atsushi
		特任助教	Specially-appointed Assistant Professor	東谷なほ子	HIGASHITANI Nahoko
		助教	Assistant Professor	SEKERCI KERIMAN	SEKERCI Keriman
進化ゲノミクス分野	Evolutionary Genomics	教授	Professor	牧野能士	MAKINO Takashi
		准教授(兼)	Associate Professor	市之瀬敏晴	ICHINOSE Toshiharu
		准教授(クロスアポイントメント)	Associate Professor	佐藤敦子	SATO Atsuko
		講師	Lecturer	横山隆亮	YOKOYAMA Ryusuke
		助教	Assistant Professor	別所-上原奏子	BESSHO-UHARA Kanako
		助教	Assistant Professor	岩崎航	IWASAKI Watal
		助教(兼)	Assistant Professor	別所-上原学	BESSHO-UHARA Manabu
植物分子適応生理分野	Plant Molecular and Physiological Adaptation	教授(兼)	Professor	東谷篤志	HIGASHITANI Atsushi
階層的構造ダイナミクス講座			Multilevel Biomolecular Structure and Dynamics		
生体分子ダイナミクス分野	Molecular Analysis of Biological Functions	教授	Professor	高橋聡	TAKAHASHI Satoshi
		助教	Assistant Professor	伊藤優志	ITO Yuji
生体分子機能制御分野	Bifunctional Chemistry and Nanobiotechnology	教授	Professor	水上進	MIZUKAMI Shin
		准教授	Associate Professor	小和田俊行	KOWADA Toshiyuki
		助教	Assistant Professor	IRA NOVIANTI	IRA Novianti
構造メカニズム研究開発分野	Structural Mechanism Research and Development	教授(クロスアポイントメント)	Professor	米倉功治	YONEKURA Koji
		准教授	Associate Professor	濱口祐	HAMAGUCHI Tasuku
		講師	Lecturer	黒河博文	KUROKAWA Hirofumi
分子機能可視化分野	Dynamic Structural Biology	教授	Professor	南後恵理子	NANGO Eriko
		助教	Assistant Professor	藤原孝彰	FUJIWARA Takaaki
		助教	Assistant Professor	田口真彦	TAGUCHI Masahiko
		助教	Assistant Professor	小島摩利子	KOJIMA Mariko
ゲノム情報学講座			Genome Informatics		
オミックス・情報学分野	Omics and Informatics	客員教授	Visiting Professor	池田和貴	IKEDA Kazutaka
		客員准教授	Visiting Associate Professor	山川央	YAMAKAWA Hisashi
協力教員			Cooperative faculties		
天然物ケミカルバイオロジー分野	Chemical Biology of Natural Product	教授	Professor	上田実	UEDA Minoru
レドックス制御分野	Redox Biology	教授	Professor	本橋ほづみ	MOTOHASHI Hozumi
分子反応化学分野	Bioorganic Medicinal Chemistry	教授	Professor	土井隆行	DOI Takayuki
RNA生理学分野	RNA Physiology	教授	Professor	魏范研	WEI Fan Yan
機能化学プロテオミクス分野	Functional Chemical Proteomics	准教授(国際卓越)	Associate Professor	佐藤伸一	SATO Shinichi
動的構造生化学分野	Dynamic structural Biochemistry	准教授(国際卓越)	Associate Professor	奥村正樹	OKUMURA Masaki

附属施設

浅海海洋生物学教育研究センター	Asamushi Research Center for Marine Biology	センター長	Director	熊野岳	KUMANO Gaku
-----------------	---	-------	----------	-----	-------------

研究センター

東北大学包括的脳科学研究センター	Comprehensive Center for Brain Science Research and Education, Tohoku University				
------------------	--	--	--	--	--

事務部	総務係	General Affairs Section
	教務係	Student Affairs Section
	会計係	General Accounting Section
	浅虫事務部	Asamushi Administrative Office
共通	教育研究支援・企画推進室	Academic Support & Planning Office
	広報室	Public Relations Office

基本データ

Data

教員数 Academic Staff

教授	Professor	26 (19)
准教授	Associate Professor	9 (9)
講師	Lecturer	1 (2)
助教	Assistant Professor	37 (12)
客員教授	Visiting Professor	2
客員准教授	Visiting Associate Professor	2
特任教授	Specially-appointed Professor	1
特任准教授	Specially-appointed Associate Professor	1
特任講師	Specially-appointed Associate Lecturer	2
特任助教	Specially-appointed Assistant Professor	11

() Cooperative Faculties
1, April, 2026

学生数 Postgraduate Students

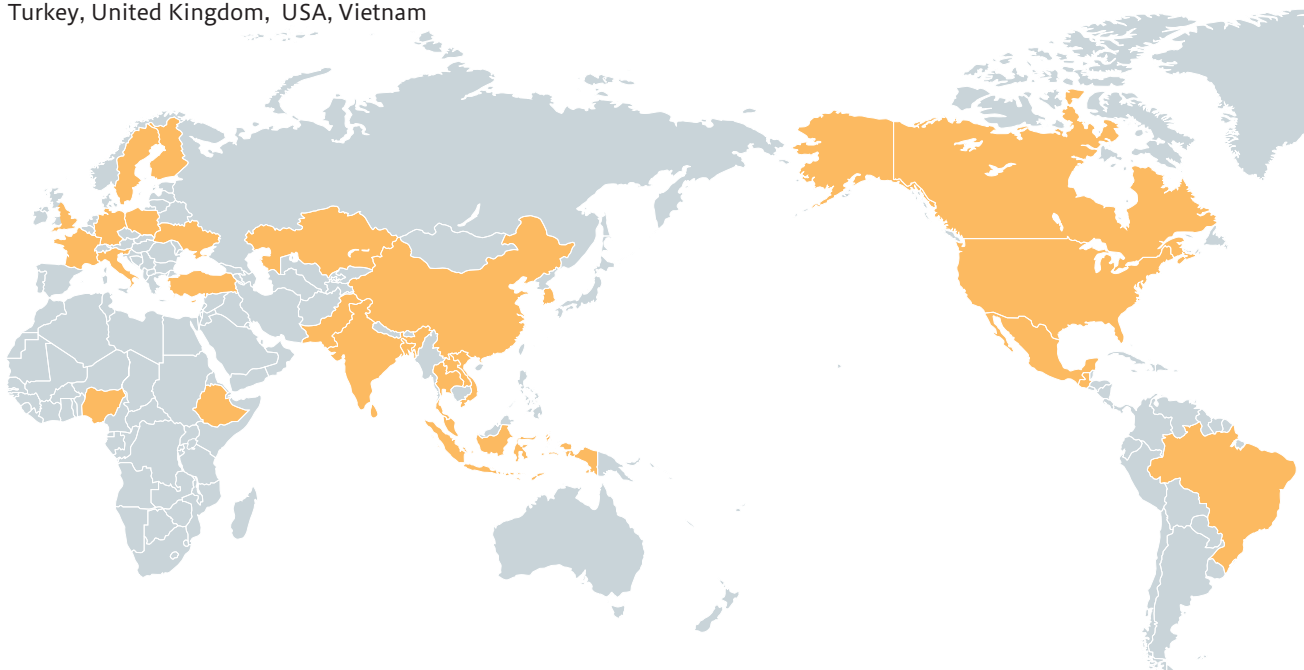
		Male	Female	Total
修士課程学生	Master's courses	130 (13)	71 (13)	201 (26)
博士課程学生	Doctoral courses	69 (15)	32 (13)	101 (28)

() International Students
1, December, 2025

留学生の出身国及び地域 Home country of International Students

Bangladesh, Brazil, Canada, China, Ethiopia, Finland, France, Germany, India, Indonesia, Italy, Kazakhstan, Laos, Malaysia, Mexico, Nigeria, Pakistan, Poland, Portugal, Singapore, South Korea, Sweden, Taiwan, Thailand, Turkey, United Kingdom, USA, Vietnam

1, December, 2025



脳生命統御科学専攻

Department of Integrative Life Sciences

多細胞生物は、卵に由来する多くの細胞が基本単位となり、一つの個体を構成して機能を全うする生命体である。それぞれの細胞は、個体発生の過程で独自の役割を担うように分化・多様化し、互いに相互作用（ネットワークを形成）することが個体としての統合的機能の基盤にある。本専攻では、こころとからだをコントロールする「脳」を中心に、細胞集団が生命を統御する仕組みの解明を目指し、先端的技术を駆使した研究・教育を行う。

Multicellular organisms are the life forms wherein the basic unit comprises many cells derived from an egg to form and fulfill the function of a single individual. Each of the cells undergoes differentiation and diversification to fulfill independent roles during the process of ontogeny, and the mutual interaction of these cells (network formation) is the foundation of integrated function as an individual. We aim to clarify the mechanisms by which cell populations (e.g., neural networks) control life phenomena (e.g., brain functions), implementing research and education, making full use of cutting-edge technologies.

神経行動分野



キーワード /
学習・記憶、報酬・罰、ドーパミン



教授
谷本 拓
TANIMOTO Hiromu



准教授
小金澤雅之
KOGANEZAWA Masayuki



助教
黄 子庭
HUANG Tzu Ting

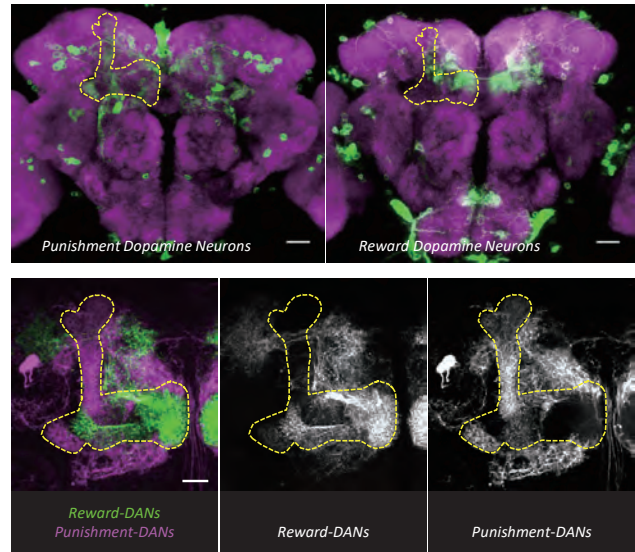


助教
THOMA VLADIMIROV
THOMA Vladimirov

ショウジョウバエにおける記憶の神経回路と報酬・罰の伝達機構の解明

これまでに経験した感覚情報を統合し、学習した"記憶"に基づき適切な行動をとることは、動物界に広くみられる脳・神経系の本質的な機能の一つです。その複雑な過程の一端を担う脳機能が、2種の刺激を結びつける連合学習です。私たちの研究室では、この連合学習の神経基盤を個別のニューロンレベルで理解すべく、脳細胞数が比較的少なく、遺伝子工学によって細胞の機能操作が容易であるショウジョウバエ (*Drosophila melanogaster*) を使って解析を進

めています。特に、報酬と罰がどのように脳内で処理されているのか、ドーパミン神経群に着目して解析しています。実験手法としては、行動学・組織形態学・遺伝子工学・画像解析を統合的に用いるほか、新たな行動解析のため、ソフト・ハードの両面からツール開発も行っています。また、動物行動を進化的な視点から捉えるため、より起源的な神経系を持つクラゲを用いた実験系も立ち上げています。



左：クラゲを用いて「神経系の起源」を探る 右：ショウジョウバエ脳内の罰と報酬を伝達するドーパミン神経群

Neural circuits for learning and memory in *Drosophila*

An associative learning, in which an animal links sensory experiences to salient life events such as encountering foods under starved condition, is one of our fundamental brain functions. The long-term goal of our lab is to understand the neural mechanism underlying this associative learning. Our current focus is to identify and functionally characterize the neural circuits for memory formation, consolidation and recall. To this end, we investigate associative memories in the fruit fly, *Drosophila melanogaster*, by combining its powerful genetic tools,

techniques of quantitative behavioral analyses, and high-resolution anatomical analyses of neurons. We also engage in the development of new techniques for behavioral analysis and the application of new genetic tools to push the boundaries of our analyses. Besides, we investigate the ancestral nervous system using jellyfish *Gladonema pacificum* to understand the role of molecules, neurons and circuits in regulating adaptive behavior within a wider evolutionary context.

分子行動分野



キーワード /
社会認知、行動選択、社会適応



教授
竹内 秀明
TAKEUCHI Hideaki

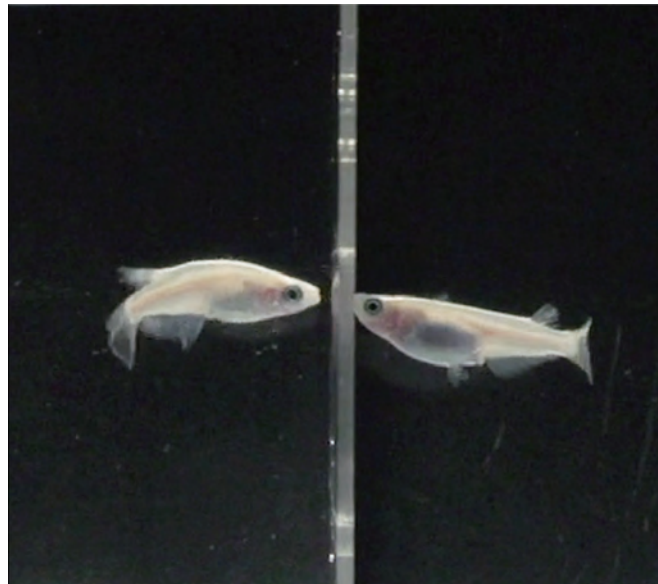


助教
梶山 十和子
KAJIYAMA Towako

ソーシャルビジョンの分子神経基盤とその進化的多様性を生み出す機構の解明

多くの動物は、様々な視覚的シグナルを使って他者の情報を受け取ることで配偶行動や攻撃行動などの行動を選択をします。このように視覚的シグナルを介して同種からの社会情報を受け取る脳機能は「ソーシャルビジョン」と呼ばれていますが、種によって異なる特徴を示します。例えば、イトヨのオスは繁殖期に腹部が赤くなり、この色彩が他のオスの攻撃行動を引き起こす視覚的シグナルとなります。また、グッピーのメスは、オスの尾の色彩を基準に配偶相手を選択します。さらに、ニホンメダカを含む一部の魚類は、顔の特徴を記憶して個体を識別する高度な視覚認知能力を持っています。このようなソーシャルビジョンはヒトを含む多くの動物において重要な役割を果たしていますが、その分子神経基盤はほとんど解明されていません。

私たちの研究室では、ニホンメダカとその近縁種のソーシャルビジョンの種差に着目して研究を進めています。具体的にはニホンメダカとその近縁種およびゼブラフィッシュの脳のシングルセルアトラスを作成し、種差を示す神経タイプを同定することで、種固有のソーシャルビジョンにこれらの神経タイプがどのように関わるのかを検証していきたいと考えています。また、遺伝子編集法を利用してメダカを対象にカルシウムイメージングや光遺伝学などの分子遺伝学ツールの確立に成功しています。近い将来、これらの研究を統合することで、ソーシャルビジョンの神経基盤とその進化的多様化のメカニズムの解明を目指しています。



メダカのオスとメスがガラス越しに数時間お見合いすると、メスがオスを視覚的に記憶して、配偶相手として選択する傾向がある。

Exploring the Neural Geography and Evolutionary Diversity of Social Vision

Many animals make social decisions such as mating and aggressive behaviors based on visual cues from other conspecifics. This brain function of receiving social information from conspecifics through visual signals is called "social vision", which has diverse characteristics across species. For example, male sticklebacks develop red nuptial coloration during the breeding season, and this color serves as a visual signal that triggers aggressive behavior in rival males. Female guppies select their mating partners based on the coloration of males' tails. Furthermore, some fish species, including Japanese medaka, possess sophisticated visual recognition abilities that allow them to identify individuals by memorizing facial features. While such

social vision plays a crucial role in animal social behavior, its molecular and neural basis remains largely unknown. In our laboratory, we are creating single-cell atlases of the brains of Japanese medaka, its closely related species, and zebrafish to identify species-specific neuronal types and investigate how they are involved in species-specific social vision. Additionally, using gene editing techniques, we have developed molecular genetic tools such as calcium imaging and optogenetics in several medaka species. In the near future, we aim to integrate these research approaches to understand the neural basis of social vision and the mechanisms of its evolutionary diversification.

脳機能発達分野



キーワード /
発達、社会相互作用、可塑性



教授
安部 健太郎
ABE Kentaro

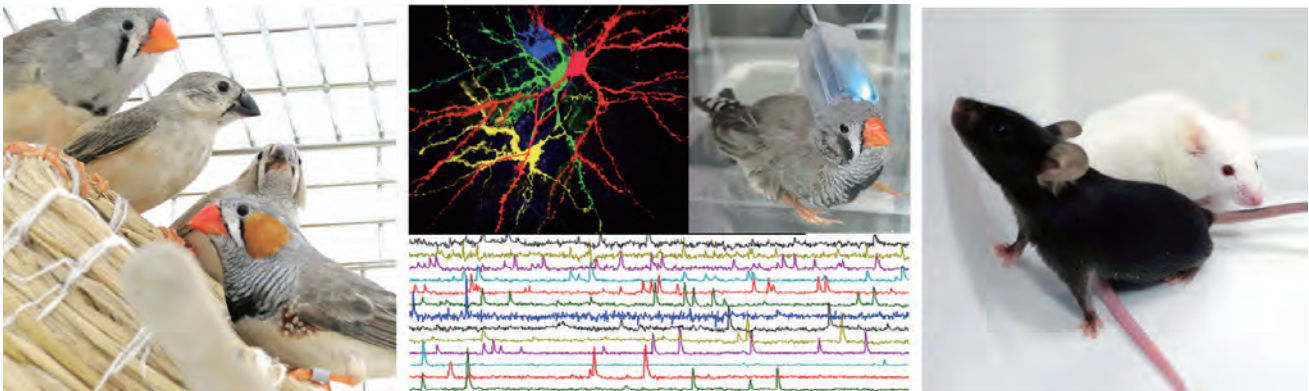


助教
青木 祥
AOKI Sho

脳が変わる機構を明らかにし、その制御を目指す

人は社会や環境からの影響を受け成長し、また、常に変容し続けるものです。実際、我々動物の脳神経系は、ゲノム情報などの内因性の情報のみならず、生活環境や親・社会との相互作用などの外因性の情報も受けて形作られます。また、成体になっても、神経ネットワーク構造やその生理学的な機能が随時変化することが分かってきました。本分野では、鳴禽類が個体間音声コミュニケーション能力を生後発達させる機構や、げっ歯類における認知学習機構、病態時における脳機能の障害機構、培養細胞における遺伝子発現制御機構な

どを現在、研究対象としています。研究手法としては、分子生物学的技術、細胞生物学、光遺伝学、脳内イメージング、動物行動解析技術を使用し、これらの技術を統合的に用いることで、脳が“変わる”機構を明らかにすることを研究の目的とします。将来的には、脳機能の根源的理解を深めるとともに、脳機能疾患に対する予防法・治療法の開発や、学習や健全な発育を促進するよりよい教育システムの確立を目指します。



左：キンカチョウの家族。中：脳内の神経細胞写真と脳内ライブイメージングによる社会相互作用中の神経活動記録。右：マウス

Understanding how our brain develops and changes.

Humans grow up under the influence of their environment and society and, even into adulthood, we are continuously changing in response to new information. Indeed, the nervous system of an animal is formed not only by intrinsic factors such as genomic information, but also by extrinsic factors such as environment, society, or parenting. It is now becoming clear that the structure and function of the brain's neural network plastically changes not only during development but also in adults. Our laboratory studies the mechanisms behind brain development and changes by examining the following systems: songbird vocal communication, rodent learning abilities, brain impair-

ment under pathophysiological conditions, and gene transcription regulation in vivo. We use experimental methods in the fields of molecular biology, cell biology, along with brain imaging and optogenetics to conduct behavioral analyses. We hope that our research will contribute to a better understanding of the basal mechanism of brain function and will serve as a foundation for the development of remedies for brain disorders. We also will strive to establish an optimal education system to improve the learning efficiency or to promote healthy growth and development of animals.

脳神経システム分野



キーワード /
高次脳機能、行動神経生理学、分子神経解剖学



教授
筒井 健一郎
TSUTSUI Ken-ichiro



教授(クロスアポイントメント)
星野 歩子
HOSHINO Ayuko



准教授
大原 慎也
OHARA Shinya



特任准教授
中村 晋也
NAKAMURA Shinya



特任講師
渡邊 秀典
WATANABE Hidenori



助教(兼)
木村 慧
KIMURA Kei



助教(兼)
洪 紹閔
HUNG Shao-Min

神経回路の構成と動態に基づく脳の動作原理の解明

脳の高次機能の理解は、21世紀科学の中心課題の一つである。われわれは、脳の動作原理を解明するためには、脳内の神経回路の構成と動態を理解することが重要であると考えており、神経科学の最新の方法を駆使しながら、その両面から研究をすすめている。

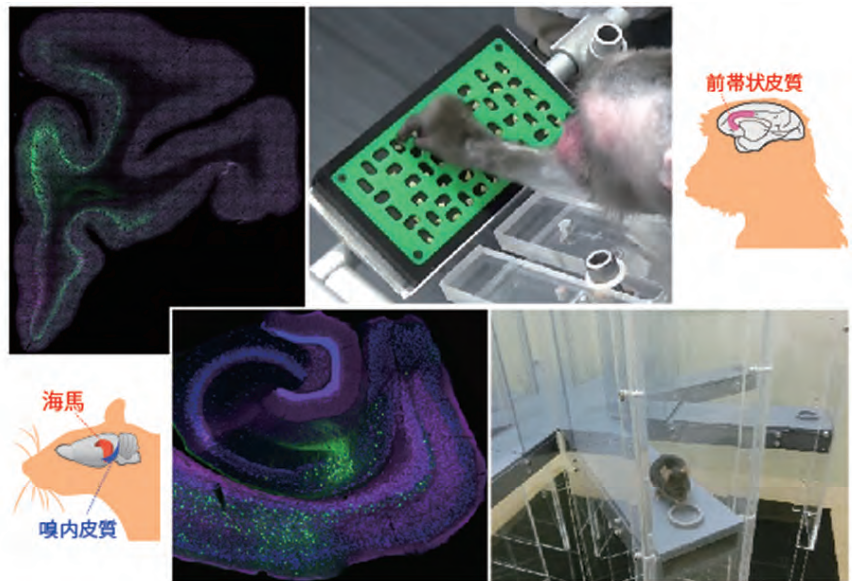
1) 「脳の構成」の理解(分子神経解剖学)

高次脳機能を実現する脳の神経回路の構成を、細胞、局所神経回路、脳領域間回路のレベルで、マルチスケールに解析する。その

ために、プラスミドベクターやウイルスベクターを用いた神経回路標識法や操作法など、最先端手法を自ら開発し、研究に用いている。

2) 「脳の動態」の理解(行動神経生理学)

マルチニューロン活動記録、皮質表面電位、脳機能イメージングなどの脳活動の記録法と、薬物微量注入、経頭蓋磁気刺激などの脳活動の操作法を駆使しながら、脳の情報処理の動態を、細胞、局所神経回路、脳領域間回路のレベルで、マルチスケールに解析する。



左) 研究のコンセプト 右) ウイルスベクターを用いた神経回路標識と行動課題遂行中の動物 (上段サル、下段マウス)

Understanding the structure and dynamics of the brain and mind

The understanding of higher brain function is the central theme of science in the 21st century. To unveil the mechanisms of higher brain function, we investigate the structure and function of the neural circuits and networks in the brain using state-of-the-art neuroscience research methods.

1) Understanding the structure of the brain (molecular neuroanatomy): We investigate the structure of the brain that underlies higher brain function at a multi-scale level (cellular, local circuit, and inter-regional network). To achieve this, we develop and use novel research tools, such as visualization and manipulation of neural circuits based on cir-

cuit tracing using plasmid or virus vectors.

2) Understanding the dynamics of the brain (functional neurophysiology): We investigate the functional dynamics of the brain, such as temporal change in the neuronal representation of information, and information processing on the local circuit and inter-regional network level. To achieve this, we use various methods such as multiple unit recording, electrocorticogram (ECoG) recording, and brain imaging for monitoring neural activity, and drug microinjection and trans-cranial magnetic stimulation (TMS) for manipulating neural activity.

膜輸送機構解析分野



キーワード /
細胞生物学、メンブレントラフィック、低分子量
Gタンパク質 Rab



教授
福田 光則
FUKUDA Mitsunori

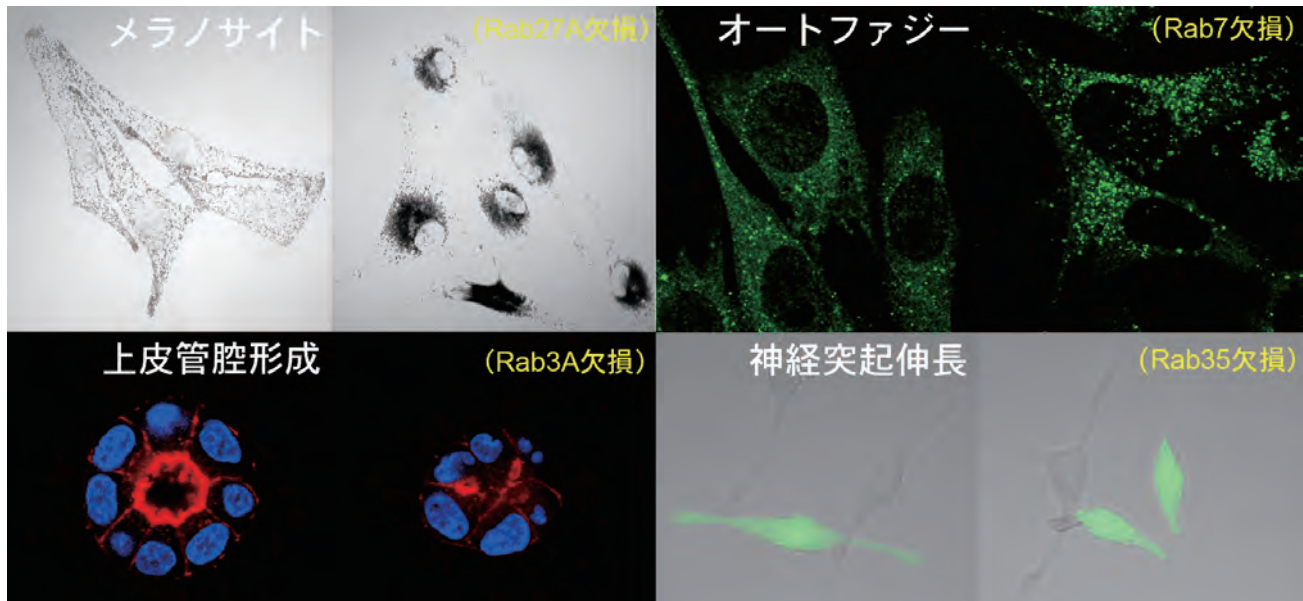


助教
笠原 敦子
KASAHARA Atsuko

「メンブレントラフィック」の分子機構の解明から高次生命現象を理解する！

私達多細胞生物体の基本単位である細胞は、さらに様々な膜で包まれたオルガネラ(細胞内小器官)により構成されています。これらのオルガネラは独自の機能を持ちますが決して独立した存在ではなく、小胞や膜の輸送(いわゆる『メンブレントラフィック(膜輸送)』)を介して頻繁に情報交換を行っています。適切な膜交通が損なわれるとヒトは様々な病気を発症することから、膜輸送の分子メカニズムの解明は生物学・医学における重要な研究課題の一つです。膜輸送を円滑に行うためには「交通整理人」の存在が重要で、私達の研

究分野ではこの交通整理人役のタンパク質を同定し、その役割を明らかにすることにより、膜輸送の分子メカニズムの解明に取り組んでいます。具体的には、メンブレントラフィックの普遍的制御因子として知られる低分子量Gタンパク質 Rab に着目し、分子生物学、細胞生物学、生化学、分子イメージングなどの技術を駆使することにより、膜輸送の分子メカニズムを解明し、様々な高次生命現象(メラニン輸送による肌や毛髪の暗色化、神経突起伸長による神経ネットワークの形成など)を理解することを目指しています。



低分子量 G タンパク質 Rab が制御する多彩な生命現象(メラニン輸送、神経突起伸長、上皮細胞の極性形成、オートファジーなど)

Membrane traffic: from molecular mechanisms to high order functions

Cells, the building blocks of all multi-cellular organisms, contain a variety of membranous compartments (i.e., organelles). Although they have unique functions, organelles do not function independently, and frequently exchange information via "membrane trafficking," in which membrane-wrapped substances are transported between organelles. Since a variety of human diseases are often caused by a loss of proper membrane trafficking, understanding the molecular mechanisms of membrane trafficking is one of the most important research themes in biology and medical science. For membrane trafficking to occur smoothly, "traffic controllers" must be present within the cells. In our laboratory, we investigate the role of Rab GTPases, one of the

most important traffic controllers conserved in all eukaryotes, in membrane trafficking. We attempt to uncover the molecular mechanisms of membrane trafficking underlying various life phenomena (e.g., melanin transport in skin and hair pigmentation, neurite outgrowth in neural network formation, epithelial polarity formation, and autophagy) by using molecular biology, cellular biology, biochemistry, and molecular imaging techniques. Shedding light on their role will lead to an understanding of the molecular mechanisms of membrane trafficking in high order functions.

発生ダイナミクス分野



キーワード /

発生過程の遺伝的制御、微小管動態、染色体進化



教授
杉本 亜砂子
SUGIMOTO Asako



准教授(兼)
春田 奈美
HARUTA Nami



特任講師
田原 浩昭
TABARA Hiroaki



講師
(クロスアポイントメント)
太田 緑
OHTA Midori

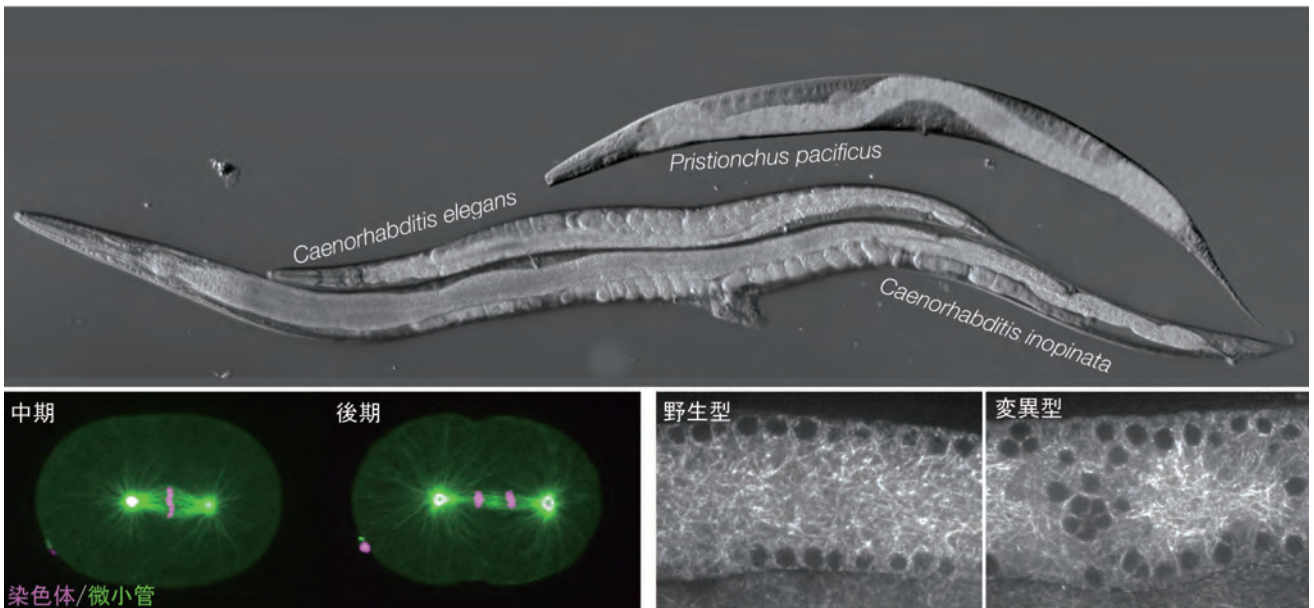
発生過程の遺伝的制御、微小管動態、染色体進化

生物はゲノムに書き込まれたプログラムにしたがって、生物固有の複雑なかたちを作り上げていきます。私たちは、この発生過程の遺伝的制御メカニズムとその進化プロセスを解明するために、シンプルな体の構造とコンパクトなゲノムを持つモデル線虫 *Caenorhabditis elegans* とその近縁種を研究対象として用いています。

- 1) 微小管動態の時空間的制御: 細胞骨格の一種である微小管は、細胞分裂、細胞内の物質輸送、細胞形状の維持など、多彩な役割を果たしています。私たちは、細胞分裂期や組織特異的な微小管動態の時空間的制御メカニズムを、分子遺伝学・ライブイメージング、細胞生物学・生化学などの多角的なア

プローチで解析しています。

- 2) 染色体構造変化と形質進化: DNA 上の変異の蓄積や、トランスポソンの転移・増幅、染色体の大規模な再編成は形質進化や種分化を引き起こします。私たちは、*C. elegans* とその近縁種のゲノムを比較・操作することで、染色体構造変化が形質進化を引き起こすプロセスを探ります。また、一部の線虫で発見された、発生の途中で染色体の一部が削減される「染色体削減」現象の分子メカニズム解明や、人為的な染色体再編成誘発による人工進化実験を通じて、新しい染色体生物学分野を開拓しています。



(上) 研究室で扱っている線虫種の一部; (左下) *C. elegans* 受精卵の細胞分裂; (右下) 野生型と生殖腺内の微小管に異常を示す変異体

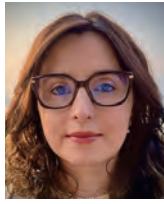
Genetic control of developmental processes and their evolution

Organisms develop intricate forms guided by their genetic programs. Our laboratory investigates the genetic control of developmental processes and their evolution using the model nematode *Caenorhabditis elegans* and related species. These organisms feature simple body structures and compact genomes, making them ideal research targets.

- 1) Spatio-temporal regulation of microtubules: Microtubules, part of the cytoskeleton, perform various functions such as facilitating cell division, transporting intracellular material, and maintaining cell shape. Our research unravels the spatiotemporal regulatory mechanisms that control the dynamic activities of microtubules during cell division and in specific tissues, utilizing an integrative approach covering molecular genetics, live imaging, and biochemistry.

- 2) Structural changes of chromosomes and trait evolution: Trait evolution and speciation result from a combination of DNA mutations, transposon transfer and amplification, and large-scale chromosome rearrangements. Our goal is to understand the relationship between changes in chromosomal structure and trait evolution by comparing and manipulating the genomes of *C. elegans* and its related species. Additionally, a new area of chromosome biology is explored by analyzing the molecular mechanisms underlying programmed DNA elimination, a phenomenon observed in certain nematode species where a portion of the chromosome is excised and discarded during development. We are also conducting artificial evolutionary experiments by manipulating chromosome structures.

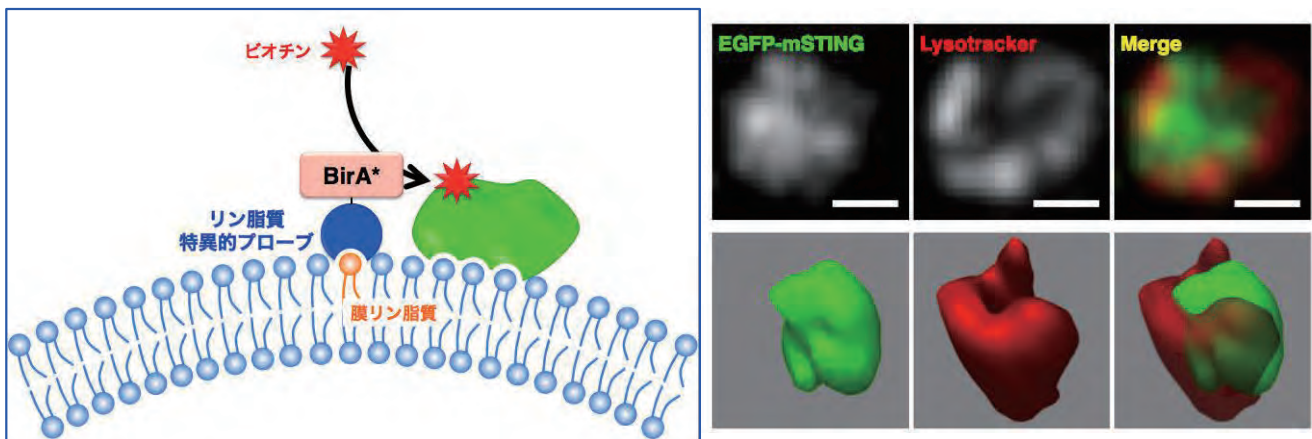
細胞小器官疾患学分野

キーワード /
細胞小器官、疾患、シグナル伝達教授
田口 友彦
TAGUCHI Tomohiko助教
朽津 芳彦
KUCHITSU Yoshihiko特任助教
ELEONORA MARGHERITIS
Eleonora Margheritis

細胞小器官の連携を司る分子機構を理解し、その破綻に起因する疾患の治療を目指す

私たちの体を構成している真核細胞は、その内部に多種多様な細胞小器官(オルガネラ)を有しています。これら細胞小器官は、決してスタンドアロンな存在ではなく、膜小胞輸送や細胞質性分子のやり取りなどを介しながら密接に連携し、細胞の機能発現に関与しています。そして、より重要なことに、細胞小器官の連携の破綻は、個体レベルで様々な疾患の要因となることも明らかになってきました。本分野では、生化学・細胞生物学(オルガネライメージング)・分子生物

学的手法により、細胞小器官を構成する新規因子(タンパク質・脂質)を同定し、細胞小器官の機能および連携を制御する分子メカニズムを明らかにすることを目的としています。細胞小器官の連携には、細胞小器官の細胞質側に存在する分子の理解が特に重要であると考えられ、注目して解析をすすめます。これらの研究成果は、細胞小器官の機能連携の破綻に起因する疾患(がん・自己炎症性疾患など)の治療手段の開発に活用していきます。



左図:オルガネラ特異的膜脂質を利用した新規オルガネラ局在タンパク質同定法。右図:エンドソーム(緑)を飲み込もうとしているリソソーム(赤)。

Understanding how intracellular organelles are functionally integrated

Eukaryotic cells have a number of intracellular organelles with distinct functions. However, these organelles never function alone; they cooperatively regulate cellular homeostasis, proliferation, and differentiation, through a continuous exchange of soluble and membrane-bound molecules via membrane trafficking and/or membrane contact transfer. A failure in organelle cooperation often results in various human diseases. Our laboratory uses methods in biochemistry, cell biology (organelle imaging), and molecular biology to identify novel

organellar proteins and lipids. With these methods, we aim to unveil novel functions of organelles and the molecular mechanisms that regulate organelle cooperation. We especially focus on molecules that reside on the cytoplasmic face of the organelles; the face that forms physical contacts with other organelles. Our results will help develop new treatments for diseases such as cancer and autoimmune diseases that are caused by disrupted organelle cooperation.

超回路脳機能分野



キーワード /
グリア細胞、脳内代謝・神経情報連関、光制御 /
光計測生理学



教授
松井 広
MATSUI Ko



助教
生駒 葉子
IKOMA Yoko

グリア機能を光で操り、こころの源を探す

脳を構成する細胞同士がどのように信号の受け渡しをしているのか、それを詳細に調べて行く先に、心の実態が見えてくると考えています。神経細胞の間では、シナプス伝達という形で、超高速な情報交換が行われています。ところが、脳をよく見てみると、神経とは異なるグリアという細胞があり、グリアのほうが、神経より数も多く容積も大きいのです。最近の私たちの研究から、グリアは神経の活動に細かく反応していることが分かりました。また、光を用いて細胞の活動を制御できる分子をグリアに発現させ、グリアを選択的に光刺激する

と、神経に情報が伝わることを示されました。マウスに麻酔薬を投与すると、神経の活動はほとんど影響を受けないのに、グリアの活動が強力に抑制されるという報告もあります。麻酔によって、選択的に失われるのは何か。意識です。心のもっとも重要な機能のひとつである意識に、グリアは影響しているのかもしれないのです。神経とグリアの間でも信号のやり取りがあり、神経・グリア・代謝回路をまたぐ超回路こそが、脳内情報処理に一層の柔軟性と複雑さを生んでいるという仮説に、私たちは挑戦しています。



個々の脳細胞間を行き交う信号を電気と光で計測し、生きているマウスの細胞活動を光ファイバーで操作する。超回路の信号を通して心の作用を見出す。

In search of the glial correlates of consciousness

Every scientific endeavor begins with observation. However, observation alone can only lead to a realization of correlation. Experimentation is required to understand the observed causal relationships. The brain is a complex multicellular organ. The human "mind" is likely created by communication between brain cells. This notion is derived from studies of correlation between cell activity and animal behavior. Recently, tools were developed that give scientists specific control of cell activity. For example, light-sensitive proteins found in microorganisms, such as channelrhodopsin-2 (ChR2), can now be genetically expressed in mammalian brain cells, which allows experimenters to optically control cell activity at will. We succeeded in

generating a cohort of transgenic mice with consistent expression of a highly light-sensitive ChR2 protein. In addition, manipulation of the activity of "non-excitable" glial cells *in vivo* has also become possible. Our experiments show that selective optogenetic stimulation of glia can lead to release of glutamate as a gliotransmitter, which induces synaptic plasticity and can accelerate cerebellar-modulated motor learning. This finding suggests that glia also participate in information processing in the brain, a function once thought to be solely mediated by neuronal activity. We are actively using these optogenetic tools to explore the causal relationship between brain activity and the functioning of the mind.

腫瘍生物学分野



キーワード /
がん抑制遺伝子、中心体制御、DNA修復、遺伝性腫瘍



教授
千葉 奈津子
CHIBA Natsuko



助教
吉野 優樹
YOSHINO Yuki



助教
方 震宙
FANG Zhenzhou

がん抑制遺伝子産物の機能の破綻による発がんメカニズムの解明

がん遺伝子、がん抑制遺伝子の遺伝子変異の蓄積は、がんを引き起こし、その悪性度を高める。私達は、遺伝性乳がん・卵巣がん症候群の原因になるBRCA1のがん抑制能について、特に、中心体制御能、DNA修復能について研究を行っている。中心体は、分裂期に紡錘体極として機能し、染色体の均等な分配において重要な機能を果たし、この機能破綻は、染色体の欠失や過剰をもたらす、遺伝子異常の原因になる。私達は、新規BRCA1結合分子として、OLA1とRACK1を同定し、がん由来の変異体が中心体制御能に異常を示し、OLA1とRACK1が新たながん関連分子であることを明らかにしてきた。最近は、

中心体のDNA損傷応答におけるBRCA1の機能や、細胞分裂を制御する重要なキナーゼとして知られるAurora AがOLA1をユビキチン化して中心体複製を制御することも明らかにした。

また、DNAは活性酸素などの内的要因や放射線や化学物質などの外的要因によって、絶え間なく損傷をうけており、DNA修復能の破綻は、遺伝子変異の蓄積を起こす。我々はBRCA1のDNA損傷応答についても解析を行い、その異常と抗がん剤感受性との関連についても研究を行っている。これらの研究により、BRCA1やその関連分子を標的とした診断法や治療法の開発のための分子基盤の確立をめざしている。

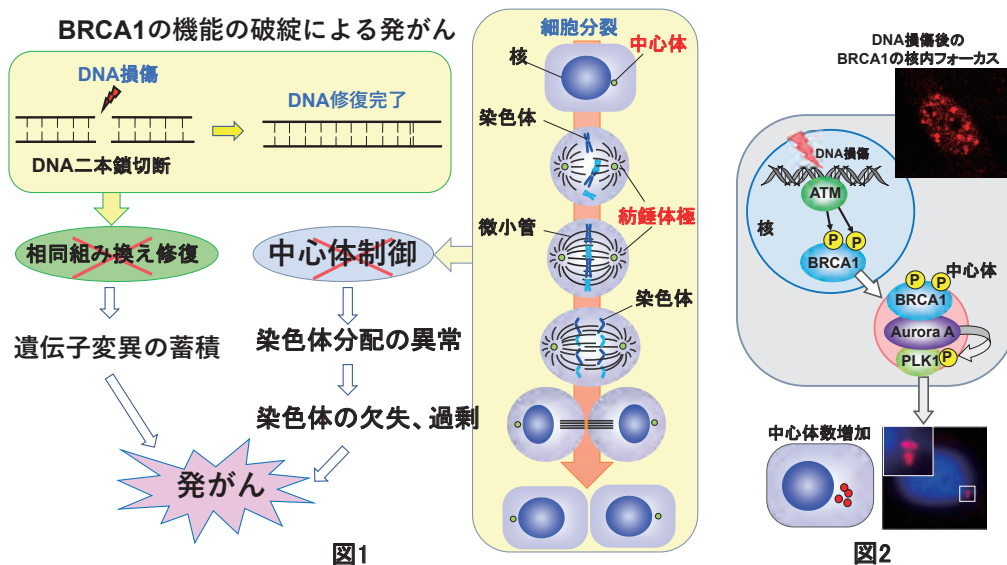


図1. BRCA1の機能の破綻による発がん 図2. 中心体のDNA損傷応答におけるBRCA1の機能

Genome instability and carcinogenesis

Approximately 5% -7% of all breast cancers are inherited, and the two most important breast cancer susceptibility genes, BRCA1 and BRCA2, were identified by linkage analysis of familial breast cancers. Mutations of BRCA1 and BRCA2 have been identified in 25% of familial breast cancers. These breast cancers are collectively referred to as Hereditary Breast and Ovarian Cancer Syndrome (HBOC). In addition to hereditary cancer, it has been reported that BRCA1 is involved in a subtype of sporadic breast cancer, triple-negative breast cancer, and in the chemosensitivity of various cancers. BRCA1 is also involved in many cellular processes, including DNA repair and centrosome regulation. Defects in the regulatory mechanisms of the

centrosome and DNA repair result in defective mitoses, chromosome segregation errors, and the accumulation of DNA damage, which are significant sources of genome instability, and a hallmark of cancer. Our research specifically focuses on the functions of BRCA1 in DNA repair and centrosome regulation. To analyze the functions of BRCA1 and its related proteins, we performed cytological analyses, analyses using genetically modified mice, and analyses of clinical specimens. We believe that this research will contribute to the further understanding of carcinogenesis and aid in developing novel cancer therapies.

神経解剖学分野



キーワード /
脂質代謝、神経・免疫機能制御、発達期栄養障害仮説



教授
大和田 祐二
OWADA Yuji

人体器官の構造と発生・機能との連関を基盤とした研究に加え、細胞レベルから分子レベルに至る病態生理の解明を目的とした研究を展開しています。とくに、脂質代謝が神経系や免疫系の恒常性制御に果たす役割に着目し、エネルギー代謝と細胞機能・分化・恒常性維持の相互関係を明らかにすることを目指しています。

脂質栄養や膜脂質の再構成が、神経細胞の可塑性、免疫細胞の機能制御、さらには腫瘍微小環境における細胞間相互作用に与える影響を解析しています。これらの研究は、遺伝子改変マウス、プライマリ細胞培養、オミクス解析、in vivo イメージングなどの先端技術を組み合わせて行っています。

また、神経変性疾患、悪性腫瘍、炎症性疾患などにおける脂質代謝の破綻に着目し、病態メカニズムの解明と治療標的の探索に取り組んでいます。本分野では、解剖学の視座から現代医学生命科学への学際的アプローチを推進しており、基礎医学研究の深化と次世代研究者の育成を両立させることを理念としています。



研究内容と解析方法: 脂質栄養や膜脂質の再構成が、神経細胞の可塑性、免疫細胞の機能に与える影響を解析しています。

Our laboratory investigates how lipid nutrition and membrane lipid remodeling influence neural plasticity, immune cell regulation, and intercellular communication within the tumor microenvironment.

We focus on the structural and developmental basis of human organs, while advancing research aimed at elucidating the molecular and cellular mechanisms that underlie physiological and pathological states. Our primary interest lies in the role of lipid metabolism in regulating the homeostasis of the immune and nervous systems, particularly in the context of energy metabolism, cell function, and differentiation.

Furthermore, we are elucidating how dysregulation of lipid metabolism contributes to the pathogenesis of neurodegenerative diseases, malignancies, and chronic inflammatory conditions. By integrating anatomical perspectives with contemporary life science approaches, we aim to both deepen basic biomedical research and foster the development of next-generation physician-scientists and biomedical researchers.

システム神経生理学分野



キーワード /
眼球運動制御、上丘、前頭眼野



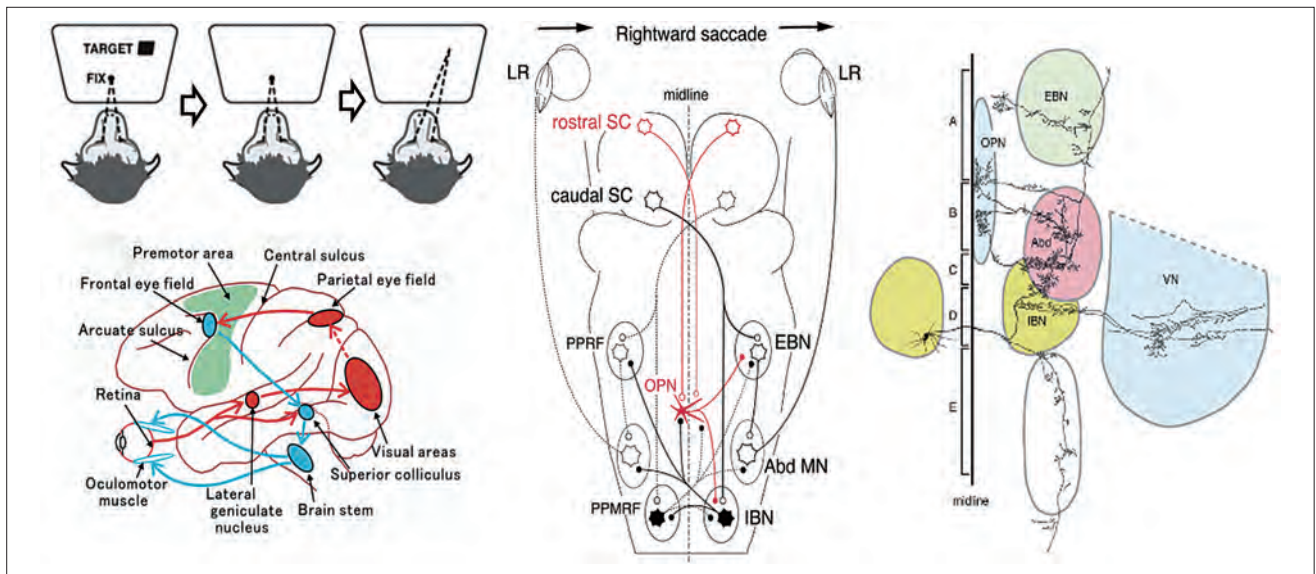
教授
高橋 真有
TAKAHASHI Mayu

視覚入力から眼球運動出力への脳内変換機構を解明する

私たち人間は「視覚動物」と呼ばれ、周囲の情報の約8~9割を視覚に依存しており、ものを見るとき、脳は複数の眼球運動を無意識に使い分けています。たとえば、対象が突然現れると、サッケードと呼ばれる速い眼球運動によって視線を一気に移動させ、対象を網膜の中心窩で捉えます。その後、固視により視線を安定させ、詳細な視覚情報を正確に取り込みます。この間、他の刺激への視線移動は抑えられ、重要な情報に集中することが可能になっています。さらに、動く対象を見続ける際には、smooth pursuit (滑動性追跡眼球運動)

によって、対象の動きに合わせて眼球をなめらかに動かし、追従できるようになっています。

私たちは、こうした視覚情報が脳内のどこで、どのように計算され、適切な眼球運動として出力されるのかを明らかにすることを目指しています。主にサルを用いて、生理学的・解剖学的手法によって神経回路を同定することで、「視覚入力から眼球運動出力への脳内変換機構」の解明を目指しています。



Elucidating Neural Mechanisms Transforming Visual Inputs into Eye Movement Outputs

Humans are often described as “visual animals,” relying on vision for approximately 80–90% of the sensory information, and our brain unconsciously switches between multiple types of eye movements. For example, when an object suddenly appears, the eyes rapidly shift their gaze through a fast eye movement called a saccade, bringing the object onto the fovea of the retina. This is followed by fixation, which stabilizes the gaze and allows detailed visual information to be acquired accurately. During this period, eye movements toward other stimuli are suppressed, enabling focused attention on the object of

interest. In addition, when tracking a moving object, smooth pursuit eye movements allow the eyes to follow the target smoothly and continuously.

Our research aims to clarify where and how visual information is processed in the brain and transformed into appropriate eye movement commands. Using non-human primates, we employ physiological and anatomical approaches to identify the underlying neural circuits, and try to elucidate the neural mechanisms that convert visual inputs into eye movement outputs.

分子腫瘍学分野

キーワード /
細胞分裂、がん、老化

教授

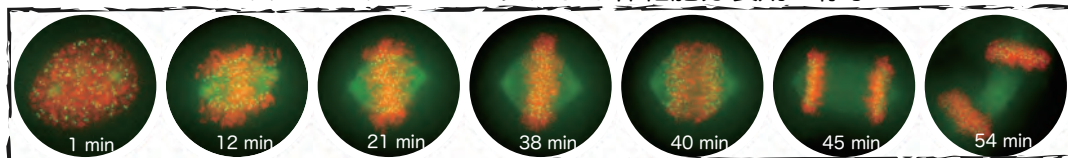
田中 耕三
TANAKA Kozo

ゲノム不安定性が起こるしくみと、そのがんや老化との関連を解明する

私たちの体には60兆個の細胞がありますが、これは1個の受精卵が分裂を繰り返してできたものです。この1つ1つの細胞には、精巧なしくみによって遺伝情報が正確に伝えられています。一方多くのがんでは染色体の異常や遺伝子の変異が見られ、これは遺伝情報を正確に伝えるしくみの異常(ゲノム不安定性)によって起こります。ゲノム不安定性はアルツハイマー病などの疾患や老化の過程でも見られることが報告されていますが、そのはつきりしたしくみはわかってい

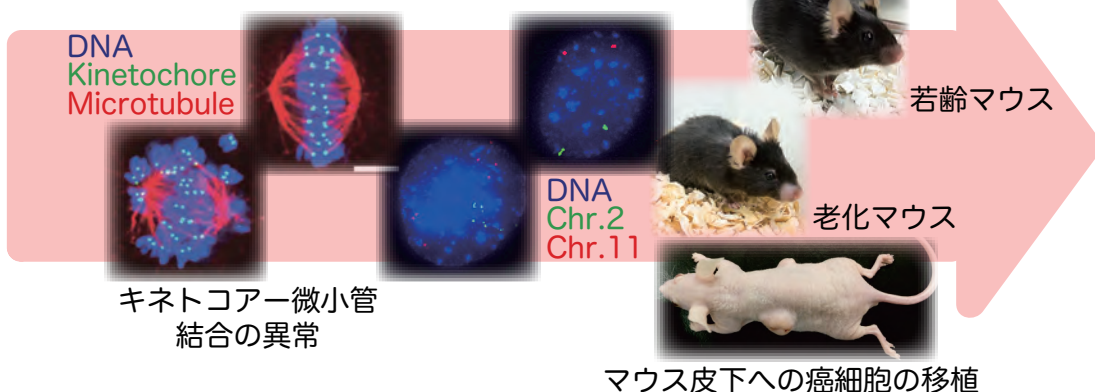
せん。私たちはこのゲノム不安定性がどのようにして起こるのか、そしてそれがどのようにがんや老化と関連しているのかについて研究しています。培養細胞やマウスを用いて、ライブセルイメージング、生化学的解析、ゲノム・エピゲノム解析などの手法を駆使することによって、分子レベルから個体レベルまでの一貫した理解を目指します。そしてゲノムを安定に維持することによる疾患の予防や、ゲノム不安定性をターゲットとしたがん治療の開発につなげようとしています。

ライブセルイメージングによる体細胞分裂期の様子



Chromosome Kinetochores, Microtubule

染色体異数性



The Origin of Genomic Instability and its Relevance to Cancer and Aging

Our body comprises up to sixty trillion cells, all of which are derived from one fertilized egg. Each cell in our body faithfully inherits genetic information through the cooperation of a number of elaborate mechanisms. In contrast, most cancer cells show chromosomal abnormalities and genetic mutations, which are caused by genomic instability, a condition in which the mechanisms ensuring faithful transmission of genetic information are impaired. Genomic instability is also reported to be seen in Alzheimer's disease and aging, although the underlying mechanisms are not fully understood. We are investigating how

genomic instability occurs, and how it is related to cancer and aging. We are addressing these questions from the molecular to the organismal level using cultured cells and mice, and a variety of techniques including live cell imaging, biochemical analysis, and genomic and epigenetic analyses. Through these approaches, we are aiming to develop a strategy to prevent disease by increasing genome stability, and to develop cancer therapies by targeting genomic instability.

免疫生物学分野



キーワード /
Allergy, Autoimmune diseases,
Tumor immunity



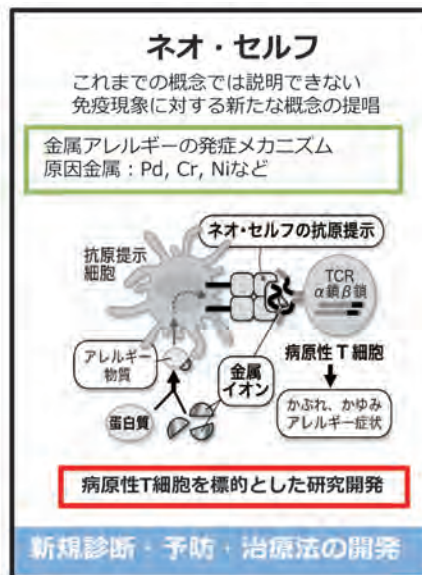
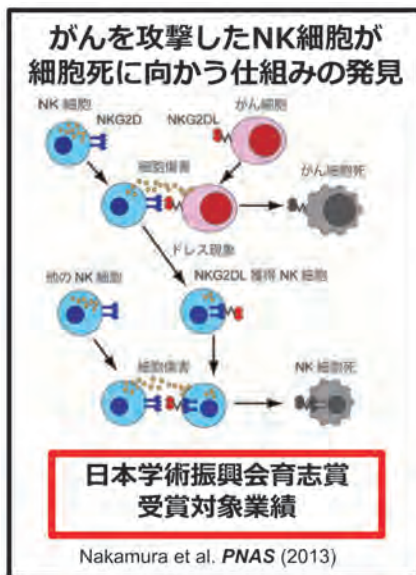
教授

小笠原 康悦
OGASAWARA Koetsu

免疫機構に着目した、がん、自己免疫疾患、アレルギーの病態解明、診断・治療法の開発

私達の体は免疫系によって守られており、自己と非自己の認識に始まり、活性化反応と抑制的反応によって体に害となるものを除去するよう、繊細な調節がなされています。免疫系の破綻は外的因子による疾病・感染症だけでなく、自己免疫疾患やアレルギーを引き起こすため、その活性化・抑制反応を理解することは、私達の健康を維持する上で極めて重要です。当研究室では、細胞傷害性をもつ細胞であるNK細胞やT細胞に着目し、in vivo、in vitro、in silico技術を駆使してがんをはじめとした種々の疾患の病態解明のみならず、新規

診断・治療法の開発を行っています。細胞の機能発現には、DNAの遺伝情報がRNAに転写されタンパク質に翻訳されることが必要です。我々はこれまで、細胞の表面抗原を研究する過程で、免疫細胞がDNAの遺伝情報とは関係なく他の細胞種から膜分子を獲得すること(trogocytosis)を見出し、多くの研究成果を報告してきました。このような後天的に細胞を自在にコントロールする方法の活用等を代表として、免疫細胞が関与する疾患の革新的な治療法の開発を目指しています。



これまでの研究成果と創薬、健康長寿の実現に向けた取り組み

Elucidation of the pathophysiology, diagnosis, and treatment of cancer, autoimmune diseases, and allergies based on the immune system.

Living organisms are protected by the immune system, which begins with the recognition of self and non-self, followed by activation or suppression responses that work precisely to eliminate harmful agents. The breakdown of the immune system can lead to not only diseases and infections caused by external pathogens, but also autoimmune diseases and allergies. Therefore, it is very important to understand the activation and suppression mechanisms of the immune system, which is crucial for maintaining our health. In our laboratory, we focus on immune cells with cytotoxic functions, such as NK cells and T cells. By utilizing in vivo, in vitro, and in silico techniques, we have conducted not only the elucidation of the pathological mechanisms of

various diseases, including cancer, but also the development of new diagnostic and therapeutic approaches.

The expression of cellular functions requires the transcription of genetic information from DNA into RNA, which is then translated into proteins. During our research on cell surface antigens, we discovered that immune cells can acquire membrane molecules from other tumor cells (a process known as "trogocytosis"), which occurs independently of DNA-based genetic information. We have reported numerous studies on this phenomenon. Through the application of methods for controlling cells, we aim to develop innovative therapies for diseases involving immune cells.

神経細胞生物学分野



キーワード /
分子モーター、微小管



准教授
丹羽 伸介
NIWA Shinsuke

神経細胞の形態形成と細胞骨格

誰もが見た瞬間にわかる神経細胞の特徴は、その「形」です。古くからその洗練された形態は多くの研究者を魅了してきました。私たちは、細胞骨格の1つである微小管と、微小管をレールとするキネシンやダイニンに着目し、神経細胞の形づくりのメカニズムを研究しています。単一分子の性質を計測しAIや計算科学で解析・改変する生物物理学、培養神経細胞を用いる細胞生物学、線虫の遺伝学を組み合わせた学際的研究を展開します。

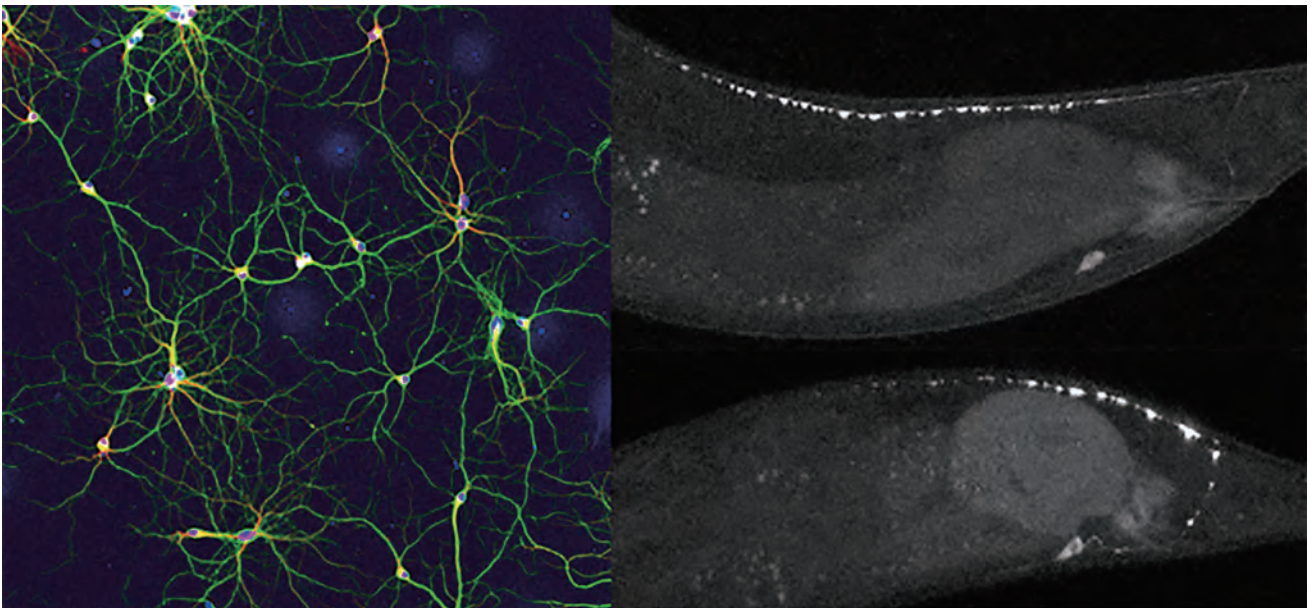
(1) シナプスやオルガネラの位置決定メカニズム

シナプスは生体内のほぼ決まった位置に形成しますが、その局在

は発生段階や必要に応じて変化します。シナプス小胞やミトコンドリアなどのオルガネラも機能発揮のため必要な場所に集積します。この現象には分子モーターが関与しています。1個の分子モーターの力や速度といった物理的特性がどのように調整され、シナプスやオルガネラの位置を決定するのかを解明します。

(2) 微小管動態を制御するキネシンによる形態形成

微小管が長すぎると軸索が過剰に伸長します。微小管の長さを調節するキネシンに着目し、神経細胞の形態が適切に形成・維持されるメカニズムに迫ります。



左:マウス海馬神経細胞の微小管(緑)とMAP2(赤) 右上:野生型 C.elegans のシナプス 右下:変異体 C.elegans のシナプス

Neuronal morphogenesis and Cytoskeleton

The most immediately recognizable feature of neurons is their shape. The elegant morphology of neurons has fascinated researchers for many years. We focus on microtubules, a type of cytoskeletal structure, and molecular motor proteins, such as kinesins and dyneins, to study the mechanism that regulates neuronal morphogenesis. Using an interdisciplinary approach, we combine biophysics, which involves measuring the properties of individual molecular motors and analyzing or modifying them using AI and computational science; cell biology, using cultured mouse hippocampal neurons and human iPS-derived neurons; and genetics, employing *C. elegans* as a model organism.

(1) Mechanisms that regulate the localization of synapses and organelles

Synapses always form at specific locations within the body. Organ-

elles such as synaptic vesicles and mitochondria accumulate in precise amounts at the necessary locations to perform their functions. We aim to elucidate how the physical properties of individual molecular motors—such as force and speed—are regulated to determine the positioning of synapses and organelles *in vivo*.

(2) Regulation of neuronal morphology by microtubule-regulating kinesins

If microtubules are abnormally stabilized and become too long, axons grow excessively, leading to neurodevelopmental diseases. We focus on kinesins that regulate microtubule length to uncover the mechanisms ensuring the proper formation and maintenance of neuronal morphology.

生態発生適応科学専攻

Department of Ecological Developmental
Adaptability Life Sciences

遺伝子から個体、集団・生態系へ至る生命現象の階層を通じた生物の環境応答やその背後にある適応のメカニズムを研究することで、生物の発生・生活様式、それらを生み出して来た進化機構、生物間相互作用の役割や生態系への人間活動の影響を解明する。また、これにより得られる横断的な知見と理解を生かした教育と人材育成を行う。

The aim of this major is to clarify the generation and mode of life of organisms, the evolution mechanisms that have created these organisms, the role of biological interactions, and the effect of human activity on ecosystems by researching the environmental response of the organisms and the background adaptation mechanisms, through the layers of life phenomena from genes to individuals, groups, and ecosystems. We also aim to educate and foster graduates who fully utilize the cross-sectoral knowledge and understanding obtained through this study.

動物発生分野



キーワード /
器官発生、器官再生、形態多様性形成



教授
田村 宏治
TAMURA Koji



助教
上坂 将弘
UESAKA Masahiro



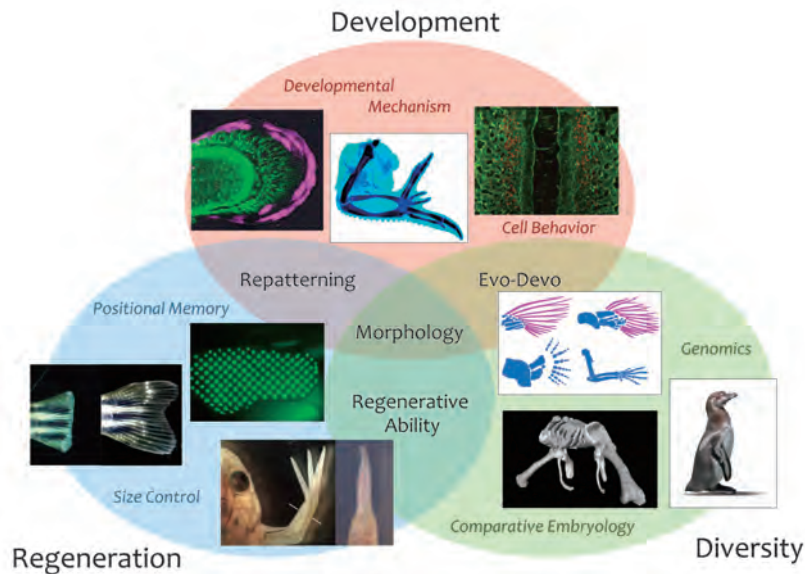
教授
(クロスアポイントメント)
倉永 英里奈
KURANAGA Erina

脊椎動物における形づくりの発生メカニズム

全ての生物には形があります。動物の場合、その形態の多くは発生過程で作られます。頭や四肢、尾といった外部形態や、脳や心臓、肝臓などの内部構造の形態も、すべて発生過程において胚(発生中の個体)に内在するプログラムによって作られるのです。遺伝情報として細胞が持つそのプログラムは、細胞の増殖や死、細胞分化や移動、そして組織化を制御し、細胞から作られる骨、筋肉、血管などの組織はさらに有機的に組み合わせ、高次構造である器官に適切な機能を与える形態を作り出します。私たちは脊椎動物の運動器官と生殖器官をモデルとして、発生プログラムがどうやって細胞の挙動を

制御し、複雑な形態を持った器官を作り出すのかを中心テーマとして、さまざまなアプローチの研究を行っています。

動物は種によってさまざまな形態を持っていますが、その多様性は発生プログラムの変形によって生み出されます。魚類・両生類・爬虫類・鳥類・哺乳類の動物を飼育し胚を取り、その発生プログラムを比較することで動物形態の多様性を生み出す発生プログラムの変形(遺伝子発現の変化や細胞の挙動の変化)を調べることも私たちのアプローチのひとつです。



Our research interest (Organ morphogenesis; organ development, diversity and regeneration)

Developmental mechanism of organ morphogenesis in vertebrates

Organ morphology is established during embryogenesis by the developmental mechanism that is controlled by the genetic program encoded in the genome. The mechanism causes cells to proliferate, die, differentiate, and make tissue, giving rise to organs that have functional morphology. Using vertebrate appendages (limbs/fins) and reproductive organs as our model systems, we investigate the developmental mechanisms that are responsible for organ morphogenesis. Species-specific organ morphology (e.g., the number of digits in

tetrapod limbs) is established by modification of the genetic program, and the resultant developmental mechanism, during evolution. To better understand the developmental aspects of the evolution of morphology, we use a variety of vertebrate embryos (e.g., zebrafish, Xenopus, newt, gecko, mouse, chicken, quail, and penguin) to investigate how animals modify the developmental mechanism for morphological traits.

植物細胞動態分野



キーワード /
植物のかたち作り、細胞極性、ライブイメージング



教授
植田 美那子
UEDA Minako



助教
木全 祐資
KIMATA Yusuke



助教
松本 光梨
MATSUMOTO Hikari

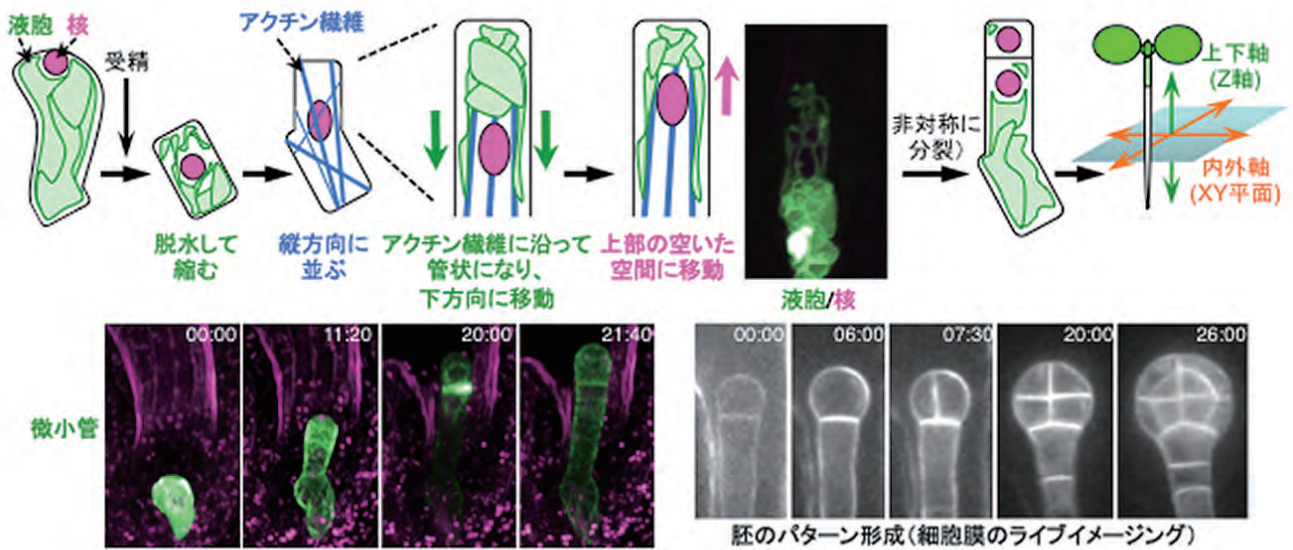


助教
鈴木 秀政
SUZUKI Hidemasa

植物の細胞のなかで起こる現象から、植物全体のかたち作りの仕組みを理解する

植物は複雑な形をしています。それらのほとんどは、たった一つの細胞である受精卵にまで遡ることができます。私たちは、受精卵の内部で起こる変化をリアルタイムで捉えることに成功し、受精後に細胞内の方向性(極性)がいったん崩壊し、その後、次第に受精卵の内部で微小管やアクチン繊維といった細胞骨格が方向性を持って並び直すことを発見しました。この細胞骨格に沿って、核や液胞といったオルガネラが移動し、受精卵が非対称に分裂することで、上下の方

向性(上下軸)が確定します。次いで、規則的な細胞分裂を経て、内外軸が作られることも見出しました。このように、本分野では、高精細ライブイメージングを駆使して、植物の細胞のなかで何が起こり、それがどのように植物全体のかたち作りにつながるかを理解することを目指しています。また、大規模な遺伝子解析を通じて、細胞内の振る舞いを制御する分子機構の同定も進めています。



上:シロイヌナズナの受精卵が非対称に分裂する仕組み。下:微小管がダイナミックに変化する様子と、胚がかたち作られていく様子。

Live-cell analysis of intracellular dynamics to understand plant development

Flowering plants have various organs, but they all have originated from a single-celled zygote. Using *Arabidopsis thaliana*, we established a live-cell imaging system to visualize the intracellular dynamics of the zygote. We found that the egg cell polarity is temporally disorganized on fertilization and the new polarity is gradually established, as microtubules and F-actins align in a zygote-specific manner. Various organelles, such as the nuclei and vacuoles, position along the F-actin cables, resulting in an asymmetric cell division of the zygote

and thus the establishment of the apical-basal axis. Further, we found that the inner-outer axis is formed during the subsequent embryo patterning. Our laboratory utilizes this high-resolution, live-cell imaging technique to understand the events in a living zygote and how the intracellular dynamics result in the formation of a plant. We are also in the process of identifying the key regulators of the individual intracellular events to understand the molecular mechanisms controlling plant ontogeny.

植物発生分野



キーワード /
植物のかたちづくり、メリステム、細胞の極性と
パターン形成



教授(国際卓越)
経塚 淳子
KYOZUKA Junko



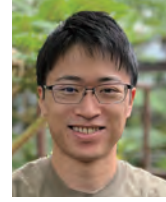
特任助教
小松 愛乃
KOMATSU Aino



特任助教
HSAING-TING LEE
Hsaing-Ting Lee



助教
寺西 美佳
TERANISHI Mika



特任助教
依田 彬義
YODA Akiyoshi

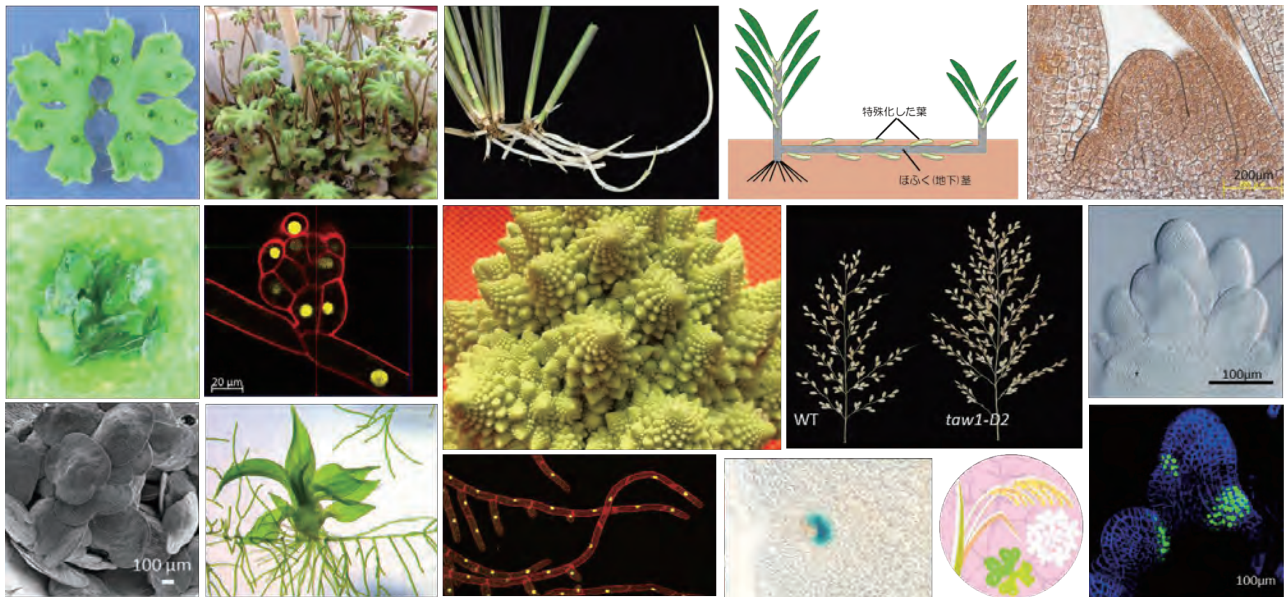
環境に適応した植物の形づくりのしくみを分子レベルで理解する

植物は、地球のバイオマス(生体内の炭素量)の80%を占めており、地球の酸素や燃料の大半を作り出しています。その植物が動物と異なる大きな特徴は、生涯にわたって形づくりを続けることです。生涯にわたり、幹細胞集団を生み出してそれを維持することで、地球を緑の惑星にしているのです。

新たに作られた幹細胞は枝分かれをして成長します。したがって植物の成長とは、枝分かれの繰り返しであるという言い方もできます。基本的な枝分かれパターンは規則的で、そこには幾何学的な美しさがあります。その一方で、枝分かれパターンは個体の成長段階や環

境に応じて柔軟に調節されます。

植物発生分野では、植物のこの枝分かれパターンを決定する遺伝子の仕組みとその進化を研究しています。イネ穂やコケ植物の枝分かれに着目し、幹細胞の運命決定機構や植物ホルモンによる制御について研究を進めています。新規ホルモンの単離にも挑戦しています。今後は、これまでに明らかにしてきた遺伝子や成長プロセスの理解を深めるとともに、植物が生存戦略として進化させた成長の可塑性を分子レベルで解明することを目指しています。



フォトギャラリー (左から列ごとに):ゼニゴケ。イネ(中央がメリステム)。遺伝子発現の可視化。研究に用いる植物。タンパク質の細胞内局在。

Towards an Understanding of the Molecular Basis of Plant Architecture

The basic strategy underlying plant development is different from that of animals. Plants start their life from a simple structure and continue morphogenesis throughout their lifetime. The key to this lifecycle is the activity of stem cells located in the meristem.

In principle, the meristem has an indeterminate activity and continues to produce next-order meristems to establish an elaborate structure. However, each meristem eventually proceeds to a final determinate fate, the floral meristem, and becomes a flower for reproduction. Thus, the timing of the change from the indeterminate to the determinate phase is critical for plant architecture, in particular, for inflo-

rescence structure, and for successful reproduction. The aim of our research is to understand the molecular basis of the regulation of meristem phase change timing.

We use rice inflorescence development as a model system and have identified several genes that play critical roles in this process. Currently we are on the way to fully understanding the molecular and genetic roles of these critical regulators. Furthermore, we use the bryophyte *Marchantia polymorpha*, to reveal possible ancestral roles for these regulators, as well as *Arabidopsis*, to understand their diverse roles in development.

植物進化動態分野



キーワード /
有性生殖システムの転換、性染色体、植物の環境応答

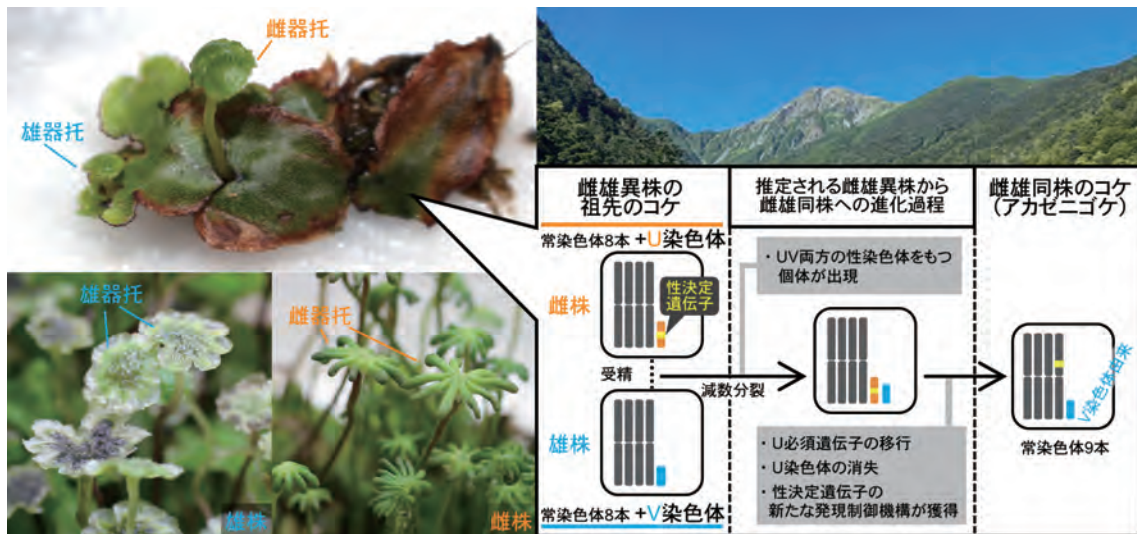


教授
安居 佑季子
YASUI Yukiko

植物進化のダイナミクスを分子レベルで理解する

地球上の多様な生物は如何に進化してきたのか。この間に分子レベルで迫りたいと植物を対象に研究を行なっています。有性生殖は、遺伝的多様性を担保する真核生物に普遍的な繁殖システムです。しかしその基盤となる性決定の様式やその分子メカニズムは非常に多様であり、陸上植物進化の初期に維管束植物と分岐したコケ植物は半数体世代で性を決定します。私たちはモデルコケ植物であり性染色体をもつ雌雄異株ゼニゴケとその近縁の雌雄同株との比較ゲノム

解析から、雌雄異株から雌雄同株への転換過程において性染色体がどのように進化したかを示してきました。植物進化動態分野では、染色体レベルおよび遺伝子機能レベルの両方からのアプローチで、生物多様性を生み出してきた進化を理解することを目指しています。さらに、移動能をもたない植物が環境に適応する過程で獲得した生存戦略とその分子メカニズムを理解するため、フィールドワークを取り入れた研究も展開しています。



左上: 雌雄同株アカゼニゴケ。左下: 雌雄異株ゼニゴケ。右上: フィールドワークを行なっている北岳。右下: 雌雄異株から同株への進化イベントモデル。

Understanding the Dynamics of Plant Evolution at the Molecular Level

How has the remarkable diversity of life on Earth evolved? To address this fundamental question at the molecular level, we conduct research using plants as model systems. Sexual reproduction ensures genetic diversity, and the modes of sex determination and their underlying molecular mechanisms are highly diverse. Bryophytes, which are the sister group to vascular plants, determine sex during the haploid generation. Using the model liverwort *Marchantia polymorpha*, a dioecious species with sex chromosomes, together with a closely related monoecious species, we have conducted comparative ge-

netic analyses to elucidate how sex chromosomes evolved during the transition from dioecy to monoecy. In the Laboratory of Plant Evolutionary Dynamics, we aim to understand the mechanisms that have generated biological diversity through chromosomal and functional genomic approaches. We also integrate fieldwork into our research to uncover the survival strategies that sessile plants have acquired to adapt to their environments, as well as the molecular mechanisms underlying these strategies.

環境遺伝分野



キーワード /
表現型可塑性, 行動, 環境応答



教授
奥村 美紗子
OKUMURA Misako

環境に応答する動物の行動・発生機構の解明

生物を取り巻く環境は、行動や生理状態、発生など様々な形質に影響します。私たちは、動物が環境情報をどのように感知し、複数の情報を統合して、最終的な表現型を決定するのか、その分子・神経メカニズムの解明を目指しています。その際、進化生物学のモデルとして確立されてきた線虫 *Pristionchus pacificus* を用いています。*P. pacificus* は、発生過程の環境に応じて口腔形態や摂食様式が変化します。これまでの研究から、光環境が口腔形態の決定に関与すること、さらに線虫は他の動物とは異なる独自の光受容機構をもつ

ことが示唆されています。順遺伝学的スクリーニングやゲノム編集などの遺伝学的手法や、分子生物学、イメージング、バイオインフォマティクスなどを組み合わせることで、新たな光受容体の同定と機能検証を進めます。さらに、感覚神経から口腔の細胞へ情報が伝わる組織間作用や、可塑性を支える遺伝子発現・エピジェネティクス制御を明らかにし、環境が表現型を決める機構に迫ります。得られた知見は、環境応答の進化的理解や、新しい操作技術の開発にもつなげていきます。



左図:線虫 *Pristionchus pacificus* に光を照射し応答を確認している様子。右図:特定の細胞に赤色蛍光タンパク質を発現させた線虫の頭部。

Linking environmental cues to animal behavior and development

The environment surrounding an organism influences a wide range of traits, including behavior, physiology, and development. We aim to elucidate the molecular and neural mechanisms by which animals sense environmental information, integrate multiple cues, and ultimately determine their phenotype. To this end, we use the nematode *Pristionchus pacificus*, an established model in evolutionary biology. In *P. pacificus*, mouth morphology and feeding mode change depending on environmental conditions experienced during development. Our previous studies have shown that the light environment contributes to the determination of mouth morphology, and further suggest that this nematode possesses a unique light-sensing mech-

anism distinct from those of other animals. By combining genetic approaches such as forward genetic screening and genome editing with molecular biology, imaging, and bioinformatics, we will identify novel photoreceptors and examine their functions. We will also clarify inter-tissue communication through which information is transmitted from sensory neurons to cells forming the mouth, as well as the gene expression and epigenetic regulation that support plasticity, thereby uncovering how the environment shapes phenotype. The insights gained will contribute to an evolutionary understanding of environmental responses and may also enable the development of new experimental manipulation tools.

環境応答分野



キーワード /
植物の環境応答、植物ホルモンによる成長制御、
重力生物学と宇宙実験

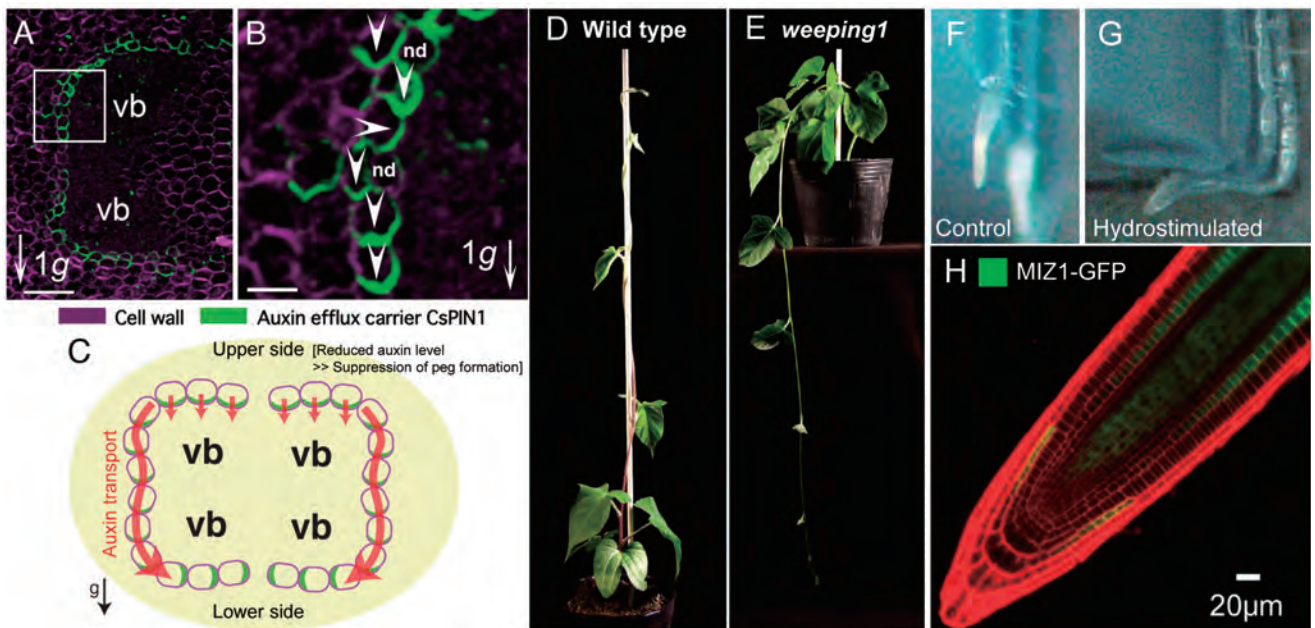


准教授
藤井 伸治
FUJII Nobuharu

植物の環境応答を制御する分子機構

植物は固着性で、移動によって生活環境を変えることができません。しかし、植物は水、重力、光などの外部環境に応答して成長や形態を制御し、遭遇する環境ストレスを回避・軽減する能力をもっています。たとえば、ウリ科植物の芽生えのペグ形成、茎や根の回旋転頭運動は重力応答依存的に生じ、成長に有利な環境に自らを誘導します。また、根は重力屈性だけでなく、水分勾配を感受して高水分側に成長する水分屈性を発現し、根の成長方向・根系形成を制御することによ

て効率的に養水分を獲得します。このような植物の環境応答に必要な遺伝子・タンパク質機能と植物ホルモン作用を理解するために、これまで私たちは植物の成長制御機構を生理学のおよび分子遺伝学的に解析するとともに、宇宙の微小重力下での検証実験も行っています。これらの研究は、植物の環境応答能力の解明だけでなく、地球の環境・食糧問題の解決や人類の宇宙活動にも貢献します。



A-C: キュウリのオーキシン排出タンパク質 (CsPIN1) の重力応答性、D、E: アサガオの蔓巻と重力応答、F-H: 根の水分屈性とその制御分子

Mechanisms of Plant Responses and Adaptation to Terrestrial Environments

Owing to their sessile nature, plants are unable to move to a new habitat once established. However, terrestrial plants have evolved unique abilities to mitigate environmental stresses and adapt to their surroundings. Our research is aimed at understanding the relationship between plant growth and development, and environmental cues such as gravity, water, and light. Important findings include 1) that the gravi-response is involved in the unilateral placement of peg formation in cucumber seedlings, and in the circumnutation of shoots and roots

in various plant species, and 2) that plant roots show hydrotropism in response to moisture gradients, which, together with gravitropism, plays an important role in regulating root growth orientation in order to efficiently obtain water. We use molecular, physiological, genetic, and cytological analyses to understand these regulatory plant response mechanisms. We also conduct spaceflight experiments to test hypotheses developed to explain the effect of gravity on plant growth, and to understand the effect of microgravity on plant development.

適応形態分野



キーワード /

昆虫の色彩の進化発生学、機能性細胞内ナノ結晶の進化、ゲノム編集によるゲノム進化過程の観測



助教(国際卓越)
安藤 俊哉
ANDO Toshiya

美しくも機能的な生物の体の「かたち」の形成と進化の法則性を昆虫を使って理解する

地球は多様な洗練された体の「かたち」を持つ生物で溢れています。力強くはばたくコンドルの翼などの肉眼で見える洗練された形態を示す生物から、金属光沢を呈するフォトニック結晶を有する羽根を持つクジャクに代表されるマイクロな機能構造を持つ生物まで、様々なスケールの洗練された体の「かたち」を生物は進化させてきました。適応形態分野では、昆虫を題材に、様々な制約の中で進化してきた「美しくも(幾何学的・物理化学的な制約)、適応的な(環境からの制約)、体の形態(歴史的制約)」に着目し、形態進化に関わる異なる制

約のせめぎ合いが、生物の形をどのように進化させるのかを分子レベルで解明します。テントウムシの多様な模様(図上段)、ゾウムシ鱗片の金属光沢を呈するフォトニック結晶(図下段)の進化を題材に、集団ゲノミクスや1細胞トランスクリプトームといったゲノム科学の手法を駆使して、適応形態進化に関する制約がゲノムにどのような書き込まれてきたかを解明します。さらに、ゲノム編集技術を利用してその情報を操作し、生命の進化過程を実験室で復元して観測する手法を開拓し適応形態の進化過程を実証的に解明します。



上段: ナミテントウ種内の多様な模様、下段: スナムグリヒョウタンゾウムシ鱗片の黄金色を呈するクチクラフォトニック結晶

Uncovering the principles of the formation and evolution of biological forms

Earth is filled with organisms with a remarkable diversity of sophisticated body forms. These range from conspicuous macroscopic morphologies, such as the powerful wings of a soaring condor, to functional microscopic structures, exemplified by the photonic crystals embedded in the iridescent feathers of peacocks. Across many biological scales, living organisms have evolved sophisticated body forms.

In the laboratory of adaptive morphology, we use insects as model systems to investigate how diverse constraints have shaped the evolution of body forms. We focus on body morphologies that are both beautiful—because they are subject to geometric and physico-chemical constraints—and adaptive—because they are shaped by

environmental pressures and historical contingencies. Our goal is to clarify at the molecular level how the interplay among these different constraints drives the evolution of diverse biological forms.

Using the diverse color patterns of ladybird beetles and the evolution of metallic photonic crystals formed by weevils as model systems, we combine genomic approaches to uncover how the constraints underlying adaptive morphological evolution have been encoded in the genome. Furthermore, by using genome editing to manipulate this information, we aim to establish an approach for experimentally reconstructing and observing evolutionary processes in the laboratory, thereby providing direct empirical insight into the evolution of adaptive forms.

機能生態分野



キーワード /

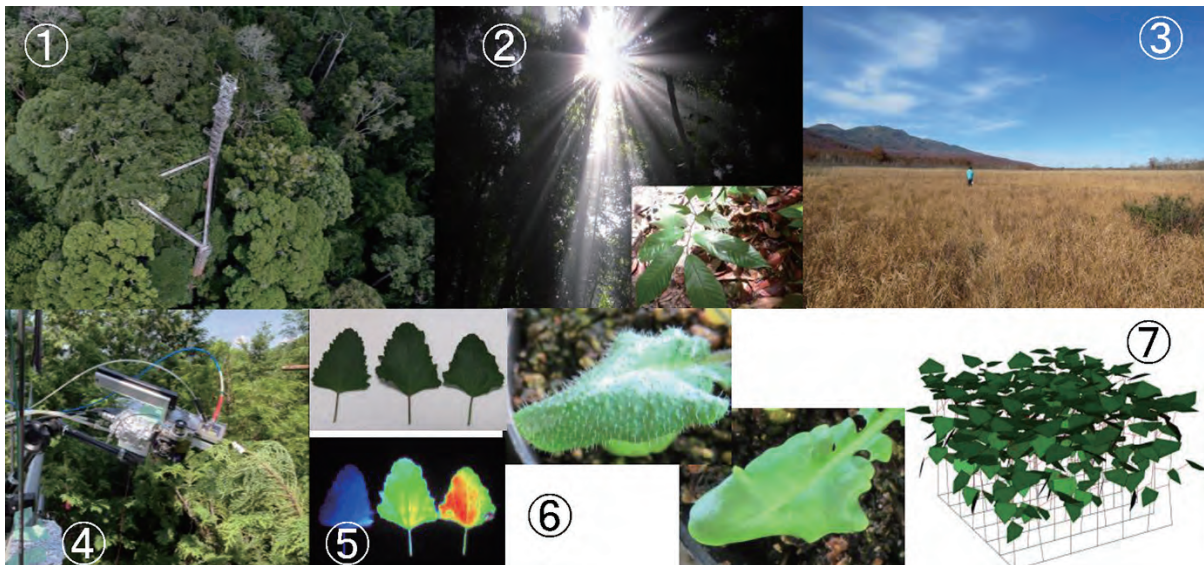
植物の環境応答、光合成と物質生産、地球環境変化と植物

教授
彦坂 幸毅
HIKOSAKA Kouki助教
梶野 浩史
KAJINO Hirofumi

分子から生態系まで：植物の機能を観測・解析・予測する

植物は、光合成によって有機物を合成し、自分自身の炭素骨格とエネルギーを作り出します。人間を含む全ての生物はそのエネルギー源を植物に頼っており、植物は生態系を支える基盤となっています。機能生態分野では、光合成を中心に、ストレス耐性、成長、繁殖、物質生産、競争、共存などの様々な植物の機能について、分子レベルから生態系レベルまで様々なスケールで研究を行っています。「ある環境に適応するためにはどのような形質をもつことが必要なのか」、「この形質はどのような適応に役立っているのか」、「植物の生産を増加

させるためには形質をどのように変化させればよいのか」といった疑問に取り組んでいます。CO₂上昇、温暖化、侵入といった地球環境問題にも取り組んでいます。近年は、自然変異を利用した適応メカニズムの解明とリモートセンシングによる植生の光合成の定量化が大きなテーマです。植物の表現型解析のスペシャリストを目指すとともに、分子生物学・遺伝学・生物情報学・野外生態学・計算機科学・地球環境科学など様々な学問分野と密接に連携し、幅広い視点から植物の生理・生態を解明していきます。



①熱帯雨林林冠での調査 ②熱帯雨林の林床は非常に暗い環境だがときおり強い光が差す ③湿原での調査
④野外での光合成・蛍光・反射分光同時測定システム ⑤クロロフィル蛍光による葉のストレス状況解析：赤い部分は光化学系に障害が生じている
⑥ハクサンハタザオの高標高型（左上）と低標高型（右下）：高標高型の葉には毛がある ⑦植物の3次元構造のシミュレーション

From molecule to ecosystem: observation, analysis, and prediction of plant functions

Plant photosynthesis is the source of energy and carbon skeleton for all organisms on the earth. The Laboratory of Functional Ecology investigates plant functions, such as photosynthesis, stress tolerance, growth, reproduction, biomass production, competition, and coexistence, from the molecular to the ecosystem level. We address

questions such as "what traits are necessary to adapt to a certain environment?" "what is the ecological significance of a certain trait?" and "what and how traits should be changed to improve biomass production?" In particular, we are interested in plant responses to global change.

統合生態分野



キーワード /
生態系の構造と動態、データ駆動アプローチ、
ネイチャーポジティブ



教授
近藤 倫生
KONDOH Michio



教授(兼)
藤田 香
FUJITA Kaori



助教
石川 昂汰
ISHIKAWA Kota



助教
田邊 晶史
TANABE Akitumi



助教
SIOUD IMANE
SIOUD IMANE



特任助教
小林 知里
KOBAYASHI Chisato



特任助教
加藤 三歩
KATO Mitsuho

生態系の多様性と複雑性を統合的に理解する

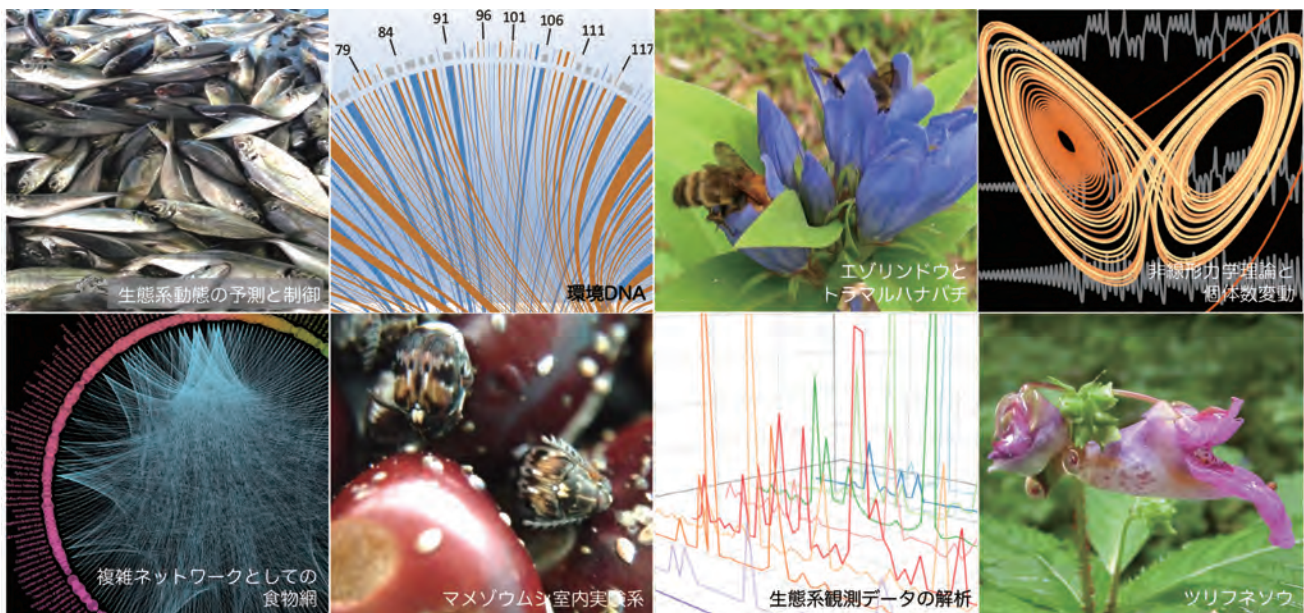
地球上の生命を支える生態系は、無数の生物・非生物要素が相互作用して駆動する巨大な複雑系です。この生態系の主役である生物は、長い進化の歴史の中でその姿や性質、他種との関係性を変化させ、驚くべき多様化を遂げました。

生態系の様々なレベル(個体群・群集・生態系)にみられる見事な調和や機能、規則性・不規則性、頑強性・脆さはどうに生じたのでしょうか。また、この生態系はいかにして地球上に誕生し、維持されてきたのでしょうか。

統合生態分野では、野外・室内での調査実験、数理・統計モデリン

グ、環境DNA観測など、様々な手法を組み合わせることで、生態学的現象の本質を捉え、その背後に隠された共通原理を解明するとともに、持続的な自然共生社会の構築に資する技術開発を目指します。

研究課題や活動内容は、(1) 複雑生態系の構造や動態の理解、(2) 大規模生態系データ(環境DNA調査・形質データベース等)に基づくデータ駆動型生態学の創設、(3) ネイチャーポジティブ社会の構築に向けた産官学共創の推進、(4) 生態系変動予測・制御・設計のための技術開発など多岐に渡ります。



生物の個体、集団、そして生態系に至るさまざまなスケールに現れる調和や秩序、複雑な動態に、私たちはどこまで迫れるでしょうか。

Eco-complexity and Adaptation: Toward an Integrative Understanding of Ecosystems

The ecosystem is extremely large and complex. A number of diverse organisms, and various non-living components, interact with each other through complicated dynamics to generate the different organizational levels of population, community, and ecosystem. Furthermore, living organisms, the essential components of ecosystem, are not static, but their morphology, behaviors, and interactions continuously change over time driven by evolutionary processes.

Many fundamental questions remain to be answered: How and why are organisms so diverse? What are the roles of evolutionary and ecological processes in the emergence and persistence of ecological systems? What keeps the ecosystem functional in nature? How can we cope with the "balance of nature"?

In our laboratory, multiple approaches are used to understand ecological systems, including observations or experiments in the field or laboratory, data analysis using mathematical or statistical tools, and conceptual modeling.

Our interests encompass a breadth of different areas in basic and applied ecology, such as (1) understanding the structure and dynamics of ecosystems, (2) establishing a data-driven ecology model based on large data sets (e.g. environmental DNA (eDNA) data, ecological databases), (3) contributing to the realization of sustainable, Nature-Positive Human Society and (4) developing a theoretical framework for forecasting and controlling ecological dynamics.

共生ゲノミクス分野



キーワード /
ゲノミクス、植物-微生物相互作用、環境適応



教授
佐藤 修正
SATO Shusei



准教授
三井 久幸
MITSUI Hisayuki



助教
橋本 駿
HASHIMOTO Shun



助教
YUSDAR MUSTAMIN
YUSDAR Mustamin



助教
花野 滋
HANANO Shigeru

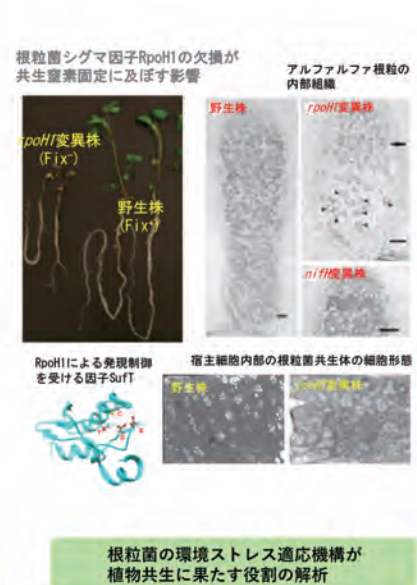
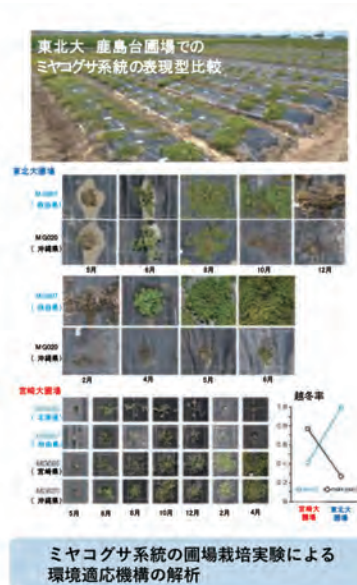
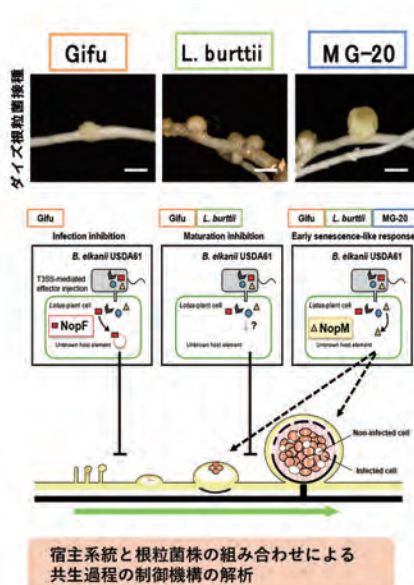


助教
ABDELA ARGEN ADEM
ABDELA Argen Adem

ゲノミクスの手法を用いて「共生」を理解する

共生ゲノミクス分野では、ゲノムという概念の提唱者である木原均先生の「生物の歴史は染色体に刻まれている」という言葉を現代的にとらえ、ゲノム情報に刻まれた生物の歴史を紐解くことを目標として研究を進めています。分野名の「共生」が示す研究対象は、狭義の「相利共生」の視点での、根粒菌、菌根菌、植物内生菌(エンドファイト)などと植物との相互作用とともに、広義の「自然共生」の視点での、環境適応機構や環境因子と遺伝子因子の交互作用の解析

等の環境と生物との相互作用を含んでいます。環境を含めた生物のつながりの一端を集団ゲノミクスや比較ゲノミクスの手法を用いて解明することを目指しており、研究内容もフィールド実験から実験室での分子遺伝学・生化学的な解析、バイオインフォマティクス手法を用いたアプローチと多様で、様々な興味を持ったメンバーが相互に協力しつつ研究を進めています。



Laboratory of Symbiosis Genomics

Inspired by Prof. Hitoshi Kihara's words "The History of all Organisms is inscribed in the Chromosomes," we are trying to understand the history of organisms inscribed in their genetic information. Our research targets include symbiotic plant-microbe interactions in the narrow sense and symbiotic environmental interactions in the broad sense. We aim to explore the complex inter-related network of organisms and their surrounding environments through the genomics

approach including population and comparative genomics. References: 1) Shah N et al. (2020) Nature Communications 11, Article number: 253. 2) Bamba M et al. (2020) FEMS Microbiology Ecology 96, fiae202. 3) Kamal N et al. (2020) DNA Research 27, dsaa015. 4) Kusakabe S et al. (2020) Microbes and environments, 35: ME19141. 5) Akyol TY et al. (2019) Microbes and environments, 34:23-32.

マクロ生態分野



キーワード /

大規模な生物多様性の予測、種の分布・ニッチモデルと生態群集の変動、生態学モデルのソフト開発



准教授
KASS, Jamie M.
キャス・ジェイミー



助教
MIRANDA, Everton
ミランダ・エベルトン



助教
竹重 志織
TAKESHIGE Shiori

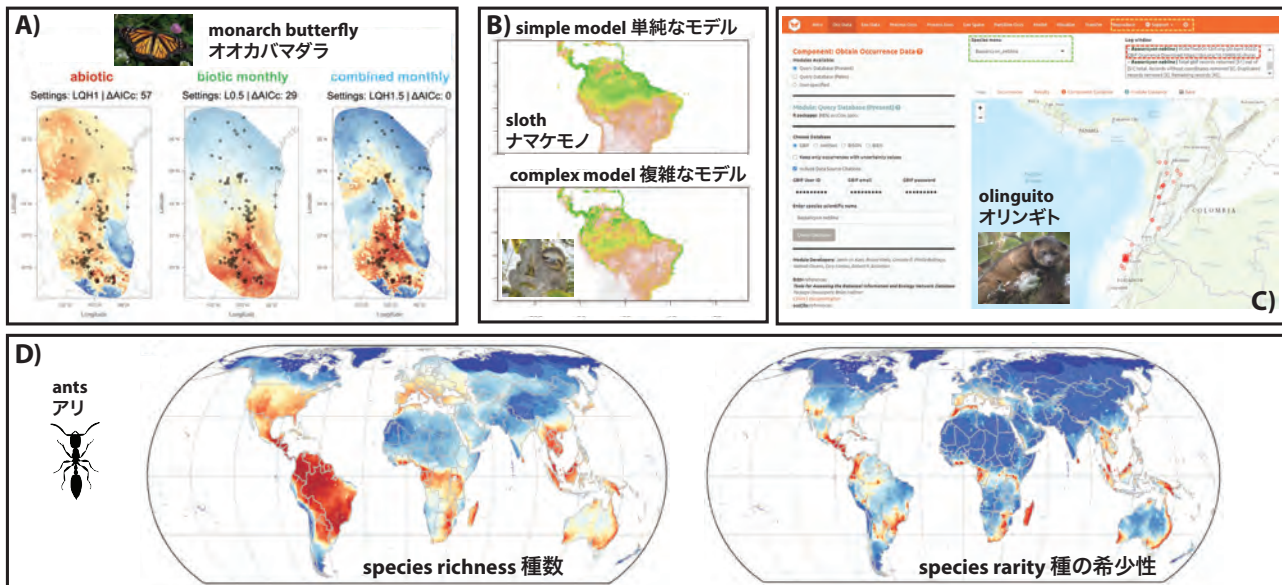


特任助教
矢島 豪太
YAJIMA Gota

大規模の生物多様性を時空間的に予測モデルで理解する

人間主導の土地利用と気候変動は、生物多様性の減少をまねき、種の絶滅や、生態系機能の消失を引き起こします。一方で、その生物多様性を理解するには、多くの謎が残っています。生物多様性はどのように分布しているか?人間の活動によってどのような影響を受けるか?生態系と人間社会によってどのような効果があるか?マクロ生態学は、種と生態群集のパターンや過程を大規模に研究し、上記のような問題に取り組みます。ビッグデータやモデリングによる近代の革命の力を借りて、生物多様性と地球変動に関する疑問に答えます。

この研究室は地理空間分析や統計モデルを使用し、時間を渡り地方や世界的な規模で生物多様性を研究します。研究テーマには、種の分布は気候変動でどこへ移動するかの予測、種の相互作用の生物地理学的な影響の調査、外来種の侵入リスクの決定、生態系サービスの供給の推測、環境保護の優先順位を指導する生物多様性のホットスポットの特定などが含まれます。マクロ生態学の分野を推進し、複雑で再現性のあるワークフローのアクセシビリティを改善するオープンプログラミングツールの作成や、対話的なアプリの開発も行います。



A) 気候的、種の相互作用に基づいた変数によるオオカバマダラのメキシコでの移動分布予測。 B) ENMeval のツールボックスで作成した複雑性が異なるナマケモノの分布モデル。
C) wallace アプリを用いてオリングトの分布モデル解析を学習しながら行う。 D) 地球規模でのアリの種数と希少性予測。

Understanding biodiversity at large scales through predictive modeling in space and time

Global declines of biodiversity caused by human-driven changes to land use and climate threaten extinction of species and loss of ecosystem functions vital to human well-being. At the same time, there are large gaps in knowledge regarding biodiversity around the world. How is biodiversity distributed? How do human actions affect it? What are the effects on ecosystems and human society when it changes? The field of macroecology addresses these questions through research of the patterns and processes of species and ecological communities at large scales (in space, time, and species). Recent revolutions for this field in big data and modeling now give us many of the tools we need to answer pressing questions about global change and biodiversity.

Our laboratory uses geospatial analysis and statistical modeling to investigate biodiversity at regional and global scales through time. This includes predicting where species ranges may move due to climate change, investigating the biogeographic effects of species interactions, determining invasion risk of alien species, inferring provisions of ecosystem services, and mapping hotspots of biodiversity to guide conservation priorities. We also develop open programming tools and interactive applications for macroecology that advance the field with new methods and improve accessibility for complex and reproducible workflows.

流域生態分野



キーワード /
生態系の成り立ち、生物・環境の相互作用、
フィールドワーク



准教授
宇野 裕美
UNO Hiromi



助教
FAULKS LEANNE KAY
FAULKS Lanne kay



助教
牧野 渡
MAKINO Wataru

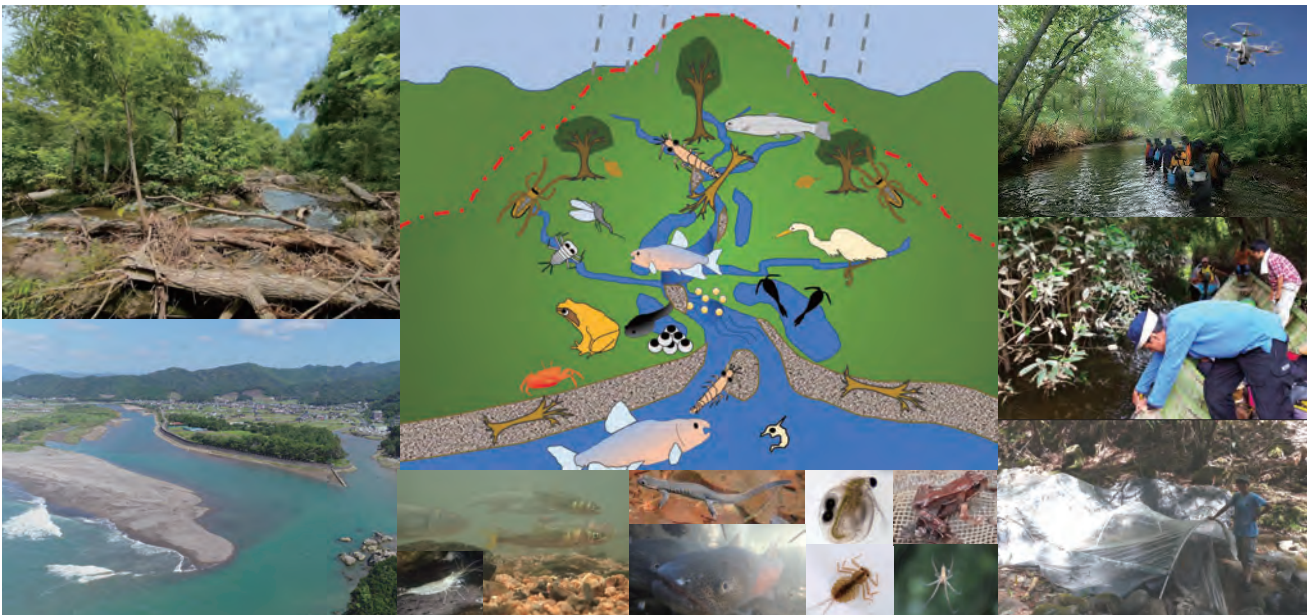
自然本来の森から川・池・湿地そして海へ至る流域生態系の成り立ちとは

流域という視点で自然を見ると、物質・生物の動きを通して森・川・海の生態系が密に関連することがわかってくる。森から供給される水、土砂、倒木の動態は川や沿岸の環境を形作る。また、海と川の間を行き来するサケ・アユ・エビ、川と森の間を行き来する水生昆虫・両生類や鳥・コウモリ・哺乳類など、自然の中では実に多くの動物が大移動を繰り返す。生物どうしの相互作用を通じて、動物の大移動が他の生物にも影響を及ぼす。ダイナミックで多様な流域の自然景観が多様な生物の共存を可能にしている。

「風が吹けば桶屋が儲かる」と捉えられがちな、異なる場所ので起き

る現象の繋がり。流域生態系はまだまだ分からないことばかり。当分野では緻密な野外観察・調査そして時には遺伝的手法や大規模な野外操作実験により、流域生態系の維持形成プロセスを明らかにしていく。

今はその多くが失われてしまった自然の地形・水の流れ。その中で地球上の生物は適応進化してきた。環境保護・人と自然との共生を考えていくためにも、その前提として本来の自然の中で生き物はどのように生き、相互作用してきたのかを知ることが役に立つ。東西南北、国内外問わず稀少な自然生態系に出向き、多分野融合のアプローチで大自然を丸ごと科学する。



(左) 森と川、川と海の交わる場。(中央) 流域の生物の大移動とその関わり。(右上中下) 北海道、インドネシア、北米での野外調査・実験。

Unveiling ecosystem processes of watersheds at the interface of land and ocean

The forest, stream, and marine ecosystems within a watershed are intricately interconnected. Water, sediment, and wood regimes originating from the forest significantly influence stream and coastal environments. Numerous animals, including fishes and shrimps, migrate between the ocean and streams, while aquatic insects, amphibians, birds, bats, and mammals traverse between forests and streams. These migratory animals serve to bridge two spatially distinct ecosystems by transporting resources and/or interacting with other community members. Dynamic and heterogeneous watershed landscape allow diverse organisms to co-exist in nature.

While the spatial couplings of ecosystems are often considered surprising, they are supported by ecosystem processes facilitated by

watershed connectivity. We investigate these ecosystem processes within watersheds using field-based approaches such as direct observations, surveys, field manipulative experiments, as well as molecular approach.

Unfortunately, the majority of ecosystems on our planet have been degraded. However, biota have evolved and adapted to thrive in natural environments. By studying how biota live and interact with each other in natural ecosystems, we aim to better understand nature and provide essential foundational information for humans to coexist with nature. Our research group visits pristine natural ecosystems around the world to study the broader scope of nature, collaborating with scientists from various backgrounds.

植物進化多様性分野



キーワード /
多様性、進化、系統



教授
牧 雅之
MAKI Masayuki



助教
大山 幹成
OHYAMA Motonari



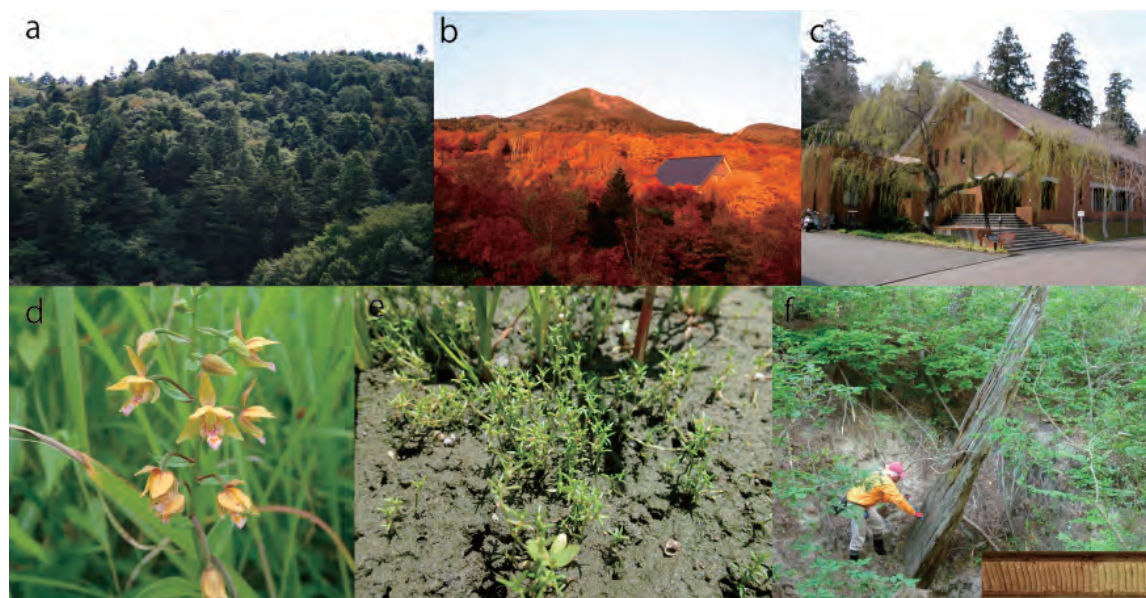
助教
伊東 拓朗
ITO Takuro

陸上植物の多様性・進化・保全に多角的にアプローチする

陸上植物はきわめて多様な進化を遂げている。現存の植物から得られるデータを用いて、過去に起きた進化や今まさに起きつつある進化について考察することは、植物の多様性を理解する上で重要な課題の一つである。当分野では、陸上植物種の系統関係の推定、形態や生態の多様性が生じるメカニズムの解明と科学的記載、日本の植物相を構成する種の過去の分布変遷や気候変動と陸上植物の構造の相関の解明を目指している。また、植物の多様性を理解するうえで、

基礎的な情報の蓄積が欠かせない。植物園本園には日本でも有数の標本庫があり、研究に広く利用されている。また、同時に人間活動の活発化による野生植物の保全を目指した研究も行っている。

本研究室は、仙台市川内にある植物園本園と青森県八甲田山にある八甲田分園の2カ所のスタッフで構成され、恵まれたフィールドを活用して研究教育活動を行っている。



a: 本園のモミ林 (国天然記念物) b: 八甲田分園 c: 記念館 (標本庫) d: 温帯生草本カキラン e: 津波跡地の稀少植物 f: 猿が森ヒバ埋没林と年輪試料

Using multidisciplinary approaches to study diversity and evolution of plants

Land plants have highly diversified in every place on the earth. To analyze the mechanisms underlying the origin of plant diversity and to describe it from the viewpoint of natural history, we employ a multidisciplinary approach based on molecular phylogenetics, population genetics, morphology, taxonomy, and dendrochronology.

In particular, we are currently focusing on population/species level genetic differentiation in wild Asian plants, phylogeny of some angiosperm groups, natural hybridization between Japanese plant species, coevolution of plants and animals/ fungi, plant taxonomical and floristic studies in East Asia, and estimation of past climate fluctuations using tree-ring dating.

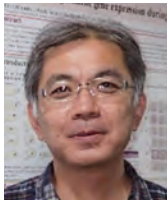
We are also studying conservation biology of wild threatened plants in Japan and, based on our results, we are performing ex situ conservation of the plants at the Tohoku University Botanical Garden.

Our laboratory includes staff from the Tohoku University Botanical Garden in Kawauchi, Sendai and a branch garden in Mt. Hakkoda, Aomori. These two gardens are blessed with a natural richness, offering good opportunities for plant biology studies. On the Kawauchi campus, we have a large herbarium (Tsuda Memorial Herbarium) in which over 300,000 specimens, including approximately 100 Holotypes, are deposited.

海洋生物多様性分野



キーワード /
海産無脊椎動物、海洋生態学 / 行動学、
胚発生 / 形態形成



教授
熊野 岳
KUMANO Gaku



教授(兼)
近藤 倫生
KONDOH Michio



准教授
美濃川 拓哉
MINOKAWA Takuya



助教
岩崎 藍子
IWASAKI Aiko



助教
森田 俊平
MORITA Shumpei



助教
福森 啓晶
FUKUMORI Hiroaki

海洋生物の胚発生機構や個体群維持機構を明らかにし、生物多様性の進化を理解する。

生命が誕生し、進化の舞台となった海には現在も多様な生物が住んでおり、彼らが織りなす複雑な生物間相互作用は、更なる生物多様性を生み出しています。本分野では浅虫海洋生物学教育研究センターの周辺に生息する多様な海洋生物を研究対象として、個体発生メカニズムの遺伝子・分子・細胞レベルの研究から、個体群の維持機構、生物群集の成立機構に至るまで幅広い研究を行っており、海洋生物の多様性を多角的に理解することを目指しています。

具体的には、1)クラゲ、ウニ、ホヤなどの海産無脊椎動物を用いて、発生過程における生殖細胞系列ができてくる仕組みとその進化、

および、生殖細胞の再生について、また、クラゲの触手が枝分かれする仕組みについて研究しています。2)ウニ類の変態と、成体の形態形成について、特に消化管と骨に注目して研究しています。3)長期野外調査によって東北地方太平洋沖地震後の岩礁潮間帯生物群集の回復過程について研究しています。大規模で稀な自然攪乱が個体群・群集に与える影響や多様性の維持に果たす役割を明らかにすることを目指しています。4)系統分類学的解析によって、軟体動物腹足類の種多様性や進化について研究を進めています。



浅虫海洋生物学教育研究センター周辺の海産無脊椎動物：クラゲ、シャムセンガイ、ウニ、ヒトデ、ウミシダ、ギボシムシ、ホヤ、巻貝

Analysis of Embryonic Development and Population Maintenance in Marine Animals

Marine environments are populated by various animals, that represent almost all phyla and range from the simplest to the most complex body plan. Our laboratory is located in the Mutsu bay area in the north of Japan, which is known to have the richest variety of marine life in the Tohoku area. Benefitting from such a location, we study a variety of local marine animals. We are interested in a broad range of topics in marine biodiversity, including molecular and cellular mechanisms and evolutionary aspects of animal development, as well as species distribution and community composition associated with environmental factors and species interactions. Specific areas of our research are: 1) the molecular and cellular mechanisms of morphogenesis of medusa tentacle branching in the jellyfish; 2) an evolution-

ary developmental analysis of germline segregation mechanisms in animals including tunicates and jellyfish; 3) the molecular and cellular mechanisms of germ line regeneration in ascidians and sea urchins; 4) a developmental analysis of the metamorphosis and the adult morphogenesis of sea urchins, with a particular focus on the digestive tract and skeleton; 5) an ecological study of the resistance and resilience of rocky intertidal communities after large, infrequent natural disturbances; 6) species diversity and evolutionary history of marine gastropod molluscs. These studies will provide novel and surprising insights in understanding the many different aspects of marine biodiversity.

生態系機能分野



キーワード/
環境変動、生物多様性、生態系サービス



客員教授
陀安 一郎
TAYASU Ichiro



客員准教授
石井 励一郎
ISHII Reichiro

人間の活動が生態系を変化させている

生態系は生物の集団が環境との相互作用のなかで形成され、さまざまな構造と機能をもっています。一方、気候変動や人間活動の影響を受けて、その機能とともに、人間に対する役割も変化しています。生態系機能分野では陸域・水域を限らず幅広い生態系を対象として、生物多様性や群集構造などの形成や変化のメカニズム、さらにはそうした変化が生態系全体や生態系を利用する人間に与える影響までを幅広く研究しています。

近年、人間活動による土地利用や気候などの大きな変化によって、

生物多様性の劣化や生態系の分布変化が大きな問題となっています。そこで、生態系を構成する生物の分布や個体数の増減メカニズム、生物間相互作用、食物網構造や生態系間の相互作用などを基礎的研究として、さらに環境変動が与える影響や生態系サービスと生物多様性の関係を研究しています。主要な研究テーマは、1) 各種安定同位体比を用いた生態系の構造と機能、2) 気候変化を含む外的要因の変化に対する生物多様性・生態系の応答メカニズム、3) 生態系サービスの評価と持続利用の条件などです。



河川生態系の変化を探る (滋賀県野洲川)



気候と人間活動の複合的影響を受ける陸域生態系の例 (モンゴル北部タイガ南端)

How Human Activity Affects Ecosystems and Biodiversity

Ecosystems are formed by the interaction between biological community and environment and have wide variations in both structure and function. Recently, changes in climate and land-use have greatly affected the ecosystem and biological diversity, and therefore changed the relationship between ecosystems and human beings. We study the structure and function of ecosystems by analyzing the

distribution, structure, and function of ecosystems and their changes. In particular, we focus on exploring 1) the structure and function of ecosystems using stable isotope signatures, 2) the responses of ecosystems and their biodiversity to external environmental changes including climate change, and 3) the evaluation of ecosystem services and conditions for their sustainable use.

土壤微生物分野



キーワード /
根粒菌、土壤微生物、地球温暖化の緩和



特任教授
南澤 究
MINAMISAWA Kiwamu



特任助教
板倉 学
ITAKURA Manabu



特任助教
大久保 智司
OHKUBO Satoshi

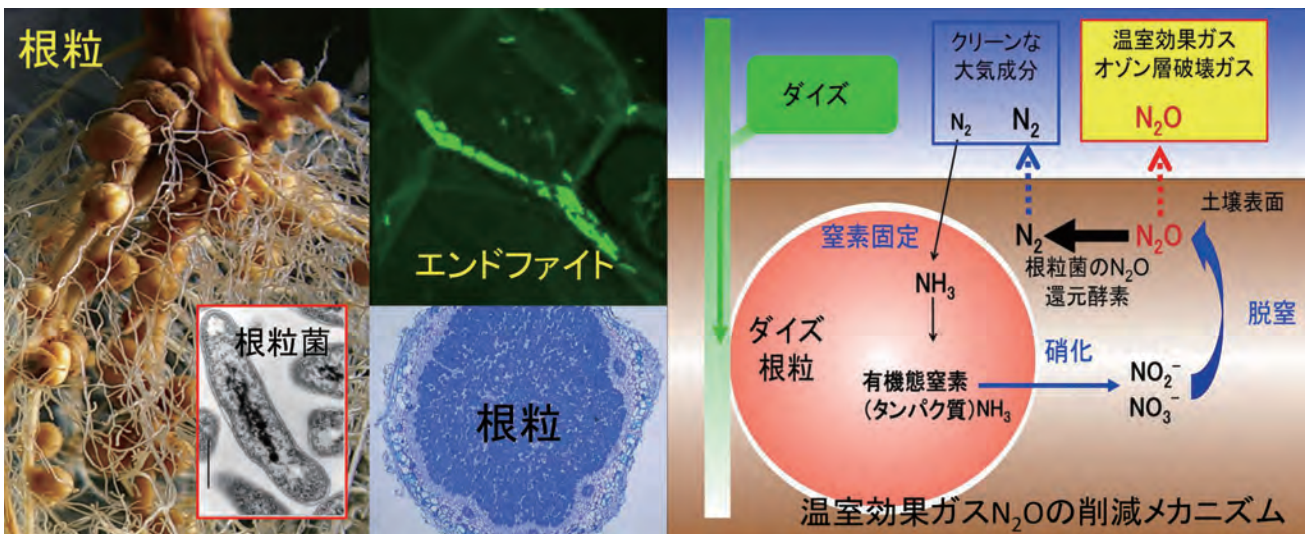


特任助教
加藤 広海
KATO Hiromi

土壤微生物で地球を冷やす

最近の「数十年に一度クラス」の異常気象の原因は地球温暖化が原因です。実は食料生産に伴って、一酸化二窒素(N_2O)やメタン(CH_4)といった CO_2 以外の人為起源の温室効果ガスが発生しており、地球温暖化を防止する食料生産システムの改変が人類生存に必須の課題となっています。本分野の前進である微生物共生分野では、 N_2O 還元活性を持った根粒菌や水稻根内の CH_4 酸化窒素固定菌などの植物共生微生物により、土壌からの N_2O と CH_4 を削減できることを圃場レベルから分子レベルまで明らかにしてきました。これらの

成果に基づいて、土壤微生物の働きを利用して温室効果ガスを削減する「クールアース(Cool Earth)」の研究ハブとしてムーンショット事業で国内外の研究者と共同研究を実施しています。土壌という「生態系」を微生物と環境の視点から理解し、根粒菌・根圏微生物・土壤微生物の温室効果ガス削減能を最大化し、土壌—微生物—植物系による「クールアース」を実現すべく研究を行っています。地球環境激変の臨界点までに残された時間はあと10年くらいしかありません!



根粒菌とエンドファイトの植物共生(左)と温室効果ガス削減根粒菌(右)

Establishing a “Cool Earth” using Soil and Symbiotic Microorganisms

The recent extreme weather events are a result of global warming. Anthropogenic greenhouse gases other than CO_2 , such as nitrous oxide (N_2O) and methane (CH_4), are markedly emitted from agricultural lands during food production. Revolutionizing of agricultural systems to prevent global warming is required for human survival on earth. Our previous laboratory “Microbial Symbiosis” showed that the rhizosphere N_2O emissions can be reduced by rhizobia with N_2O reductase and CH_4 -oxidizing, N_2 -fixing bacteria in paddy rice roots. Based on these results, we are conducting a collaborative research

with domestic and overseas researchers forming a research hub for establishing a “Cool Earth” as a Moonshot Project. Soil microorganisms can reduce greenhouse gases, and through our better understanding of the soil ecosystem in terms of microorganisms and environment, we can maximize the capacity of soil microorganisms to reduce greenhouse gases and achieve our goal of a “cool earth” using soil-microorganism-plant systems. There are only about 10 years remaining before reaching the drastic critical point of global environmental change!

生命情報システム科学分野



キーワード/
ゲノム、タンパク質、個別化医療



教授
木下 賢吾
KINOSHITA Kengo

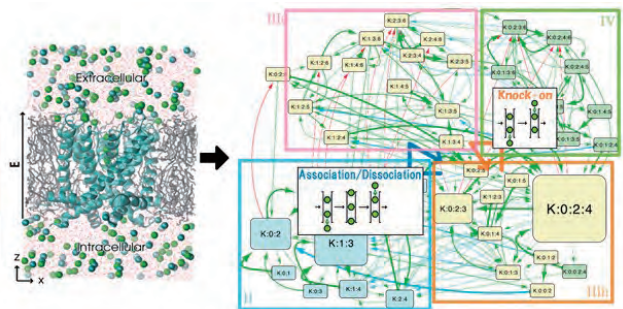
多様なデータをシステムの理解へつなげる生命情報科学

測定技術の飛躍的发展により、近年、生物の様々な階層において高分解能、高精度、大容量のデータが得られるようになりました。数万人規模のゲノム解析が世界各地で進み、遺伝子の発現情報やタンパク質の構造・機能の情報も急激に蓄積しています。また、分子レベルの情報のみならず、脳神経系の活動記録や器官の発達についての画像情報など、細胞・組織・臓器レベルの情報も増加し続けています。このような多様な特性をもつビッグデータから最大限の知識を引き出すためには、それぞれのデータの特徴や解析目的に応じたテーラー

メイドの解析を行うことが求められます。実験データからは生命基盤となるシステムの仮説を導出し、次の実験計画を導きます。臨床データからは個別医療のための診断を目指します。実験データと臨床データをつなげるバイオバンクの整備が進んでいる現在、生命情報ビッグデータを扱う生命情報学の役割は極めて重要であり、私たちは情報科学の力を使って生命システムの理解に迫り、また個々人がより健康に過ごすことができるように役立てていきたいと考えています。



増加し続ける生命情報を解析する様々な手法を開発し、生命システムの解明を目指す



分子動力学シミュレーションによって解明されたイオン透過メカニズム

Bioinformatics Linking Diverse Data and Biological Systems

The current trend in life sciences is towards an explosion of data, which is occurring at every level of life, i.e. at the molecular, cellular, tissue, and organ levels. This data explosion has been caused due to the development of advanced experimental technologies. For example, thousands, or tens of thousands of individual genomes, are being sequenced all over the world. Gene expression data and protein structure and function data have also been rapidly accumulated. In addition, cellular and organ-level data, such as brain neurological activities and images of organ development are also being obtained. The development of biobanks, which contain both clinical

and biological data obtained from human subjects, paves the way for the development of personalized medicine, in which the best therapy is selected for each individual. Such "big data" provides us with an opportunity to understand life more extensively, but to extract as much knowledge as possible, information science must play a crucial role in creating a tailor-made analysis of these diverse types of data. Thus, the role of bioinformatics in biology is now increasing. We are developing methods to analyze biological data based on information theory to understand life systems in order to help people live healthier lives.

人類進化分野



キーワード /
実験考古学、技術と認知、人類



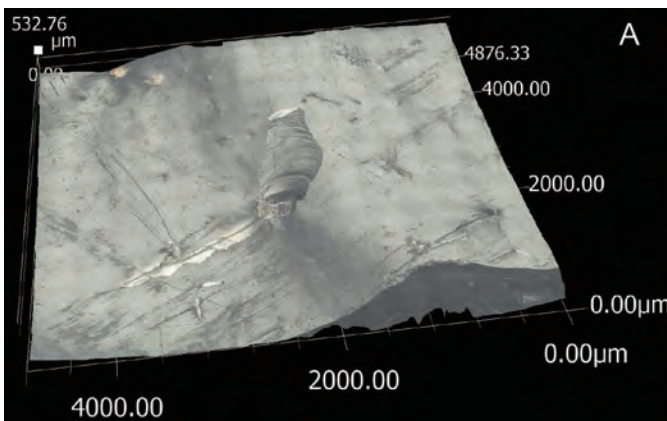
教授
佐野 勝宏
SANO Katsuhiro

人類の進化史からヒトという生物を知る

最初ホモ属は240万年前頃に東アフリカで出現し、その後人類は約30万年前に新人ホモ・サピエンスに進化しました。人類は長い進化の過程で、技術と認知能力を発達させていきます。人類進化分野では、ホモ・サピエンスと旧人や原人の道具の作り方や使い方の違いを詳細に調べることで、人類の進化と技術や認知能力の発達の関係について調査研究しています。

現在、モンゴルでフィールド調査を行い、ホモ・サピエンスの他、旧

人ネアンデルタール人やデニソワ人の遺跡の踏査や発掘を行っています。私たちは、石器に残されたマクロからマイクロレベルの痕跡を様々な顕微鏡を用いて分析し、当時の人類の道具の製作・使用方法を復元しています。こういった調査研究を通じ、旧人と新人間での技術や認知能力の違いを確認し、旧人が絶滅したのに対し、ホモ・サピエンスだけが人口増加を果たした理由について解明していきたいと考えています。



A. ミクロレベルで観察された狩猟痕跡



B. モンゴルのフィールド調査地の景観

Insights from studies on human evolution

The first genus *Homo* appeared at ~2.4 Ma in East Africa, and thereafter their human descendants evolved into *Homo sapiens* at ~300 ka. Through a long evolution process, humans gradually developed their cognition and technologies. We are investigating the temporal advances in technologies and functions of prehistoric stone tools and the relationship with human evolution.

Currently, we are conducting field research in Mongolia to find and excavate sites with remains from *H. sapiens* and archaic humans such

as Neanderthals and Denisovans. We are analyzing macro- and microscopic traces on stone artifacts using multiple microscopy techniques to reconstruct past human behaviors related to manufacturing and tool use. We will evaluate technological and cognitive differences between *H. sapiens* and archaic humans to better understand the reasons why *H. sapiens* was able to increase its population size while archaic humans went extinct.

分子化学生物学専攻

Department of Molecular and
Chemical Life Sciences

低分子化合物から核酸やタンパク質を含めた高分子化合物が、生体内で作用する機序を明らかにすることにより、生命現象の本質的な理解に迫る。化学と生物学の融合的な研究アプローチを積極的に取り入れる。得られた分子レベルでの基礎的な知見を利用して、生命現象を健全にコントロールする方法論の開発を目指す研究・教育を行う。

The aim of this major is to approach essential understanding of life phenomena by clarifying the mechanisms at work in living bodies ranging from low-molecular-weight compounds to highly polymerized compounds such as nucleic acids and proteins. This major proactively incorporates an interdisciplinary approach combining chemistry and biology. We conduct research and impart education aiming to develop a methodology to enable healthy control of life phenomena, using fundamental knowledge obtained at the molecular level.

分子情報化学分野

キーワード /
ケミカルバイオロジー、抗生物質、オートファジー教授
有本 博一
ARIMOTO Hirokazu助教
高橋 大輝
TAKAHASHI Daiki

創薬を見据えたケミカルバイオロジー

オートファジーに関する最新知見を化合物設計に落とし込み、医療応用する研究を進めています。最近の研究成果のうち、創薬の観点から世界的な注目を集めているのはAUTAC化合物(2019年)です。AUTACを用いると、機能不全ミトコンドリアなど疾患原因物質を細胞から選択的に除去できます。現在は、AUTAC作用機序を研究するとともに、老化や神経変性疾患の抑制などの領域でAUTACの可能性を追求しています。

もうひとつの研究の柱は、院内感染症の原因となるバンコマイシン耐性腸球菌に対する抗菌剤の研究です。合理的な薬剤設計のために相手をよく知る必要があり、細胞壁合成機構の解析に力を入れ

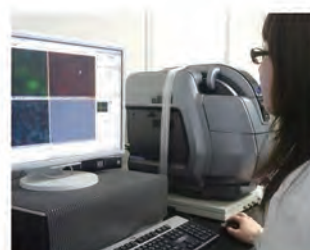
ています。得られた知見をもとに抗菌性化合物の設計と合成を進めています。

○研究室内教育の特徴と修了者の活躍

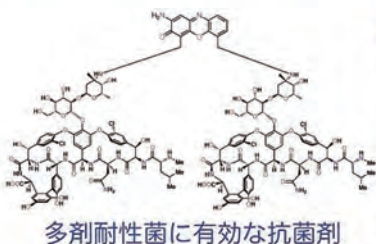
兼任している本学農学部出身者が3/4程度を占めています。他大学卒業者の出身学部は理・工・農学部など多様です。ケミカルバイオロジーの基盤は化学合成を含む有機化学であり、研究室でもしっかり学びます。一方、研究面では分子細胞生物学や微生物学に関するテーマが多く、通常の有機化学研究室とは異なります。卒業生は、製薬・化学などの企業や大学等研究機関で活躍しています。



実験結果のディスカッション



培養細胞を用いるケミカルバイオロジー実験



合成実験



HPLCを用いた分析と精製

Chemical Biology for Drug Discovery

The Arimoto Group studies biologically active small molecules that contribute to human healthcare. Research in the lab is currently focused on three major areas: 1) regulatory mechanism of autophagy through nitric oxide signaling in an innate immune response to bacterial infection, 2) development of antibacterial agents against vanco-

mycin-resistant strains, and 3) organic synthesis of natural products. We utilize diverse chemical and biological techniques, including eukaryotic and bacterial cell cultures, biochemistry, molecular biology, organic synthesis, and nuclear magnetic resonance spectroscopy.

生命構造化学分野

キーワード /
アルカロイド、全合成、機能解析教授
植田 浩史
UEDA Hirofumi助教
梅原 厚志
UMEHARA Atsushi

複雑な構造をもつアルカロイドの画期的な全合成および機能解析

自然界から得られる天然有機化合物(天然物)は、高度に進化した分子構造に基づき、極めて選択的かつ強力な生物活性を示します。そのため、天然物は歴史的に医薬品や農薬、香料など、人々の生活をより豊かにする有用物質を数多く提供してきました。一方で、天然物の中には有用な活性を持ちながらも、自然界からは極微量しか得られないために機能が十分に解明されておらず、未活用のまま埋もれている化合物が数多く存在します。医薬品開発や生命科学の進展には、このような天然物を実用的な化学合成によって供給することが不可欠です。

本分野では、いまだ世界で化学合成が達成されていない、複雑かつユニークな骨格を有するアルカロイドの全合成に挑戦しています。さらに、世界中の有機合成化学者をあっと驚かせるような独創的な手法の開発を通じて、創薬研究に資する化合物の迅速かつ大量合成法の確立も目指します。加えて、天然物の構造をヒントに、天然に存在しない人工活性分子の創製も展開します。このように天然物およびオリジナル分子の化学合成を通じて、生命科学の発展と社会への波及効果の創出を目指しています。

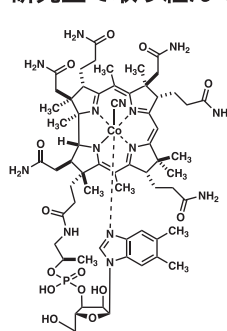
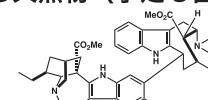
天然物（二次代謝産物）：
自然界に存在する動物、植物、微生物などが
産出する化合物であり、
多様な構造と生物活性を示す

化学合成

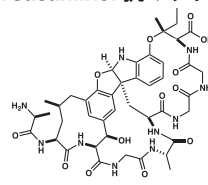


- 有用な物質を提供
(医薬品、農薬、食品添加物、香料など)
- 生命現象の理解 (作用機序の解明)
- 新反応や新たな合成コンセプトの発見/提供

本研究室で取り組んでいる天然物（予定も含む）

vitamin B12
筋萎縮性側索硬化症治療薬

voacamine: 抗マラリア剤

aspergimycin B
抗がん剤候補薬

Innovative Total Synthesis and Functional Analysis of Structurally Complex Alkaloids

Natural products exhibit highly selective and potent biological activities based on their highly evolved molecular architectures. For this reason, natural products have historically provided numerous useful substances that enrich human life, including pharmaceuticals, agrochemicals, and fragrances.

However, many natural products possess valuable biological activities yet are available only in extremely small quantities from nature. As a result, their functions remain insufficiently understood, and many such compounds remain unexplored. The practical supply of these natural products through chemical synthesis is therefore essential for advancing drug discovery and life science research.

In our laboratory, we aim to achieve the total synthesis of alkaloids possessing complex and unique structures that have not yet been synthesized. In addition, we develop original synthetic methodologies that can surprise the global community of organic chemists, enabling the rapid and large-scale synthesis of valuable compounds for drug discovery research. Furthermore, inspired by the structures of natural products, we also pursue the creation of artificial bioactive molecules that do not exist in nature.

Through the chemical synthesis of natural products and our own designed molecules, we aim to contribute to the advancement of life science and drug discovery research.

活性分子動態分野



キーワード /
創薬化学、ケミカルバイオロジー、分子設計



教授
石川 稔
ISHIKAWA Minoru

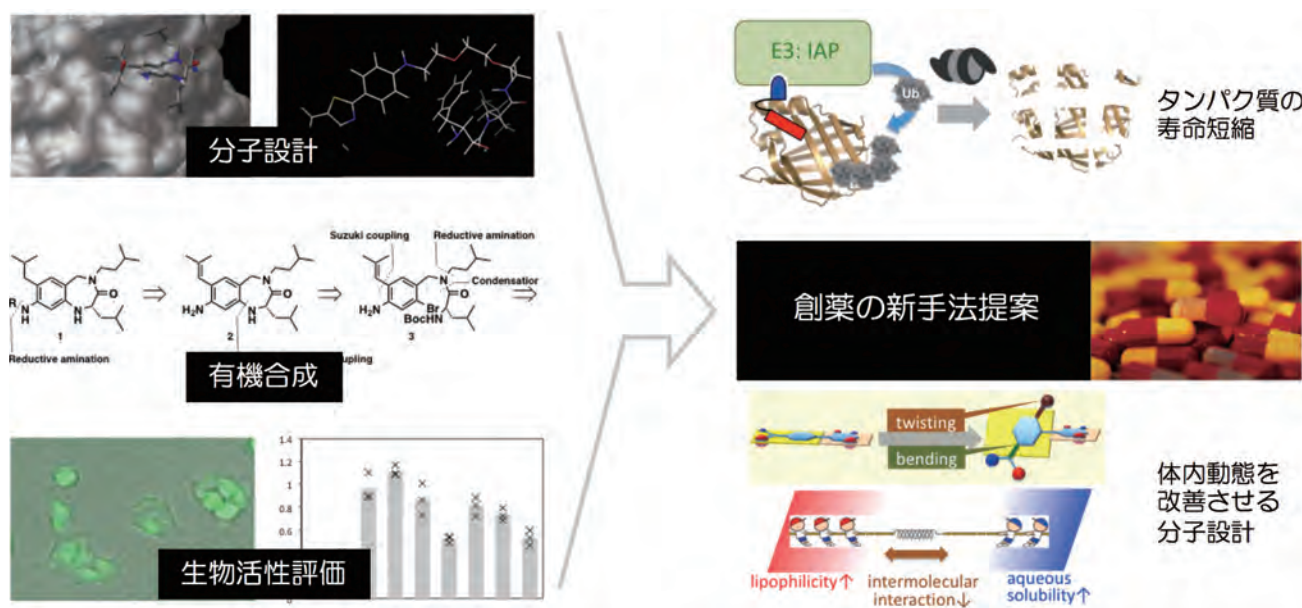


助教
友重 秀介
TOMOSHIGE Shusuke

低分子創薬に対する新手法の提案

低分子医薬と疾患関連タンパク質の関係は、「鍵と鍵穴」に例えられますが、低分子創薬は疾患関連タンパク質の機能制御が主流です。この「鍵と鍵穴創薬」の成功例が多い一方で、薬らしい「鍵」が未発見のタンパク質（結合タンパク質・凝集性タンパク質・タンパク質複合体など）については、疾患原因タンパク質が特定されているにもかかわらず創薬の成功例が少ないのが現状です。この課題を解決すべく、私達は有機化学と分子細胞生物学を両輪として、低分子創薬の新しい手法開発を目指します。同時に、この手法を食品成分のケミカルバイオロジーに展開します。

これまでの研究を二つ紹介します。ひとつは、疾患原因タンパク質の寿命を低分子によって縮める手法を開発しました。この手法を用いて、鍵と鍵穴創薬では対応が難しい、難病である神経変性疾患の原因タンパク質も減少させることを示しました。もう一つの研究は、化合物の体内動態を改善する分子設計です。分子間相互作用を減少させる分子設計により、一見矛盾する物理化学的性質である化合物の水溶性と脂溶性の両方を向上させ得ることを示しました。化合物の経口吸収性改善に適した方法と言えます。



活性分子動態分野の研究概略図：分子設計・有機合成・生物活性評価を通じて、創薬の新しい手法開発を目指しています。

Novel strategies for small molecule drug discovery

Traditional small molecule drug discovery strategies rely on the “lock and key” theory, which specifies that small molecule drugs bind to target proteins and modulate their functions. However, many disease-related proteins, including substrate binding proteins, aggregation-prone proteins, and protein-protein interactions cannot be predicted by the lock and key mechanism. Therefore, we discovered novel strategies that employ methods of organic chemistry, and molecular and cellular biology to regulate these proteins.

We developed a novel strategy for small molecule drug discovery, in which, degradation of target proteins is based on the use of small hybrid molecules composed of a ligand for the target protein and another for ubiquitin ligase. These hybrid small molecules direct the

ubiquitin ligase towards the target protein, leading to selective degradation by the ubiquitin-proteasome system. In addition, we demonstrated that this strategy could be an effective therapeutic approach for neurodegenerative diseases.

Aqueous solubility is essential for drug candidates, and improving aqueous solubility of bioactive compounds is a major concern for medicinal chemists. We have proposed strategies for improving aqueous solubility by modifying molecules using certain methods that would decrease intermolecular interaction. Our results indicate that these strategies can increase the aqueous solubility of molecules although their hydrophobicities increase concomitantly.

分子細胞生物分野



キーワード /
細胞骨格、メカノセンシング、ストレス応答



教授
大橋 一正
OHASHI Kazumasa



准教授
安元 研一
YASUMOTO Ken-ichi



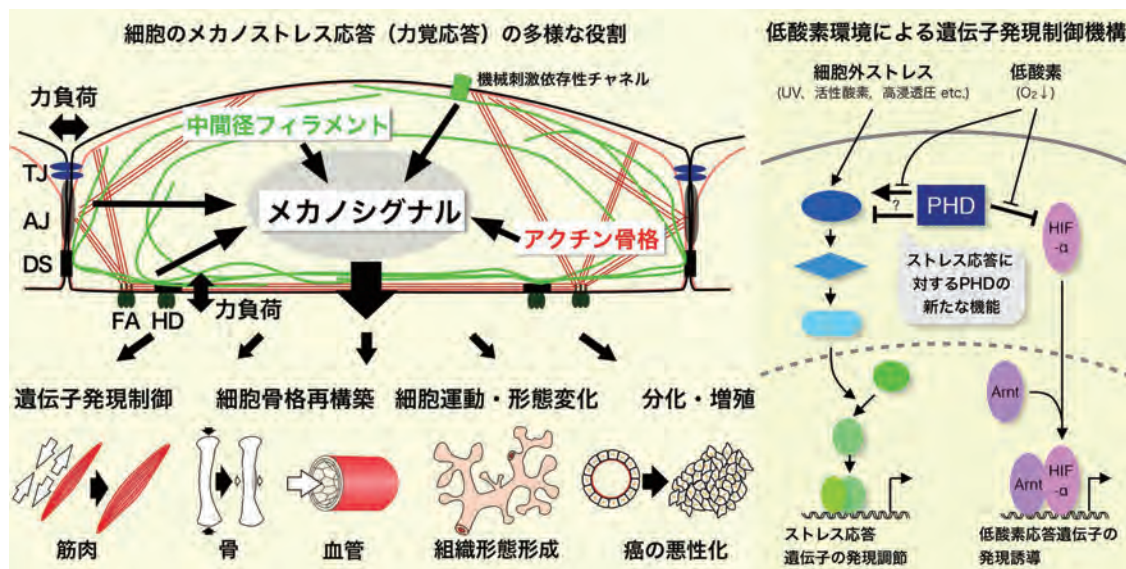
助教
千葉 秀平
CHIBA Shuhei

細胞の力覚応答による細胞骨格再構築とストレス応答の分子機構の解明

本研究室では、細胞の機械的な力負荷(メカノストレス)と低酸素に対する応答の分子機構について研究しています。筋肉や骨は力の負荷に対応するように構造が変化し、血管は、血流などの機械的刺激に応答して血圧の調節などの恒常性の維持に寄与しています。また、組織形態形成時の細胞集団の秩序ある振る舞いにおいても力の作用が重要な働きを持っています。また、細胞のエネルギー供給に関わるストレス応答は、細胞の生死を左右する重要なシステムです。

メカノストレス応答の研究では、細胞が機械的力をセンシングし、その力に応じた細胞骨格の再構築を行う分子機構の解明を行っています。特に、アクチン骨格の再構築を制御する鍵となる分子である

低分子量G蛋白質Rhoファミリーのメカノストレスによる時空間的な活性化の制御について研究を行っています。上記に加え、細胞外の機械刺激や化学刺激の受容を担う細胞が持つ小さな突起状のオルガネラである一次繊毛構造と機能の構築メカニズムにも着目して研究を行っています。また、低酸素ストレスに適応するための遺伝子誘導機構においてプロリン水酸化酵素PHDは低酸素誘導因子HIFの活性を調節しており、細胞内の酸素センサーとして機能しています。我々はPHDがHIFとは異なるストレス応答経路を制御することを見出し、その分子機構を解析しています。



細胞接着や細胞骨格を介した機械的力(メカノストレス)の組織、細胞に対する多様な作用と低酸素ストレスに対する細胞応答の分子機構を解明する

Molecular mechanisms responding to mechanical stress and energy stress

We are investigating the molecular mechanisms involved in the body's response to environmental stresses, including mechanical forces and energy stresses. It is well known that muscles and bones are properly maintained by exercise and other forces, and that blood vessels physiologically respond to shear stresses caused by blood flow. Furthermore, mechanical responses in epithelial cells are also involved in morphogenesis of epithelial tissues. Molecular mechanisms of cellular response to energy stresses, such as hypoxia and limitation of glucose, are important in the control of apoptosis.

In our study of mechanical responses, we are examining molecular mechanisms of the actin cytoskeleton and intermediate filament reor-

ganization following application of mechanical stresses. In particular, we focus on the spatio-temporal regulation activities of Rho small G proteins in the intermediate filaments.

Under hypoxic conditions, a large number of genes are induced by hypoxia inducible factors (HIFs) to facilitate adaptations to the low-oxygen environment. Prolyl hydroxylase domain-containing proteins (PHDs) regulate the amount of the HIFs in response to oxygen levels. Therefore, PHDs act as an oxygen sensor. Our recent research has identified novel roles of PHDs in the intracellular signaling pathway of stress responses. We focus on the crosstalk between hypoxia response and other signaling pathways.

応用生命分子解析分野



キーワード /
クライオ電子顕微鏡、X線結晶構造解析、
蛋白質科学



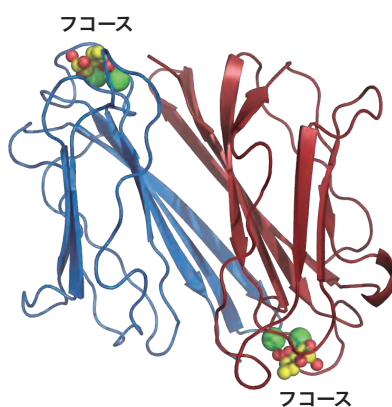
教授

田中 良和
TANAKA Yoshikazu

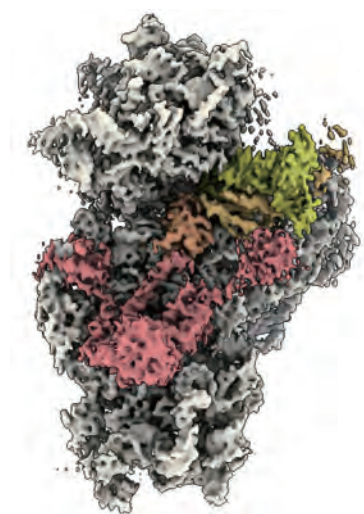
立体構造情報に立脚した生命現象の理解とその応用

本分野では、疾患に関連するタンパク質を中心とした様々な生体高分子化合物に焦点を当て、その分子機構をクライオ電子顕微鏡解析やX線結晶構造解析などの最先端の分子解析手法を用いて解明することを目指している。また、明らかになった機能を生かした応用研究も展開している。主な研究テーマを以下に示す。

- (1) 海洋生物から得られた生理活性物質の機構解明
- (2) 感染症対策に向けた新規抗生物質の構造・機能解析
- (3) 原核生物の翻訳制御機構の解明
- (4) 病原性微生物の毒素タンパク質の分子機構の解明
- (5) 創薬を目指した各種疾患関連蛋白質の構造機能解析
- (6) 構造情報に立脚した蛋白質の機能改変



2量体ThC（海洋生物から得られた生理活性タンパク質）のX線結晶構造



リボソーム（タンパク質合成装置）のクライオ電顕構造

X線結晶構造解析法により決定した2量体ThCの構造(左)とクライオ電子顕微鏡単粒子解析により決定したリボソーム複合体の構造(右)

Structural basis of proteins and its application

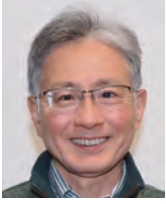
Our research aims to elucidate the molecular mechanisms of proteins, particularly those relating to diseases, from a structural viewpoint. Furthermore, we apply the revealed molecular characteristics to design novel functional materials. The following are current projects.

1. Elucidation of the mechanism of bioactive molecules obtained from marine organisms
2. Structural and functional analysis of new antibiotics for measuring infectious diseases
3. Study of the translational regulatory mechanism
4. Study of the molecular mechanisms of toxic proteins in pathogenic microorganisms
5. Structure and functional analysis of proteins relating diseases
6. Structure based functional alteration of proteins

微生物遺伝進化分野



キーワード /
細菌、進化、環境汚染浄化



教授
永田 裕二
NAGATA Yuji



准教授
大坪 嘉行
OTSUBO Yoshiyuki



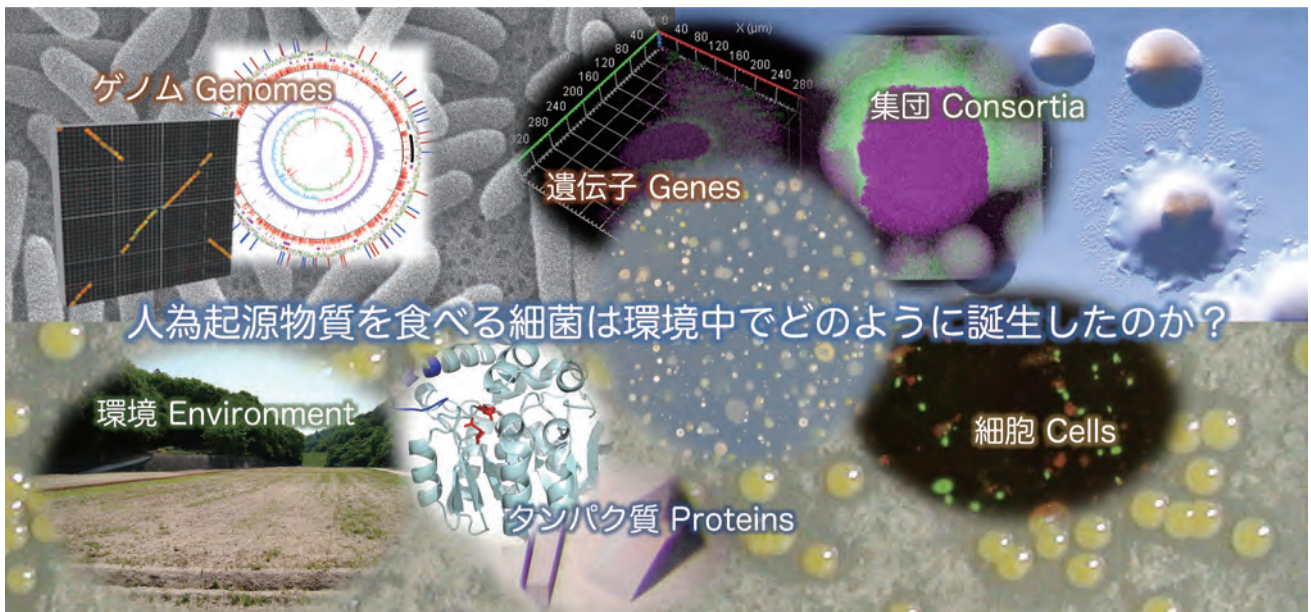
助教
岸田 康平
KISHIDA Kouhei

環境細菌の環境適応・進化機構を包括的に理解し、その原理の有効利用を目指す

環境中には人工的に化学合成した環境汚染物質をも食べてしまう細菌がいる。本講座では、このような人為起源難分解性環境汚染物質分解細菌を主な研究対象として、細菌の環境適応・進化機構をタンパク質(酵素)・遺伝子・ゲノム・細胞・集団・環境の各レベルで包括的に理解すると共に、得られる知見を元に、微生物の未開拓機能開発手法など新技術の確立を目指す。

解析には微生物学、分子遺伝学、分子生物学、タンパク質工学、

細胞生物学、ゲノム科学、分子生態学などの手法を用いて、遺伝情報の調和的発現制御ネットワーク・再編成・水平伝播などの把握と機構の解明、新規遺伝子資源の開発と探索を行う。その際、ゲノム解析手法の新規開発、DNA解析のための要素技術開発、さらにはコンピュータープログラミングを用いた解析ツール開発や研究支援システム構築を通じた研究効率化も実施する。



人工の農薬を食べる細菌 細菌の環境適応・進化をタンパク質・遺伝子・ゲノム・細胞・集団・環境の各レベルで理解し、その原理を新しい技術開発に応用

Microbial adaptation and evolution mechanisms and their applications

Some bacteria can degrade anthropogenic pollutants. We aim to comprehensively understand the adaptation and evolution mechanisms of such bacteria at the protein (enzyme), gene, genome, cell, consortium, and environmental levels and to develop new technologies to effectively utilize unexplored microbial functions.

Microbiology, molecular genetics, cell and molecular biology, protein engineering, genomics, and ecology techniques are used to under-

stand and elucidate the mechanisms of regulatory networks, reorganization of genetic information and horizontal gene transfer as well as to develop and explore new genetic resources. Other developments focus on novel methods and elemental technologies for genome analysis and DNA analysis, respectively, and the development of more efficient research using computer programming-based analysis tools and research support systems.

植物生殖システム分野



キーワード /
受粉反応、自殖と他殖、自家不和合性



教授
渡辺 正夫
WATANABE Masao



准教授
(クロスアポイントメント)
稲葉 靖子
INABA Yasuko



助教
林 真妃
HAYASHI Maki

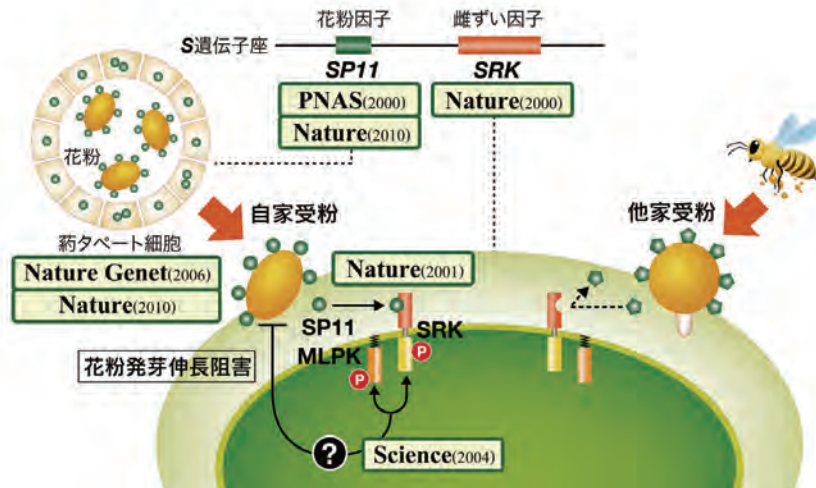
自殖と他殖を可能にした植物の生殖システムの統合的理解を目指して

植物は発芽した場所に根を生やし、その環境に合わせた生長、生殖戦略を採用することで繁栄してきた。生殖戦略において大きな役割を担う生殖器官として、雄ずいと雌ずいが共存する「両性花」がある。「両性花」は、自分で確実に次世代を残すことができる自殖と同時に、他個体との交雑による遺伝的多様性の維持を可能とする他殖をも行える仕組みも有している。植物は進化のプロセスにおいて、生殖器官の構造や情報伝達を分子レベルで変化させることにより、「両性花」の自殖と他殖のバランスを調整し、種ごとに周囲の環境に適した生殖システムを確立している。その結果として、他殖を促

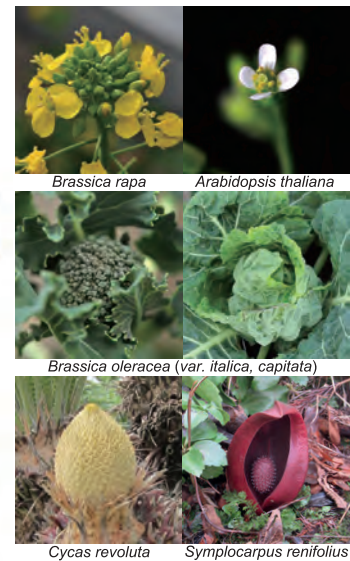
進する自家不和合性や雌雄異熟、また雌雄異株など多岐にわたる生殖システムが創出されている。

本分野では、植物の生殖システムのひとつである自家不和合性に焦点を当て、遺伝学的、生理学的観点から、植物の自殖と他殖を制御する分子メカニズムを明らかにし、植物の生殖戦略に対する学術的理解を深化させる。将来的には、品種改良や生態系維持などに貢献する。

当研究室が解明に関与した自家不和合性関連因子の概略



アブラナ科植物の自家不和合性における花粉と柱頭での自己識別機構(左)と主たる研究材料の植物と花(右)



Toward a Comprehensive Understanding of Plant Reproductive Systems that enable Selfing and Outcrossing

Plants have thrived on earth by employing growth and reproductive strategies adapted to their environment. An integral aspect of their reproductive strategy involves the presence of hermaphrodite organs, having both female pistils and male stamens within a single flower. Hermaphrodites are capable of self-fertilization, ensuring subsequent generations can reproduce autonomously, while facilitating reproduction through crossbreeding with other individuals, thereby maintaining genetic diversity. Throughout the evolutionary process, plants have developed various reproductive systems tailored to their environment by modulating the balance between selfing and outcrossing in hermaphrodites through alterations in reproductive organ structure and molecular-level signal transduction systems. Consequently, a diverse

array of reproductive systems, such as self-incompatibility, dichogamy, and dioecy, which promote outcrossing, are established.

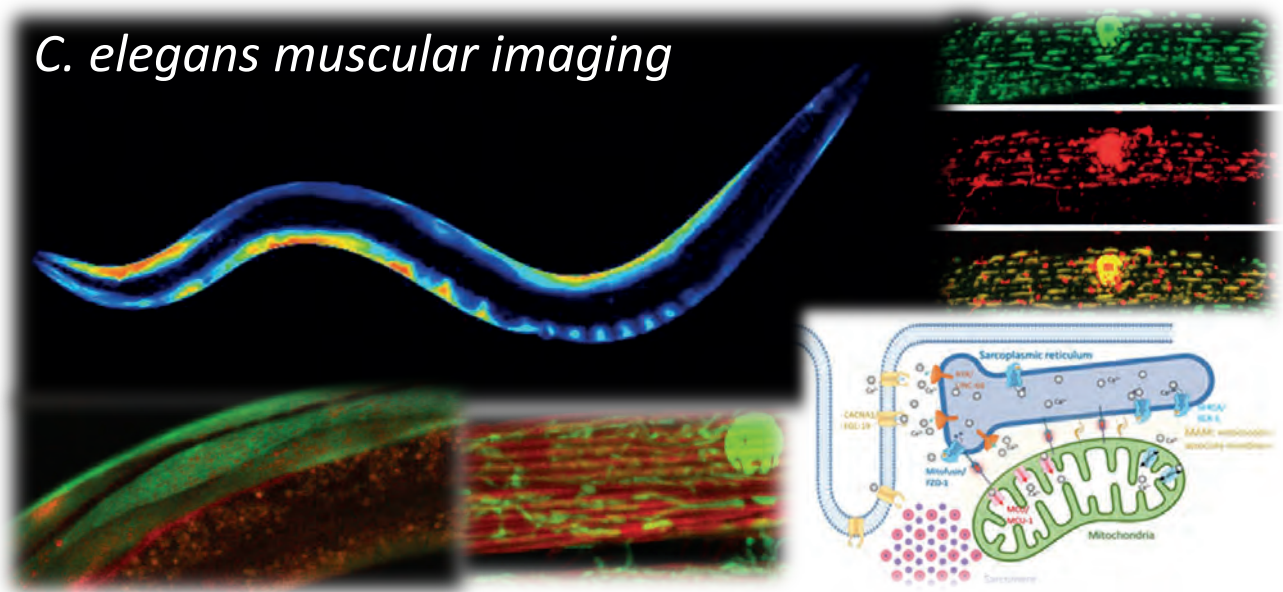
Our laboratory focuses on self-incompatibility, a pivotal component of plant reproductive systems, to elucidate the molecular mechanisms governing selfing and outcrossing in plants utilizing genetic and physiological methodologies. Through this research, we aim to deepen the comprehensive understanding of plant reproductive strategies. Our findings are anticipated to contribute to breeding efforts and ecosystem maintenance in the future.

分子遺伝生理分野

キーワード /
ミトコンドリア、線虫、イネ教授
東谷 篤志
HIGASHITANI Atsushi特任助教
東谷 なほ子
HIGASHITANI Nahoko助教
SEKERCI KERIMAN
SEKERCI Keriman

モデル生物を利用した様々な生体反応の分子遺伝生理学的研究

モデル生物(培養細胞、線虫*C. elegans*、植物イネなど)を用いて、さまざまな生体反応(老化、薬物、温度変動など)の遺伝子機能について分子遺伝学・生理学的研究を行っています。



モデル生物線虫の筋細胞における各種イメージング

Study of genetic mechanisms underlying biological reactions

We conduct molecular genetic and physiological research to elucidate gene function across various biological responses including aging, drugs, and temperature disturbances using model organisms such as cultured cells, the nematode *Caenorhabditis elegans*, and the plant *Oryza sativa*.

進化ゲノミクス分野



キーワード /
比較ゲノム、分子進化、重複遺伝子



教授
牧野 能士
MAKINO Takashi



准教授(兼)
市之瀬 敏晴
ICHINOSE Toshiharu



准教授
(クロスアポイントメント)
佐藤 敦子
SATO Atsuko



講師
横山 隆亮
YOKOYAMA Ryusuke



助教
別所-上原 奏子
BESSHO-UEHARA Kanako



助教
岩崎 航
IWASAKI Watal



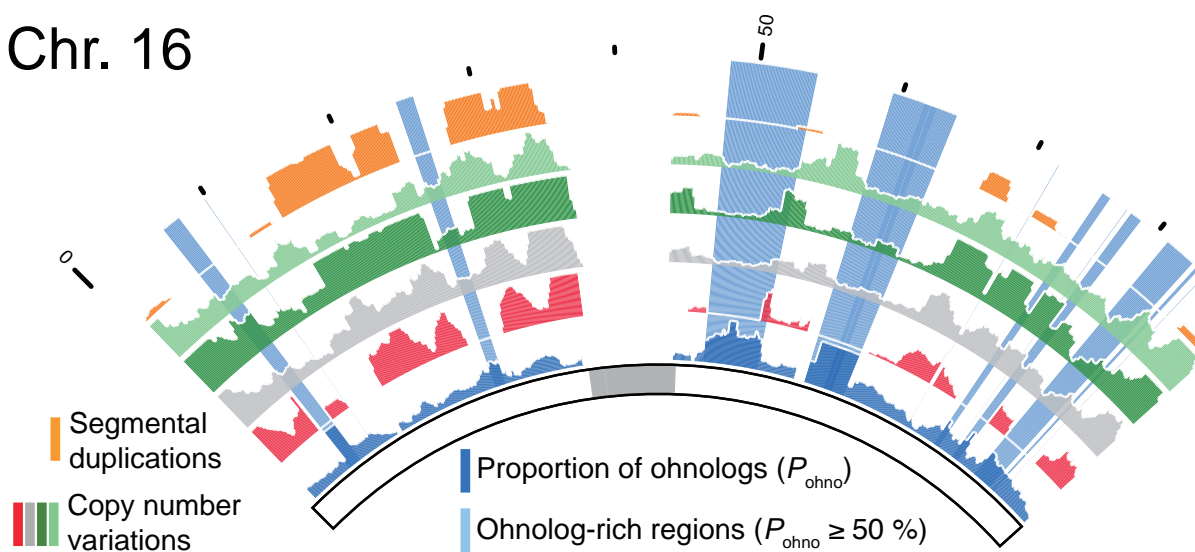
助教(兼)
別所-上原 学
BESSHO-UEHARA Manabu

生物の進化をゲノム情報で紐解く

次世代シーケンシングなどの技術革新によりゲノム配列や遺伝子発現などのデータが急速に蓄積していく中、膨大な情報から如何にして生物が持つ面白さを見出すのが今後ますます重要となっていきます。私たちは、こうした大規模な生命情報を利用して生物が持つ形質の遺伝的基盤を理解し、その進化過程の解明を目指しています。特に、ゲノム上で重複した遺伝子に着目し、病気や生態的特徴との関連について研究を行なっています。例えば、全ゲノム重複によって生じた重複遺伝子(オオノログ)が、遺伝子量変化に脆弱であ

ることを発見し、オオノログには様々な疾患原因遺伝子が含まれることを示しました。オオノログ以外の遺伝子量感受性のゲノム領域にも着目し、ゲノム解析から創出された新しい疾患原因遺伝子の予測手法の確立を目指して研究を行なっています。また、ゲノム中の重複遺伝子含有率から生物が持つ環境適応力を評価する研究に取り組んできました。本研究を応用し、生態学分野における大きな課題である侵略種と絶滅危惧種の選定に向けた新しいアプローチに取り組んでいます。

Chr. 16



オオノログの密度とコピー数多型の関係。オオノログ密度の高いゲノム領域(水色)では、重複したゲノム領域・遺伝子の集団内頻度が低い。

Comparative genomics to understand evolution

While rapidly accumulating life information such as genome sequences and gene expressions owing to technological innovation, finding biological significance from the vast amounts of data is increasingly important in the future. We conduct evolutionary analyses of genes and genomes for understanding the genetic background of interesting phenotypes by using such large-scale life information. In particular, we work on the influence of duplicated genes on disease phenotypes and ecological characteristics. One increasingly popular hypothesis is that dosage balance constraints are a major determinant of duplicate gene retention. We tested this hypothesis and showed that ohnologs, which are duplicated genes generated

by whole genome duplications, have rarely experienced subsequent small-scale duplication and are also refractory to copy number variation (CNV) in human populations, and are thus likely to be sensitive to relative quantities. We also showed that non-ohnologs neighboring ohnologs are unlikely to have CNVs, resulting in ohnolog-rich regions in vertebrate genomes being CNV deserts. Our results suggest that the genomic location of ohnologs is a determining factor in the retention of CNVs and that dosage-balanced ohnologs are likely to cause the deleterious effects of CNVs in these regions. We propose that investigating CNV of genes in CNV deserts is an efficient means to find disease-related CNVs.

植物分子適応生理分野



キーワード /
植物、紫外線・放射線応答、環境適応戦略

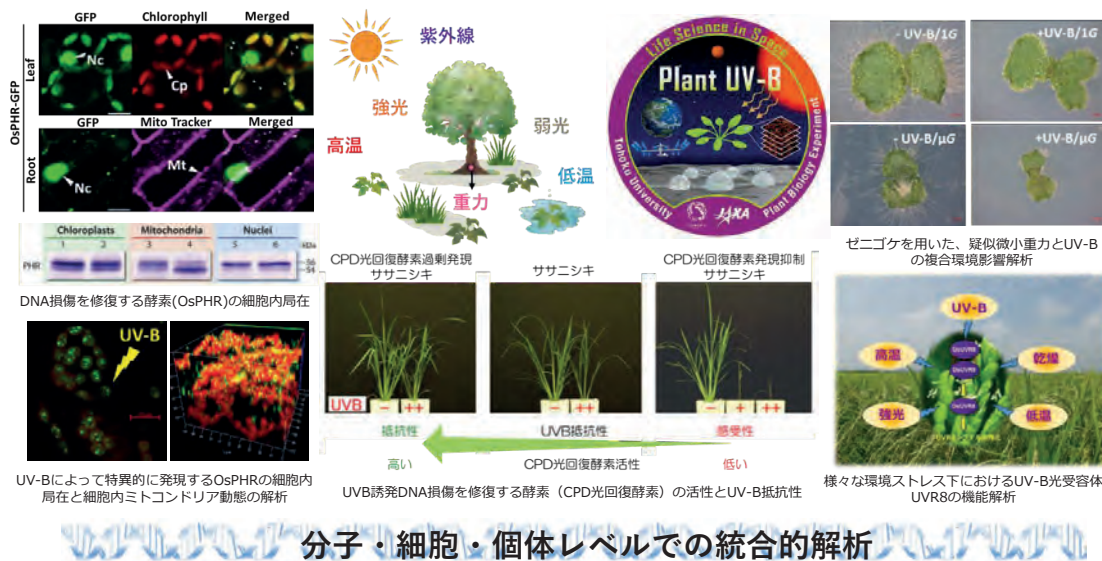


教授(兼)
東谷 篤志
HIGASHITANI Atsushi

植物の太陽紫外線を中心とした環境レジリエンス機構解明に向けた分子細胞生理学研究

植物は、多様な環境因子が時空間的に変化する環境の中で生きています。本分野では、太陽光に含まれる紫外線UV-Bに対する応答・障害・修復を中心に、他の環境因子との複合的な影響(太陽紫外線・可視光、温度、重力など)、適応応答と破綻に至る機構を、イネ、シロイヌナズナ、ゼニゴケ等のモデル植物を材料に、分子細胞生物学、生理学的な解析を専門とした研究教育を展開しています。そして、植物のより高度な環境レジリエンス機構の本質を理解することを目指しています。主な研究課題を以下に示します。

- (1) 紫外線UV-Bによるオルガネラ損傷とその修復機構
- (2) 時空間的に変化する不均一なUV-B・可視光・温度下でのUV-B適応戦略機構
- (3) 宇宙環境を利用した低重力と高UV-Bの複合環境ストレスに対する植物の応答解析
- (4) 環境適応戦略におけるUV-B光受容体UVR8の役割
- (5) 紫外線や放射線によるDNA損傷による変異誘発



各研究課題に関連した研究概要のイメージと解析結果の一部

Elucidation of environmental resilience mechanisms of plant focusing on solar UV radiation

Plants inhabit an environment characterized by the dynamic variation of diverse environmental factors across both time and space. Our research in this domain is concentrated on the response, disruption, and repair mechanisms associated with ultraviolet-B radiation (UV-B) from sunlight. We employ a multidisciplinary approach, specializing in molecular cell biology and physiological analysis, to investigate the combined effects of UV-B radiation and other environmental factors such as solar visible light, temperature, and gravity. Utilizing model plants such as rice, Arabidopsis, and liverwort, we aim to unravel the intricate mechanisms underlying adaptive responses and resilience to environmental stress, advancing our understanding of plant resilience mechanisms.

Our major research projects are listed below.

1. Elucidating repair mechanisms of UV-B-induced damage in organelles and UV-B-tolerance mechanisms in plants.
2. Investigating UV-B adaptation strategies in response to non-uniform spatio-temporal UV-B radiation, visible light, and temperature variations.
3. Analyzing plant responses to combined environmental stresses of low gravity and high UV-B radiation using space environments (International Space Station).
4. Studying the role of the UV-B photoreceptor UVR8 in environmental adaptation strategies employed by plants.
5. Investigating DNA damage mutagenesis induced by ultraviolet light and radiation exposure.

生体分子ダイナミクス分野



キーワード /
タンパク質、RNA、一分子蛍光分光測定



教授
高橋 聡
TAKAHASHI Satoshi



助教
伊藤 優志
ITOH Yuiji

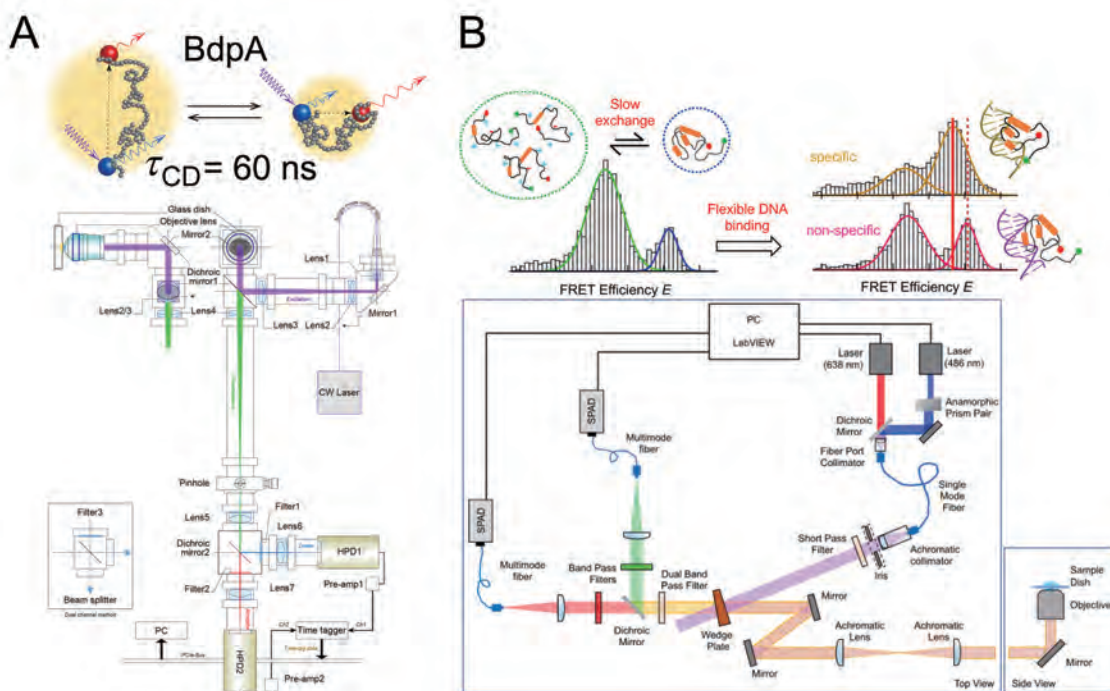
一分子蛍光分光法を駆使し、タンパク質とRNAのダイナミクスや構造、物性を調べます

細胞の中でタンパク質とRNAは特定の形に折り畳まれることで、様々な機能を果たします。この過程におけるダイナミクスを調べることで、細胞内におけるタンパク質とRNAの役割を理解することが可能になります。

当分野は、ナノ秒からミリ秒にわたる幅広い時間領域における生体分子の運動を観測できる装置、ナノ秒蛍光相関分光装置を開発しました(図A)。また、一分子レベルで生体分子の構造情報を取得できる、一分子蛍光分光装置を開発しました(図B)。これらの分光装

置を駆使し、私たちはこれまで様々なタンパク質の折り畳みの仕組みとダイナミクスを解明してきました。

加えて、当分野は最近、新型コロナウイルスに由来するタンパク質とゲノムRNAを対象とした研究を行っています。ウイルス由来のタンパク質とRNAのダイナミクスと構造を理解し、それらの機能を効果的に阻害する方法を見出すことで、新型コロナウイルス感染症に対抗する新しい創薬の可能性が拓かれると期待されます。



(左) 図 A: 生体分子の高速運動を観察するナノ秒蛍光相関分光装置

Nanosecond-resolved fluorescence correlation spectroscopy for the observation of the ultrafast dynamics of biomolecules.

(右) 図 B: 生体分子の構造変化を一分子レベルで計測する一分子蛍光分光装置

Single-molecule fluorescence spectroscopy for the measurement of structural changes in biomolecules.

Dynamics of protein and RNA based on single-molecule fluorescence spectroscopy

Proteins and RNAs perform various functions by folding into their specific structures. By investigating their dynamics in the folding processes, we can understand the roles of proteins and RNAs in cells. To investigate the dynamics of proteins and RNAs in vitro, we developed a unique spectroscopic method, nanosecond fluorescence correlation spectroscopy (ns-FCS). ns-FCS enables us to characterize the dynamics of biomolecules in a wide time domain, from nanoseconds to milliseconds, in single measurements. We also

developed a variant of single-molecule fluorescence spectroscopy, the alternating laser excitation (ALEX) system, to obtain the structural information of biomolecules. ALEX measurements enable us to reveal structural changes and the folding mechanism of various proteins. Recently, we are interested in the proteins and RNA derived from SARS-CoV-2. Understanding their dynamics, structure, and function will aid the development of effective inhibitors of their function, leading to new drugs against COVID-19.

生体分子機能制御分野



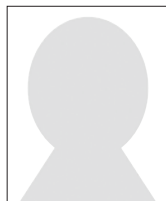
キーワード /
ケミカルバイオロジー、バイオイメーjing、
光機能性分子



教授
水上 進
MIZUKAMI Shin



准教授
小和田 俊行
KOWADA Toshiyuki



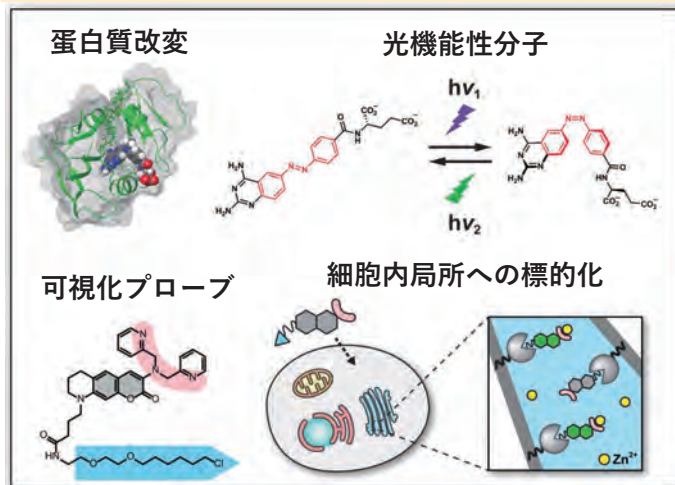
助教
IRA NOVIANTI
IRA Novianti

機能性分子を合理的に設計し、生体機能の観察・制御に応用する

生体内では多くの細胞や分子が相互作用しながら、多様な機能を発現しています。単一細胞レベルでも、蛋白質・核酸・糖などの様々な分子が相互作用しています。それらの生体分子について正確に理解するには、それらの挙動や機能を他の生体分子との相互作用が保たれた状態、すなわち生きた状態で観察することが重要です。当分野では、有機化学・高分子化学・蛋白質化学等の技術に基づいて新たな機能性分子を設計・合成し、光を使った生体分子の可視化技術や機能制御技術を開発します。具体的には、酵素活性や細胞内シグ

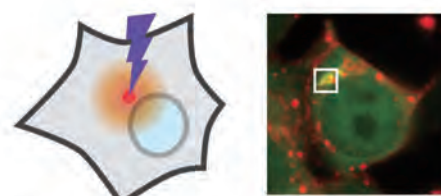
ナル伝達などの生体機能を選択的に検出する蛍光プローブや、また光照射によって結合の切断や構造変化を引き起こすケージ化合物・フotokロミック化合物を用いた酵素や受容体の活性制御技術の開発などを行います。これらの機能性分子を蛍光顕微鏡観察と組み合わせることにより、生きた状態における生体分子の機能や疾患機構の本質に迫りたいと考えています。このような化学に基づく生物学研究はケミカルバイオロジーと呼ばれ、目的に合わせた機能を持つオリジナル分子を独自に設計できるところが特長です。

化学に基づく生体機能解析技術の開発



生体機能分子制御分野の研究概要図：化学に基づく機能性分子設計と医学・生物学への応用

生体分子・機能の光活性化



生体分子・機能の可視化



Development of functional molecules to image and regulate biomolecules in living samples

In a living body, various cell types interact with many other molecules. In a single cell, various molecules such as proteins, nucleic acids, and sugars function by interacting with each other. To understand the precise biological functions occurring within a cell, it is important to investigate the activities or behaviors of these target molecules in living systems, where all of these interactions with other biomolecules are maintained. Using organic chemistry, macromolecular chemistry, and biochemistry, we design and synthesize functional molecules, apply them to image behaviors or activities of target biomolecules, and then regulate the functions of these targets by utilizing light. For

example, we develop fluorescent probes that detect specific biological activities such as enzyme activity. We also develop technology that uses photoregulation with caged or photochromic compounds to control enzyme or receptor functions. By combining these functional compounds with fluorescence microscopy, we aim to clarify essential mechanisms in life and diseases. This chemistry-based biological research is called chemical biology, and one of the exciting features of this research is that we can tailor functional molecules to a specific purpose.

構造メカニズム研究開発分野



キーワード /
高分解能クライオEM、電子線三次元結晶構造
解析、手法開発



教授
(クロスアポイントメント)
米倉 功治
YONEKURA Koji



准教授
濱口 祐
HAMAGUCHI Tasuku



講師
黒河 博文
KUROKAWA Hirofumi

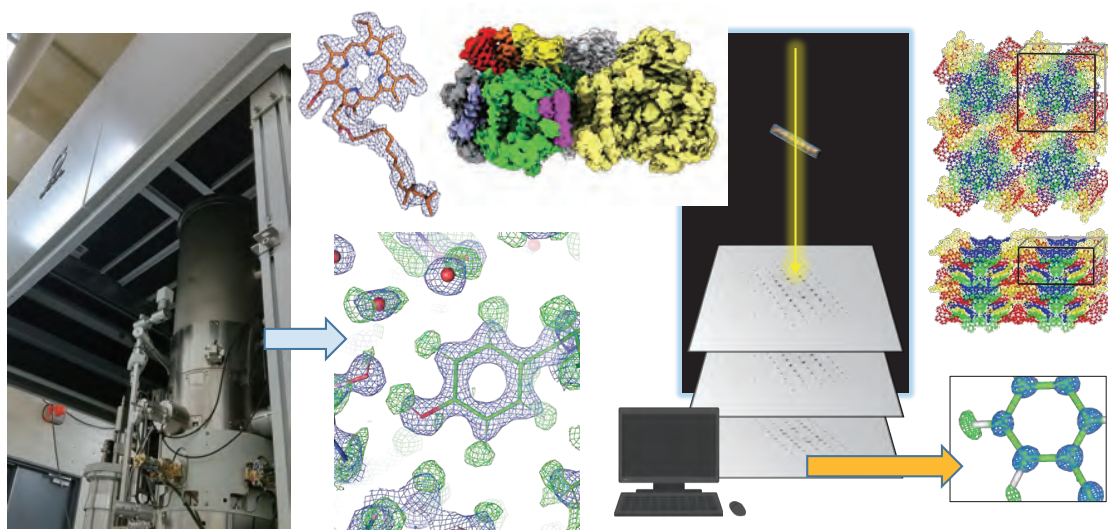
クライオEMでタンパク質、有機分子の構造メカニズムに迫る

タンパク質や有機分子は、複雑な三次元構造を形成して、機能を発現します。本研究室は、最新のクライオ電子顕微鏡(EM)を用いて、より高い分解能、より高い精度でこれらの試料の三次元構造を決定し、その機能解明を目指します。AI自動データ測定やデータ解析など、この目的のための技術開発も進めます。

電子線は物質と強く相互作用するため、タンパク質の一分子の像が得られます。この特性を利用するのが単粒子解析で、タンパク質溶液の凍結試料から撮影した分子像を画像解析することで、高い空間分解能の構造、原子の配置が得られます。種々の溶液条件下の構

造変化や揺らぎを捉えることもでき、構造ダイナミクス研究も可能です。また、薬剤などの極微小な結晶からでも回折が得られるため、電子線三次元結晶解析では個々の原子をより詳細に視ることができます。細胞組織や大きく不均一な複合体に対しては、電子線トモグラフィーにより三次元構造を解析します。

クライオEMに加え、放射光X線、X線自由電子レーザーも相補的に利用し、構造形成、安定化、機能発現に直結する水素原子や電荷の情報も可視化し、複雑な分子の構造メカニズムに迫ります。



高分解能単粒子解析と三次元結晶構造解析の例

Advanced cryogenic electron microscopy of proteins and organic molecules

Proteins and organic molecules comprise complex 3D structures responsible for their functions and properties. To elucidate working mechanisms and detailed properties of these complex molecules, we analyze their 3D structures at higher resolutions and accuracy using advanced cryogenic electron microscopy (cryo-EM). We have also been developing related technologies including automated artificial intelligence data collection and analysis.

As electrons strongly interact with samples, direct imaging of a single protein molecule is possible. Thus, single particle analysis can provide high-resolution structures and their atomic coordinates via the image analysis of frozen-hydrated protein complexes and membrane proteins. This method can also be used to study conformational

changes in buffer solutions and fluctuations, thereby revealing the structural dynamics. Moreover, small crystals of target molecules including pharmaceuticals yield diffraction patterns, and electron 3D crystallography can visualize individual atoms and detailed chemical properties. Automated cryo-electron tomography is used to examine cell organelles and larger heterogeneous samples.

Thus, our study reveals the detailed structural mechanisms of proteins and organic molecules, focusing particularly on the hydrogen atoms and charges, which are critical in stabilizing structures and fulfilling functions. Complementary to cryo-EM, we also use synchrotron radiation and X-ray free-electron lasers to achieve our goals.

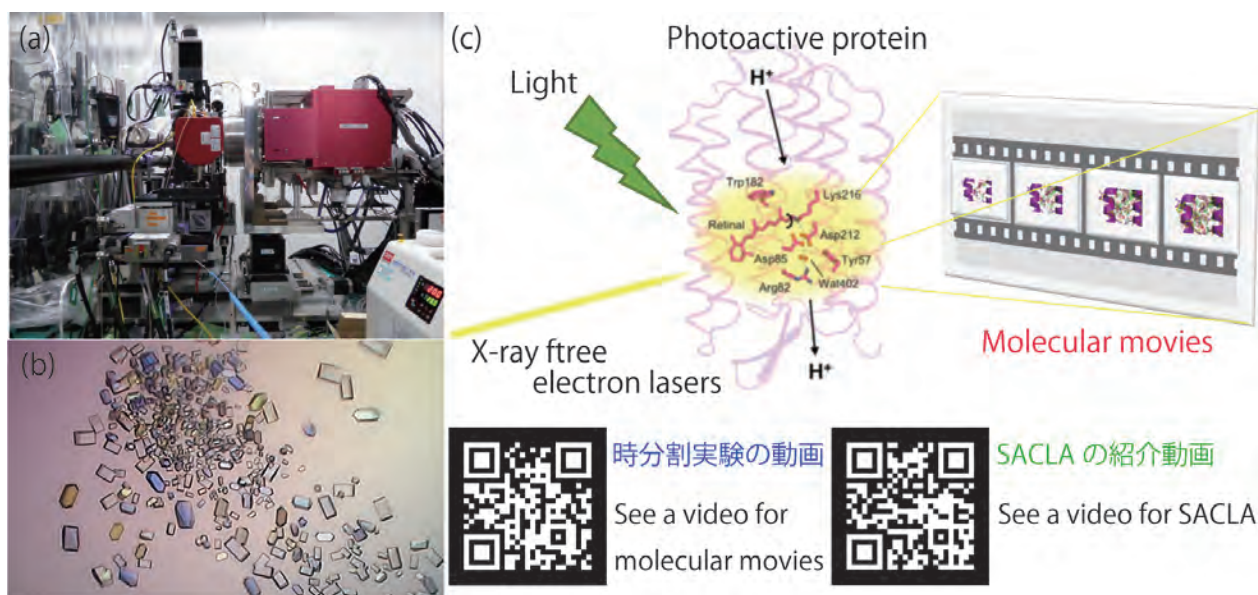
分子機能可視化分野

キーワード /
動的構造解析、機能構造相関、分子設計教授
南後 恵理子
NANGO Eriko助教
藤原 孝彰
FUJIWARA Takaaki助教
田口 真彦
TAGUCHI Masahiko助教
小島 摩利子
KOJIMA Mariko

タンパク質が機能する瞬間の構造を原子レベルで解明し、新たな分子の設計に活かす

タンパク質は、細胞情報伝達、生体内触媒反応などの生命現象を支える重要な生体構成物質です。タンパク質の立体構造はその機能と深く関連しており、その機能を発揮する際にどのような構造の変化を起こすのか興味を持たれてきました。しかし、従来の技術では、タンパク質が高速の時間スケール(フェムト秒~ミリ秒)で動く様子を原子の動きまで詳細に捉えることは困難でした。当研究室では、X線自由電子レーザー、放射光などの量子ビームを用いて、タンパク質の中で実際に起こっ

ている化学変化や構造変化を可視化するための時分割実験の技術開発に取り組んでいます。この方法を用いると「分子動画」として動きや変化を観察することができます。実際に、この方法により、光遺伝学ツールなどに応用されている光感受性タンパク質の反応機構を明らかにしたり、ユニークな反応を触媒する酵素の中間体構造を捉えたりすることに成功しています。また、得られた動的構造情報を基にタンパク質分子の合理的設計と新機能をもつ分子の創製を目指します。



(a) 時分割実験装置の例 A setup for time-resolved serial femtosecond crystallography (TR-SFX), A.M. Wolff et al., Nat. Chem. 15, 549 (2023)

(b) タンパク質結晶の写真 Photograph of protein crystals

(c) 時分割実験概要図 A schematic figure of TR-SFX

Dynamic, in-function protein structure visualization at the atomic level and structural information-based new protein molecule design

Proteins are essential biomolecules to life phenomena, such as cell signaling, in vivo catalytic reactions, storage, and transport. Three-dimensional protein structures are closely related to the corresponding functions, and how proteins structurally change when they function has been a hotspot topic of interest. However, new techniques would be required to capture fast-time scale (femto-to-milliseconds) protein movements at an atomic level.

In our laboratory, we are developing time-resolved experiment techniques

using quantum beams (e.g., X-ray free-electron laser and synchrotron radiation) to visualize actual chemical reactions and protein structural changes. These methods enable the observation of movements and changes as "a molecular movie". We elucidated the reaction mechanism of light-sensitive proteins used in an optogenetics tool and captured the intermediate structures of enzymes that catalyze unique reactions. Furthermore, based on the obtained dynamic structural information, we aim to design protein molecules rationally and create molecules with new functions.

オミックス・情報学分野



キーワード /
ゲノム構造解析、ポストゲノム研究、
生命情報科学



客員教授
池田 和貴
IKEDA Kazutaka



客員准教授
山川 央
YAMAKAWA Hisashi

ゲノム構造解析とオミックス研究による生命現象の理解

本分野は、連携講座としてかずさDNA 研究所内(千葉県木更津市)に設置されており、研究所がこれまでに蓄積してきた豊富な研究資源の恩恵を受けることができます。私たちは、野菜や果実、花卉といった様々な植物(作物)や微生物、さらにはヒトや動物を対象としてオミックス研究を行っています。具体的には、次世代シーケンサーを用いて、ゲノムやトランスクリプトームといった配列データを取得し、動植物や微生物のゲノム配列の解読や転写産物の解析、DNA多型と表現型との関連性についての解析、土壌中の菌叢を明らかにするメタゲノム解析や、主に水の分析から生物相を明らかにするDNA解

析を行うとともに、それらの貴重なデータを世界に発信するためにデータベースの構築などを行っています。さらに、最新の質量分析機器等を用いて、動植物や微生物が作り出す様々な成分(代謝産物)を網羅的に解析する次世代のメタボロミクス/リポドミクス技術開発も行っています。

これらの解析により得られる膨大な情報をコンピュータで情報処理し、病気や健康などに関わる成分や有用な遺伝子を見出すほか、農作物や微生物のゲノム解析を行いその全体像を理解しようとしています。



かずさDNA 研究所の全景(左上)と主な研究内容(他)

Utilizing genome analysis and post-genomic research to understand life phenomena

As our laboratory is located in the Kazusa DNA Research Institute (Kisarazu, Chiba), we can benefit from the wealth of research resources that the institute has accumulated. We have been working on omics studies of various plants (crop), animals, and bacteria. In particular, we use a next-generation sequencing platform to obtain genome and transcriptome data for analyses of the genome structures and gene expression, analysis of the relationship between DNA polymorphism and phenotype of the organisms, metagenome analysis to understand bacterial flora in soil, and environmental DNA analysis of freshwater/seawater to reveal biota. In addition, we construct

databases to share valuable information all over the world. Moreover, We are developing next-generation endoproductome technology to comprehensively analyze various types of metabolites produced by plants, animals, and microorganisms using the latest mass spectrometry.

We also process an enormous amount of information that has been obtained from the aforementioned analyses to obtain a holistic understanding of the crops, animals and microbes, in addition to identifying the active ingredients and essential genes.

天然物ケミカルバイオロジー分野



キーワード /
天然物有機化学、ケミカルバイオロジー、
植物科学



教授
上田 実
UEDA Minoru

天然有機化合物を用いる植物ケミカルバイオロジー

【有機化学から見た植物】植物のほとんどの生理機能は、植物ホルモンとよばれる有機小分子によって制御されています。有機化学的に見れば、植物は有機小分子を生体恒常性制御のメインプレイヤーとする極めて興味深い生物と言えます。

【研究目標1】植物ホルモンの持つ生物活性を自在にチューニングしたい

私たちは、植物ホルモンと受容体の相互作用を人工的に改変することで、植物ホルモンの持つ生物活性を自在にチューニングする試みを行っています。植物ホルモンの持つ生物活性を自在に編集する「活性編集」の実現を目指しています。

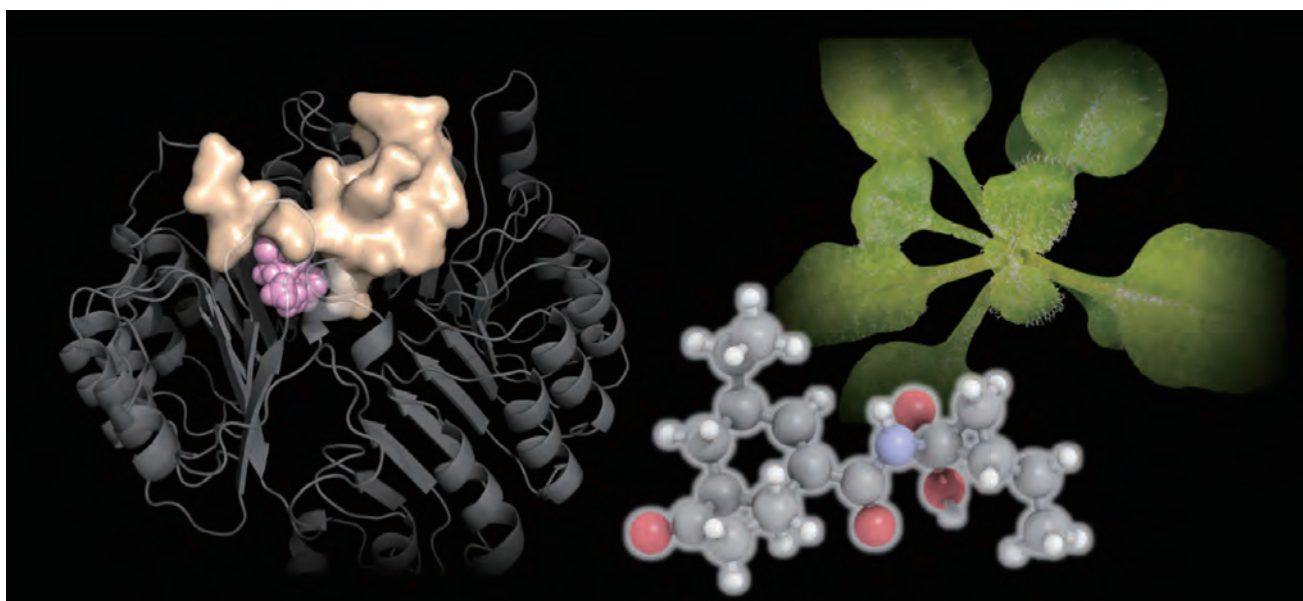
【研究目標2】新規植物ホルモンの「探し方」を開発したい

自然資源からの天然物探索はだんだんと難しくなり、新たな視点が望まれています。

私たちは、新しい植物ホルモンを発見するために、その生合成と代謝に注目しました。私たちは、生合成中間体や代謝物にも、天然物とは異なる役割があるとする結果を得ており、新規ホルモン探索の指針としています。

【研究目標3】植物ホルモンの「進化の謎」を解明したい

近年のゲノム生物学の発展は、進化生物学に新たな視点を導入しました。私たちは、植物ホルモンの一種が進化に伴って大きく構造を変えたことを明らかにしてきました。「なぜ、どのようにして、植物ホルモンの分子構造が変化したのか?」という謎解きに挑んでいます。



植物ホルモン活性を持つ天然物とその受容体

Chemical Biology Inspired by Natural Products

Natural products are very useful tools in chemical biology research. Our research group has a strong interest in the following two topics in plant chemical biology: 1) tuning the biological function of natural products using stereo chemical isomers, and 2) chemical and biological studies on the circadian rhythmic behavior of plants, a phe-

nomenon referred to as nyctinasty. Using these two independent approaches, both from the chemical aspect and the biological aspect, will provide significant advances in understanding of this intriguing phenomenon.

レドックス制御分野



キーワード /
KEAP1-NRF2制御系、イオウ代謝、
加齢関連疾患



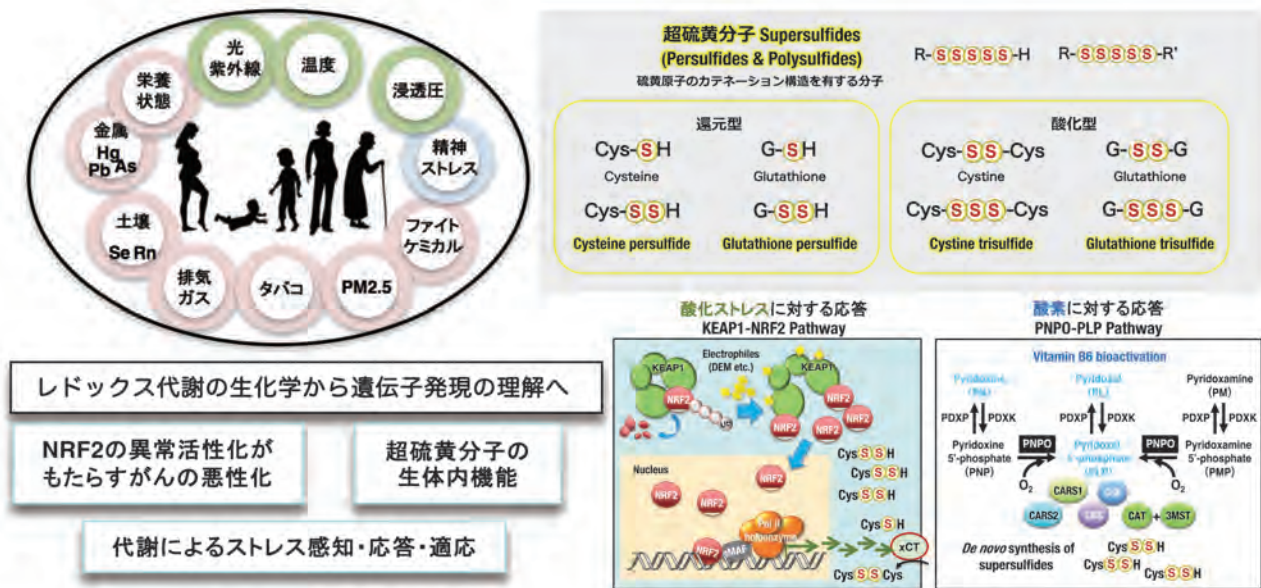
教授
本橋 ほづみ
MOTOHASHI Hozumi

レドックス代謝の生化学から遺伝子発現の理解へ

Life is nothing but an electron looking for a place to rest. これは、ビタミンCを発見して1937年のノーベル賞を受賞したハンガリーの生化学者アルバート・セント・ジェルジの言葉です。電子の動き、すなわち、酸化還元反応(レドックス反応)は生命の最も根源的な営みであることを表現したものです。レドックス恒常性の攪乱は、生体にストレスをもたらし、それに対する応答を誘導します。私たちの研究室では、急速に社会の高齢化がすすみつつある現在、健康寿命の延伸が医学にとっての極めて重要な課題であるとの認識

のもと、環境にいかに対応して生命を維持するかという生体のストレス応答機構の理解を目指しています。

- (1)レドックス応答性転写因子 NRF2が異常に活性化している難治がんの病態理解と治療標的の探索
- (2)近年明らかになってきた新規生体分子である超硫黄分子の生体内機能の解明
- (3)代謝によるストレス感知・応答・適応機構の解明



Redox metabolism underlying gene expression regulation

Life is nothing but an electron looking for a place to rest. These are the words of Albert St. Gerge, the Hungarian biochemist who won the 1937 Nobel Prize for the discovery of vitamin C. He expressed that the movement of electrons, or redox reactions (redox reactions), is the most fundamental activity of life. Disturbance of redox homeostasis causes stress in the organism and induces a response to it. Recognizing that extending healthspan is an extremely important issue for med-

icine in today's rapidly aging society, our laboratory aims to understand the stress response mechanisms of living organisms to determine how they adapt to their environment and maintain life.

Following three main projects are going on in my lab.

- (1) Cancer malignancy driven by NRF2
- (2) Physiological and pathological roles of superthiols
- (3) Stress response by metabolism

分子反応化学分野



キーワード /
天然物合成、生物活性化合物の設計と合成、
分子プローブ合成

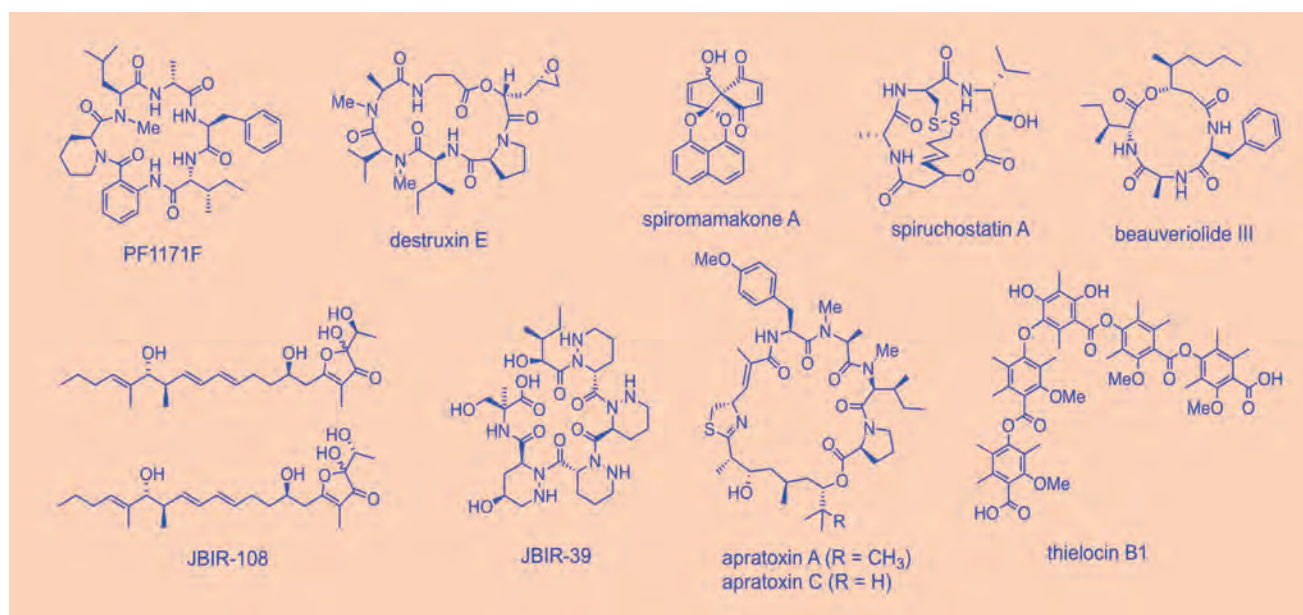


教授
土井 隆行
DOI Takayuki

生物活性天然物の骨格を基に多様な類縁体を合成する

天然物は多種多様な構造から多彩な生物活性を生み出す化合物の宝庫である。それらの骨格を基に多様な化合物を合成できる合成法を確立し、様々な類縁体を効率良く合成することで、高活性、高選択性な化合物の探索のみならず、構造活性相関を指標とした分子標的探索のためのプローブ合成、ファルマコフォア解析など、特に化合物の三次元構造に着目した創薬基盤研究を展開している。具体的には、遷移金属触媒反応開発による新規ヘテロ環骨格構築法の開発研究、ユニークな骨格をもつ生物活性天然物の全合成、類縁体

合成、生物活性評価、物性評価、構造活性相関、立体配座解析などの研究を行っている。また、有機合成を効率化するため、フロー合成の研究にも力を入れている。フロー合成法ではフローする時間を長くすることで同一条件で反応のスケールアップが可能になること、効率よい冷却あるいは加熱が可能なること、反応時間を秒単位で制御できることから従来のバッチ法とは異なる特徴がある。合成中間体を十分量供給できるようなフロー合成法の開発研究に取り組んでいる。



Synthesis of Biological Active Natural Product Derivatives

Natural products are very attractive chemical sources in the discovery of potentially bioactive compounds that have unique structures. Based on the three-dimensional structure of the natural products, it is important to develop methods for the synthesis of a variety of natural product analogues, in order to develop more potent and/or more selective compounds, elucidate structure activity relationships, synthesize molecular probes to elucidate their mode of action, and for analysis of their pharmacophores.

In this laboratory, we study a novel transition-metal catalyzed cy-

clization reaction that can lead to the formation of heterocyclic rings. Using this approach, we can achieve the total synthesis of natural products which have novel structures and unique biological activities. Following this, we are able to synthesize analogues, evaluate their biological and physiological properties, determine the structure-activity relationships, and perform a conformational analysis to identify the active conformation. In addition, we use flow synthesis to efficiently prepare key synthetic intermediates.

RNA 生理学分野



キーワード /
RNA 修飾, 核酸代謝, ミトコンドリア, 質量分析

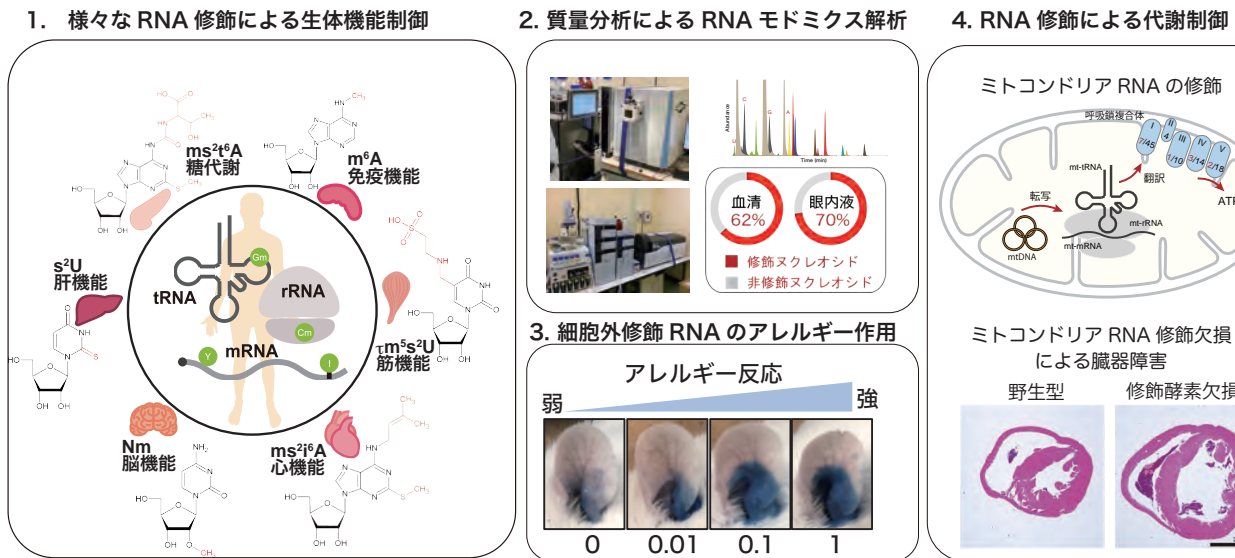


教授
魏 范研
WEI Fan Yan

RNA バイオロジーを通して生命の理解と疾患治療をめざす

我々の体を構成するたんぱく質、DNA や RNA といった生体分子は様々な化学修飾を受けることで新たな機能を獲得し、細胞や臓器の高次機能を制御します。また、外界からの化学的・物理的・生物学的なストレス、あるいは疾患や加齢などの内的要因が生体分子の修飾状態を変化させ、生体機能を障害し疾患発症の原因となります。これらの修飾の網羅的な解析を「モドミクス (Modification + Omics)」と名付け、私たちは中でも特に RNA 修飾に注目し、先進的な質量分析装置や RNA 解析手法を用いて、細胞・モデル動物・ヒトを研究材料として、RNA モドミクスと代謝・免疫・老化などの生理機

能やヒト疾患病態との関わりについて研究を行っています。特に近年、RNA ウィルスである新型コロナウイルスの世界的な蔓延に対して、化学修飾を人為的に導入した mRNA ワクチンがパンデミックの制圧の原動力になっていることが示すように、RNA と RNA に付与される化学修飾は生命の営みを理解する上で不可欠な研究分野であり、次世代医療にとっても不可欠な技術となっています。私たちは RNA とその修飾を通して、生命の理解と疾患治療に貢献したいと考えて、日々研究を行っています。



1. RNA に存在する様々な修飾とその生理作用。2. 本研究室に設置されている質量分析装置 (左)、同装置を用いた RNA 修飾の網羅解析 (右)。3. 細胞外に分泌される修飾 RNA は液性因子としてアレルギー誘発作用を有する。4. ミトコンドリア内に存在する様々な RNA (上)、ミトコンドリア RNA 修飾の欠損はエネルギー代謝を障害し、心肥大を引き起こす (下)。

Understanding the complexity of life and developing treatments for diseases via RNA modification

Living organisms are made up of a complex array of biomolecules, including proteins, DNA, and RNA, which undergo a variety of chemical modifications in order to acquire new functions and exert control over the higher functions of cells and organs. External chemical, physical, and biological stresses, as well as internal factors, such as genetic variations and aging, can disrupt the state of these modifications, causing the onset of disease and disrupting biological functions. Our research focuses on RNA modifications in particular. By employing state-of-the-art mass spectrometry technology and RNA analysis methodologies, we aim to investigate how RNA modifications regulate physiological functions, such as metabolism and immunity. Additionally,

we explore how the dysregulation of RNA modifications contributes to aging-related diseases, such as diabetes and inflammation using cells, animal models, and human subjects as research materials. Notably, the new generation of vaccines that contain chemically modified mRNA has been a driving force in the control of the COVID 19 pandemic. This underscores the essential nature of RNA and its modifications, which are key to understanding the complexity of life, as well as in the development of next-generation medicine. Our team conducts research every day with the hope of contributing to a better understanding of life and the development of new treatments for diseases through RNA and its modifications.

機能化学プロテオミクス分野



キーワード /
ケミカルバイオロジー、有機合成化学、タンパク質化学修飾



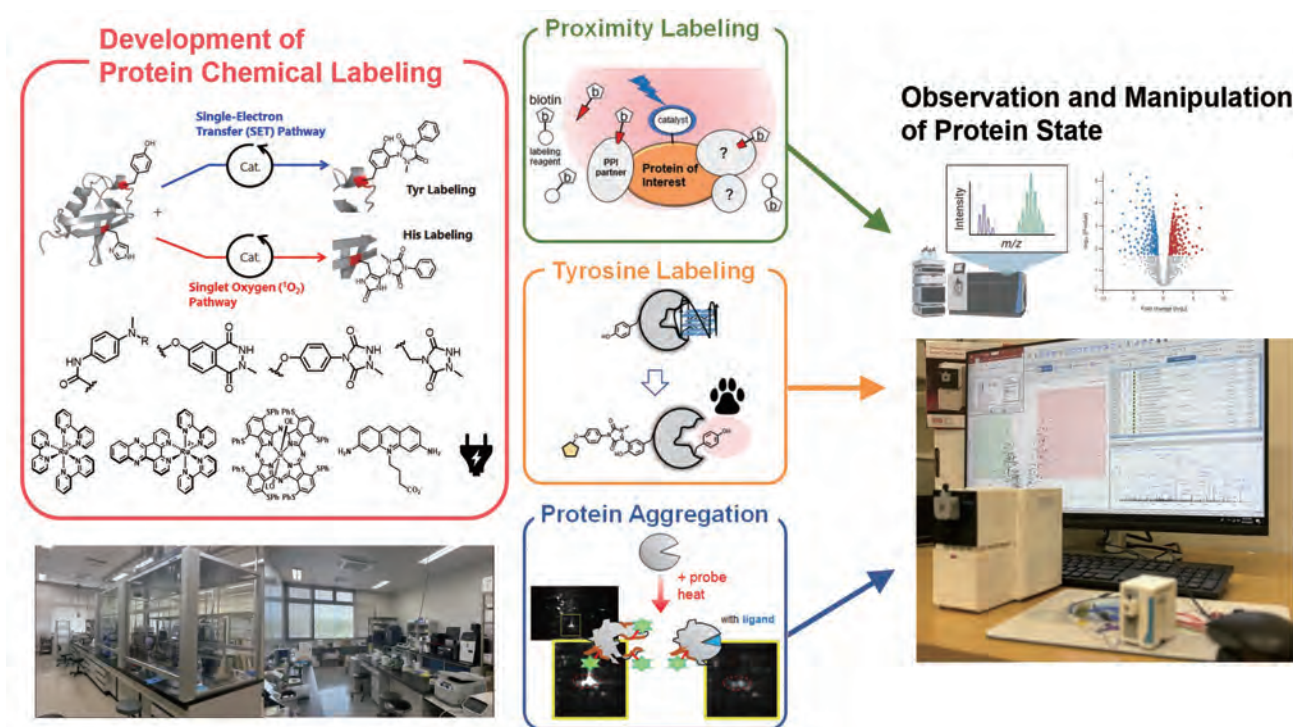
准教授(国際卓越)
佐藤 伸一
SATO Shinichi

タンパク質化学修飾法の開発とプロテオミクス研究への展開

現代、ヒトではゲノムが解読されて、どのようなタンパク質が発現しているのが解明され、また最近では、それがどのような構造を持っているのが明らかになりつつあると言えます。しかし、ヒトの疾患や生命の仕組みを理解するためには、タンパク質が生体内でどのように振舞っているのかを理解する必要があり、まだまだ不明な点が多く残されています。例えば、DNA、RNAを経て作られたタンパク質が、細胞内でどのような翻訳後修飾を受けるのか?どのタンパク質とど

んな時に相互作用しているのか?というようなことの多くは未解明です。そのような、生物学的な手法だけでは解決困難な課題に対して、我々は有機化学を基盤としたツール開発からアプローチしています。

プロテオミクスとは、生物が持つタンパク質を網羅的に解析する学問分野や技術の事です。私たちは化学的手法を取り入れ、生体内のタンパク質の状態の観測・制御を目的に研究を行っています。



化学からのアプローチによってタンパク質の状態を解析する技術開発を行っています。

Development of Protein Chemical Modification Methods and Their Application to Proteomics Research

Today, we live in an era where the human genome has been decoded, revealing what proteins are expressed in our bodies. Recently, we're even beginning to understand the three-dimensional structures these proteins adopt. However, to truly comprehend human diseases and the mechanisms of life itself, we must understand how proteins actually behave within living systems—and here, many mysteries remain unsolved.

For instance, crucial questions persist: What kinds of post-translational modifications do proteins undergo after being synthesized from DNA and RNA? Which proteins interact with each other, and

under what circumstances? Much of this dynamic protein landscape remains unexplored. To tackle these challenging biological questions that cannot be easily addressed through traditional biological approaches alone, we take a unique strategy—developing innovative tools grounded in organic chemistry.

Proteomics is the comprehensive study of all proteins present in an organism, encompassing both the scientific field and the technologies used to analyze them. Our research group integrates cutting-edge chemical methodologies with biological systems, aiming to observe and control protein states within living cells and organisms.

動的構造生化学分野



キーワード /
小胞体、ジスルフィド結合、タンパク質品質管理



准教授(国際卓越)
奥村 正樹
OKUMURA Masaki

様々な疾患を誘発する"タンパク質の構造学的ふるまい"を理解する

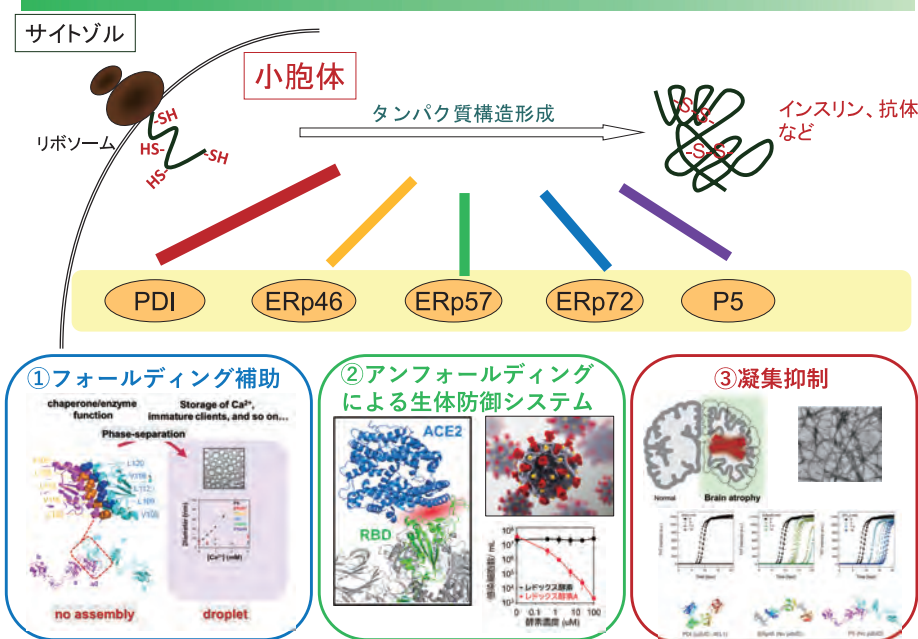
生合成された全タンパク質の約1/3は細胞内小器官のひとつ小胞体に挿入され、ジスルフィド結合の導入や糖鎖修飾を受けます。これら化学修飾は非対称なタンパク質構造の構築に不可欠な要素のひとつであり、細胞は化学修飾を介したタンパク質品質管理機構を高く保存してきました。我々の研究室では、生体が備えるタンパク質フォールディングにおける統合的理解を目指しています。また、生体が備えるタンパク質フォールディング補助システムの破綻が引き起こすパーキンソン病やアルツハイマー病、糖尿病など様々なミスフォールディング病の機序も追求することで、疾患メカニズムを明らかにし

たいとも考えています。

このようなタンパク質品質管理機構を理解する上で、我々研究グループは、世界に先駆けて、小胞体内の新たな区画であるタンパク質品質管理顆粒を発見しました。引き続きこの小胞体内の区画の研究を研究する必要があります。

研究を進める以上当然国際一流誌への掲載も目指しますが、まずはサイエンスを純粋に楽しみ、アカデミアや社会で活躍できるように、学生の自己成長に繋げることを一番の目標にしています。

3つの柱：Protein Disulfide Isomeraseファミリー関連疾患の理解



本講座が取り組む3つの課題：タンパク質品質管理機構に関わる疾患の理解

Understanding the protein behavior that induces various diseases

Approximately one-third of all biosynthesized proteins are inserted into the endoplasmic reticulum, one of organelle, where they undergo post-translational modifications such as disulfide bond formation and glycosylation. Cells have highly conserved protein quality control mechanisms governed by chemical modifications. Our laboratory aims to achieve a comprehensive understanding of protein folding in living organisms. We also tackle to elucidate the mechanisms of various misfolding diseases, such as Parkinson's disease, Alzheimer's disease, and diabetes, which are caused by a dysfunction of our body's protein folding support system.

To understand this protein quality control mechanism, my research group has pioneered the discovery of a new compartment within the endoplasmic reticulum, the protein quality control granule. This discovery demonstrates the compartmentalization of the endoplasmic reticulum. Further research into these compartments within the endoplasmic reticulum is desired. Although we aim to have our research published in leading international journals, our primary goal is to educate students develop themselves by enjoying science purely and enabling them to play an active role in academia and society.

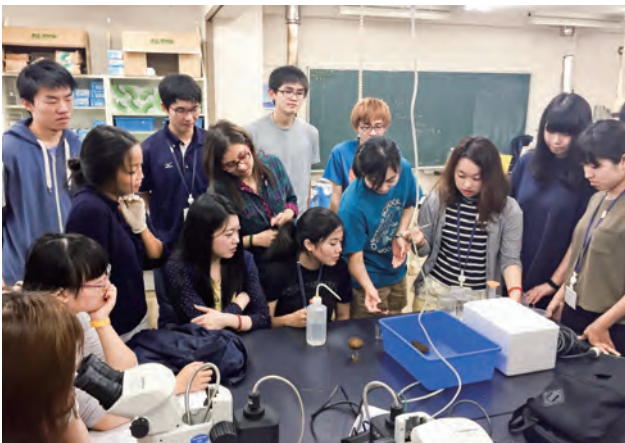
附属浅虫海洋生物学教育研究センター

浅虫海洋生物学教育研究センターは、仙台メインキャンパスから北へ約400キロ離れた青森市随一の温泉地である浅虫に立地する。前身の理学部附属浅虫臨海実験所は、海洋生物相の豊富なこの地に、大正13年(1924年)、東北帝国大学理学部の附属施設として設置され、以降100年を超えて、独自の研究を推進し、かつ国内・世界各地からの研究者や学生を受け入れ、海洋生物学の研究と教育に貢献してきている。

現在センターでは、発生生物学と海洋生態学の2つのユニットに分かれて研究を行っており、発生生物学ユニットは、胚発生、形態形成の各過程について、分子レベル・細胞レベルの解析に加え、これら過程の進化機構の解明を目指した研究を行っている。一方、海洋生態学ユニットでは、海洋ベントスの多様性の決定機構や攪乱・環境変動への適応の過程などを明らかにしようとしている。現在、教授2(1は兼任)、准教授1、助教3の専任スタッフが、各専門分野での研究活

動を精力的に行っている。

当センターは、暖流・寒流および北方内湾の豊かな生物環境にあり多様な生物が生息し、宿泊施設を含めた施設が充実していることもあり、2011年度より文部科学省の教育関係共同利用拠点施設に認定されている。以来専任スタッフが海洋生物学教育の推進を図っている。毎年、本学理学部実習、全国公開臨海実習、他大学実習、国際臨海実習、日本人学生・留学生共修臨海実習、小中高生対象の実習を開催している他、国内外の研究施設から卒業論文、修士・博士論文作成の学生・院生の利用を広く受け入れている。センター利用者は、コロナ以降順調に回復しており、研究者・学生を合わせて年間延べ約2,000名に至る。また、他大学・研究所の研究・教育施設、高等学校の研究・教育のために生物材料の供給もしており、その量・種類は我が国随一である。



Asamushi Research Center for Marine Biology

In 1924, the Asamushi Center was established as an extension facility of the Tohoku Imperial University's Biological Institute, in order to contribute to basic marine biology research and provide marine biology courses for students. It was established in the Asamushi hot spring resort, an area along Mutsu bay in the northern end of Japan's main island. This location was chosen by the founder, Prof. Hatai, from amongst several other candidates, as it was the richest place for marine life in the Tohoku area. With the benefit of such a location, many local marine invertebrate species (e.g., Hydrozoa, Brachiopoda, Mollusca, Echinodermata, Hemichordata, and Urochordata) have been used over the years for research and education. The center itself has experienced several changes since its establishment, including a large-scale renovation (1986–1987) of the research building, the dormitory, and the boathouse, as well as a renaming of the facility, with the latest renaming occurring in 2011 following its qualification by the Ministry of Education as a Joint Usage/Education Center. Through the years, reflecting Prof.

Hatai's and others' ambitions, intentions and desires, the center has accomplished numerous research achievements, welcomed a countless number of international and domestic researchers, and provided marine biology courses for students, from Tohoku University and other places (mainly from the Tohoku area). The Asamushi Center's current research projects can be mainly grouped into two areas: developmental biology and behavioral ecology. In the developmental biology unit, we are interested in understanding molecular and cellular mechanisms, as well as evolutionary aspects, of early development (e.g., embryogenesis, morphogenesis) of marine invertebrates). The ecology unit utilizes ecological studies to elucidate the process of determining the diversities and adaptation to environmental changes or disturbances of marine benthic organisms. Our strong belief is, and always has been, that the key to unraveling the mystery of life phenomenon and evolution lies in the sea, where life began, through the study of marine animals.

東北大学包括的脳科学研究・教育推進センター

東北大学は沢山の脳科学研究者を擁しております。研究の特徴は多彩で豊富な研究内容であり、いわゆる理系とか文系とかいう垣根を越えた広い視野から、多様な研究手法を使って脳のはたらきとその仕組みを探求しております。国際的に極めて高い評価の研究が行われ、その研究成果を世界に向けて発信し続けております。本学の脳研究のもう1つの特色は、各研究科・研究所で展開される基礎と応用研究は、大学病院における臨床研究とも連携して最先端研究を進めることが可能なことです。この総合大学の利点を活かして重層的、かつ機動的な研究展開が行われております。

東北大学包括的脳科学研究・教育推進センターはかかる特色を持つ東北大学の脳科学研究と人材育成を包括的に推進する組織として、2010年12月に大学院生命科学研究科内に設立されました。本センターは、医学・生命科学領域中心の脳科学研究者組織を、文学、理学、工学、農学、薬学研究科などに所属する研究者までもが集う全学規模のコミュニティに発展させたものであり、様々な学問の統合科学として進化しつつある新しい脳科学の研究と教育の実践を支援する組織です。

当センターの活動目的は以下の3点に要約されます。

- 1) 学部学生から大学院学生まで一貫して脳科学の知識を包括的に提供し、世界レベルで活躍できる人材の育成を図り、研究社会や一般社会に送り出すこと。
- 2) 優れた研究者の集う本学のポテンシャルを十分発揮するため、研究科の枠を取り払っ

- た共同研究を推進し、同時に国際共同研究を推進すること。
- 3) 得られた先端研究の成果を、地域はもちろん、広く国内・外に発信し、社会に還元すること。

このようなセンターの取り組みを通して我が国全体の脳科学の発展にも大いに貢献することを目指しております。



Comprehensive Center for Brain Science Research and Education, Tohoku University

Tohoku University boasts of many brain science researchers who carry out excellent research activities in a wide variety of subjects. Research in these areas is conducted with diverse perspectives that go beyond the traditional walls of "science" and the "humanities" and use a wide range of research methods to understand the working and mechanisms of the brain. The results of this high level of international research are continually being disseminated globally. The Comprehensive Center for Brain Science Research and Education was established in December 2010 to promote the development of human resources and brain science research at Tohoku University by providing a stable educational structure and encouraging the pursuit of research by researchers, undergraduate and graduate students, and faculty members from a variety of schools and graduate schools within the university. The Center was established by an organization of brain science researchers, mainly from the medicine and life science fields. The Center has become a university-wide community of researchers of different fields, including the humanities, the sciences, engineering, agriculture, and the pharmaceutical sciences.

Activities at the Center aim to accomplish the following three major objectives:

1. Consistently provide comprehensive knowledge of brain science to undergraduate and graduate students, promote the development of human resources, and send researchers and individuals capable of succeeding in the global arena into the research community and into society.
2. Fully maximize the potential of the university, which is host to many excellent researchers, and promote joint interdisciplinary research beyond departmental boundaries within the university as well as international collaborations with researchers outside the university.
3. Disseminate the results of advanced research to the community, as well as throughout Japan and abroad, and benefit society with the Center's achievements.

Through these initiatives, we strive to make significant contributions to the development of brain science in Japan.

バイオインダストリー人材育成プログラム

Bioindustry Human Resources Development Program

－最先端基礎生命科学を基盤とし、産業界等で活躍できる人材の育成－

地球温暖化、環境破壊による生物多様性の喪失、急速な少子高齢化など、人類がこれまでに経験したことのない地球規模の課題が差し迫っており、その対策が求められています。また、産業界で活躍する理工系人材の戦略的育成や、イノベーションを創出する人材の育成が求められています。

平成30年4月、より最新の生命科学や現代社会の要請に応えられるよう研究科が改組され、それに伴い新しい人材育成プログラム(図)が始まりました。バイオインダストリー人材育成プログラムはその中の取り組みの一つであり、上記の社会的要請に応えられるよう以下の人材の育成を目的としています。

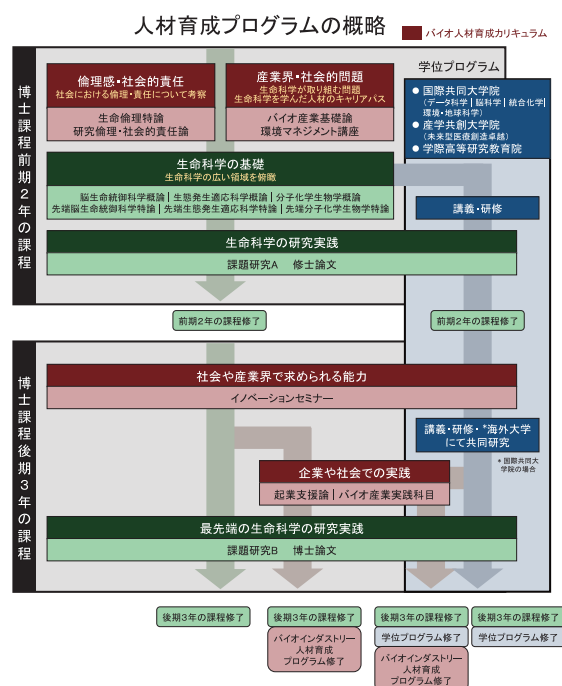
・生命科学の広い領域を俯瞰でき、高度な専門性および研究遂行能力を有するのみならず、国際的な視野とコミュニケーション能力を有し、従来の生命倫理、情報倫理、環境倫理に加えて、新たに社会的責任についても深く理解した人材。

・大学などの教育機関や公的研究機関だけではなく、国内外のバイオ産業界で活躍できる、あるいは自然や生命を活用した持続的な自然共生社会の構築において実践的に指導的立場で国際的に活躍できる博士バイオ人材。

この目的のため、従来の生命科学の基礎・専門知識および研究遂行能力を取得する科目に加えて、専攻横断的な「バイオ人材育成カリキュラム」を設けました。博士課程前期2年の課程では、「生命倫理特論」、「研究倫理・社会的責任論」、「バイオ産業基礎論」、「環境マネジメント講座」を必ず履修し、各倫理や責任論、バイオ産業界の動向、および地球環境問題や持続可能な社会について学びます。博士後期課程では、「イノベーションセミナー(演習)」を必ず履修し、社会や産業界で活躍するために必要な考え方やマインドについて議論します。さらに「起業支援論」にて起業について学び、「バイオ産

業実践科目」にてインターンシップを通して国内外の企業などで企業活動を実践します。本カリキュラム全単位を修得し博士号を取得される方には、オープンバッジ(国際標準規格のデジタル認証)が授与されます。

また、キャリア支援室を設置し、修了後の進路を支援しています。キャリアガイドの発行や、キャリア相談員によるセミナーや面談を通じ、企業を含め、大学や公的研究機関、公務員など様々な進路へのアドバイスを行っています。



- Fostering human resources that can be active in industries based on the state-of-the-art of basic life sciences

We are faced with never experienced issues such as global warming, loss of biodiversity due to environmental destruction, and rapid decline of birthrate and aging, which require countermeasures. There is also a need for people involved in the strategic development of science and engineering in the industry, and development of human resources that help create innovation. In April 2018, the Graduate School of Life Sciences was reorganized to meet the latest trends in life sciences and the demands of modern society. Besides, a new human resources development program (Figure) was also started. The Bioindustry Human Resources Development Program, one of the endeavors among them, is aimed at nurturing the following values to meet the above social demands:

- Apart from having a high level of expertise and ability to conduct research, students should also have an international perspective, strong communication skills, a sense of bioethics, information ethics, environmental ethics, and social responsibility.
- High-quality PhDs who can actively participate not only in educational institutions such as universities and public research institutes but also in the bioindustry, including overseas. High-quality PhDs who can be active internationally in a leadership-oriented position will be responsible for constructing a sustainable

natural symbiosis society utilizing nature and life. Therefore, we have set up a "Bioscience Human Resource Development Curriculum" in addition to subjects, to acquire the fundamental and expertise of life science and the ability to conduct research. In the master's course, all graduate students must take the "Bioethics theory," "Research ethics / social responsibility theory," "Basic theory of bioindustry," and "Environmental management course". In the doctoral course, all graduate students must take "Innovation seminar (exercise)" and discuss the concepts and minds necessary for action in the society and industry. Students learn about entrepreneurship in "Entrepreneurial support" and practice corporate activities at domestic and/or overseas companies through an internship at "Bioindustry practical subjects." Those who complete all credits of this curriculum and receive a doctoral degree will be awarded an Open Badge (a digital certification of international standards). We also have set up a career support room to support the course after graduation. Through the issuance of a guide and through seminars and interviews by career counselors, we advise on various routes including universities, public research institutes, civil servants, and companies.

東北大学・海洋研究開発機構

変動海洋エコシステム高等研究所 (WPI-AIMEC)

エイメック



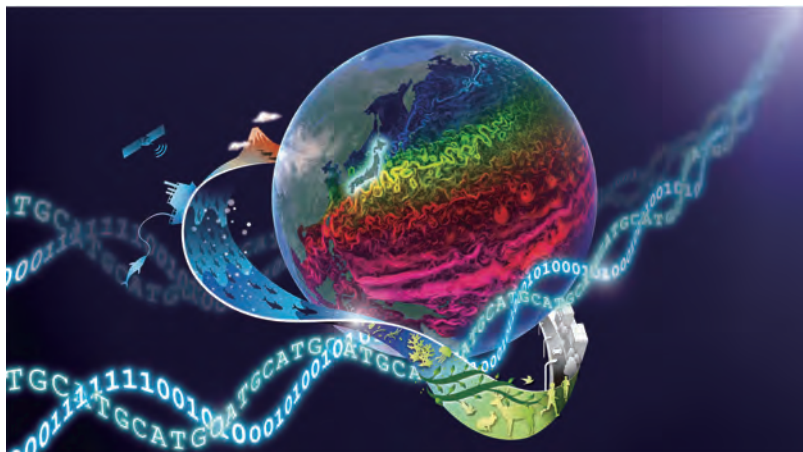
文部科学省・世界トップレベル研究拠点プログラム(WPI)として、2024年1月に東北大学と海洋研究開発機構(JAMSTEC)は「変動海洋エコシステム高等研究所(WPI-Advanced Institute for Marine Ecosystem Change : WPI-AIMEC)」を共同で設立しました。

近年の地球温暖化によって、地球表面の約7割を占める海洋の環境は急激に変化しています。WPI-AIMECは物理学・生態学・数理科学を融合させ、海洋生態系の変動メカニズムの解明と将来予測の実現を目指します。それにより新たな学術領域「海洋・生態系変動システムティクス(OECS)」を創成し、社会と協働しながら持続可能な海

洋の未来へ貢献していきます。

また、東北大学の研究教育と海洋研究開発機構の海洋研究機能を組み合わせるとともに、ハワイ大学など海外拠点との連携や国際教育プログラムの適用を行うことで、世界で活躍する人材を育成します。

本研究科からは近藤倫生教授がWPI-AIMEC 生態複合研究ユニットのユニットリーダーとして、KASS Jamie M. 准教授、田邊晶史助教が同ユニットのWPI-AIMEC 研究員として、また熊野岳教授が海洋生物統合研究ユニットのWPI-AIMEC 研究員として参加しています。



共創の場形成支援プログラム

ネイチャーポジティブ発展社会実現拠点



自然と生物多様性は、人間活動により危機に直面しています。今私たちは、自然の劣化を伴う持続不可能な社会から、自然を回復させて発展する持続可能社会へ大きく舵を切る必要に迫られています。”2020年を基準として、2030年までに自然の喪失を回復基調に逆転させ、2050年までに完全な回復を達成する”という世界的な社会目標であるネイチャーポジティブの達成は、持続可能な社会への道筋を示しています。

私たちの拠点では、誰もが生物多様性の価値を認め、自然の恩恵を持続的に享受し、そして自然と社会が共に発展するための行動を誇りを持って選択できる自然調和社会、すなわちネイチャーポジティブ発展社会の実現を目指しています。そのためには、自然の状態を把握できるインフラ作りや生物多様性課題を解決するためのネイチャーポジティブな産業の成長を促進し、あらゆる地域で人々や企業がネイチャーポジティブな行動を選択できるような環境を作っていくことが重要です。拠点では、「自然の価値を見える化し持続的に高める」「ネイチャーポジティブに向けてお金が流れる仕組みを作る」「ネイチャーポジティブ発展社会を支える人を育てる」という3つのターゲットを掲げ、産官学で連携しながら研究開発に取り組んでいます。

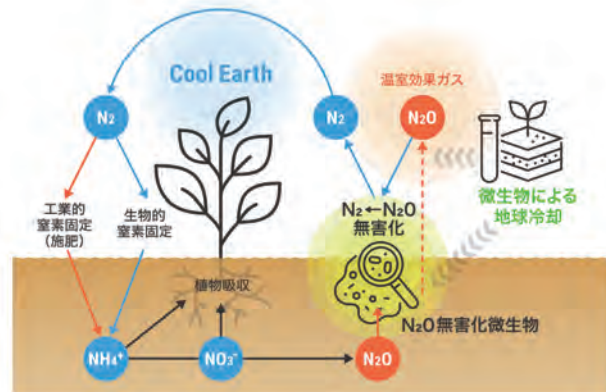


ムーンショット型研究開発事業

資源循環の最適化による農地由来の温室効果ガスの排出削減



農地から放出される一酸化二窒素 (N_2O) は、 CO_2 の約300倍の温室効果がある地球温暖化の原因物質の一つです。また、オゾン層を破壊する性質もあるため、皮膚がんなどの健康被害の増加も懸念されています。これまでに私たちは、 N_2O 還元活性を持つ根粒菌などの微生物が土壌からの N_2O を削減できることを明らかにしてきました。本プロジェクトでは、ムーンショット目標4地球温暖化問題と地球環境汚染の解決への貢献を目指し、 N_2O に係る窒素循環技術を確立・実証することを目標に研究を推進しています。さらに、市民科学プロジェクト「地球冷却微生物を探せ」を通じ、社会との共創を目指しています。



ムーンショット型研究開発事業

多様なところを脳と身体性機能に基づいてつなぐ「自在ホンヤク機」の開発



近年、こころに起因する社会問題への注目が高まっています。本プロジェクトでは神経科学・分子生命科学と、バーチャルリアリティ・ロボット工学の分野を融合し、こころとからだの連関のしくみを解明し、それらを定量化する技術を研究する「自分のこころをマネジメントするための技術」とバーチャルリアリティやロボットの技術を駆使した知覚・認知や運動機能への介入法を研究し「他者との円滑なコミュニケーションを支援する技術」を開発し、これらの成果を融合してコミュニケーションを支援する「自在ホンヤク機」の開発を行います。ムーンショット目標9「2050年までに、こころの安らぎや活力を増大することで、精神的に豊かで躍動的な社会を実現」の達成を目指して研究を行っています。



日本学術振興会科研費特別推進研究

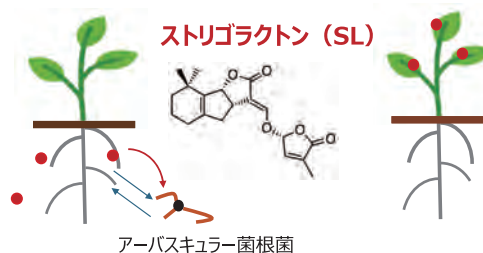
植物の成長と共生を制御するストリゴラクトンの二面的機能：その起源と進化



ストリゴラクトン (SL) は、植物の根から分泌されて土壌中でアーバスキュラー菌根菌との共生を促進する種間シグナル物質です。この共生は植物の陸上進出を可能とし、その後の植物の繁栄を支えてきました。種子植物ではSLは成長を調節する植物ホルモンとしても働きます。種間シグナル物質であり植物ホルモンであるというSLの二面的機能は、植物の栄養環境に合わせた成長の調節に重要です。本研究は、SLの二面的機能の成立を、その起源までさかのぼり、鍵となる過程を分子レベルで理解することを目的とします。これにより、植物と微生物が作り上げた、環境に適応した植物の旺盛な増殖の仕組みの起源と進化を理解し、地球が緑の惑星となりえた理由の一端を明らかにできると考えています。

種間シグナル物質
根圏で共生を促進

植物ホルモン
植物内で成長を調節



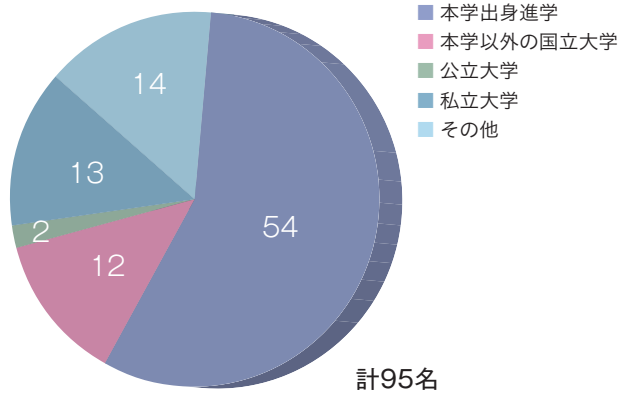
アーバスキュラー菌根菌

ストリゴラクトンの二面的機能

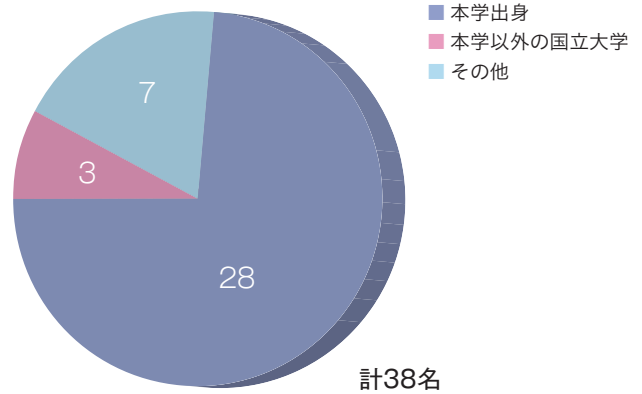
資料

入学者・進学者数 [2025年度]

博士課程前期2年の課程

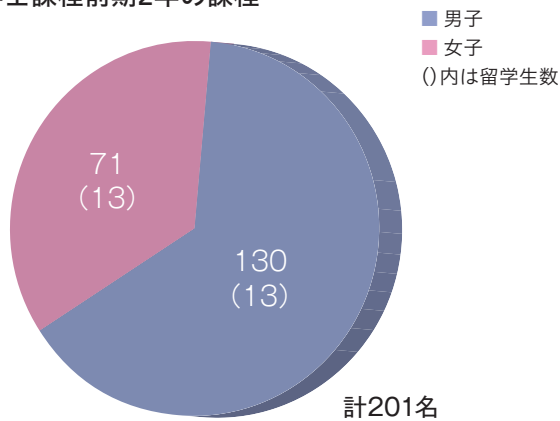


博士課程後期3年の課程

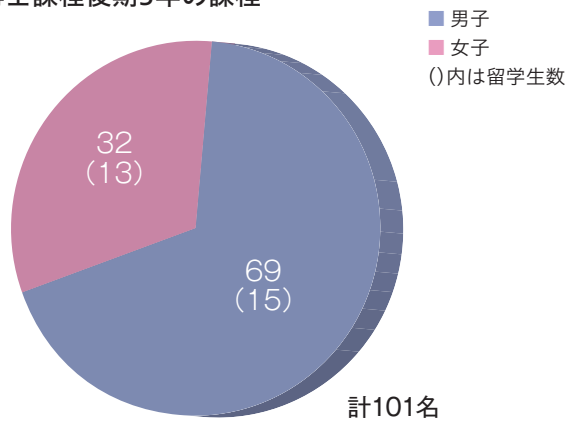


在学生男女別人数 [2025年12月1日現在]

博士課程前期2年の課程

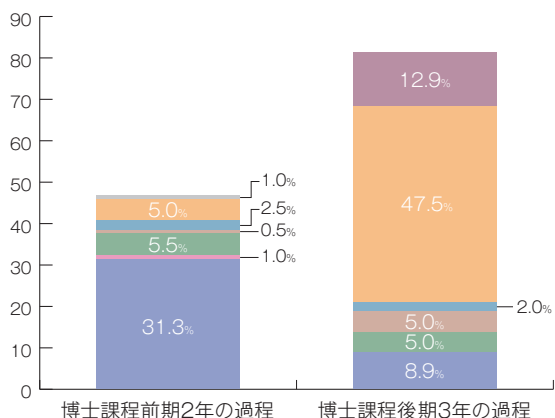


博士課程後期3年の課程



奨学生等支援学生の採用状況 [2025年2月1日現在]

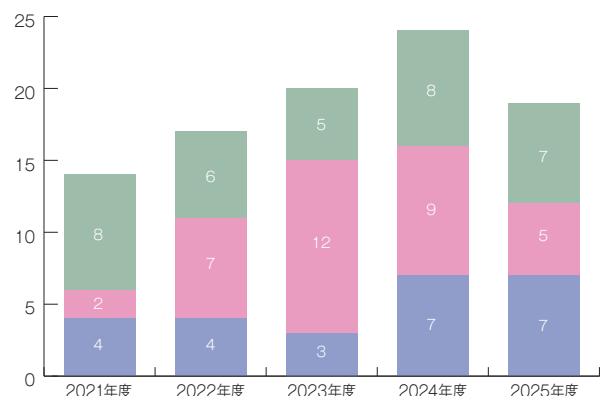
- 日本学生支援機構(第一種)
- 日本学生支援機構(第二種)
- その他の奨学生(日本人)
- 国費外国人留学生
- その他の奨学生(私費外国人留学生)
- プログラム生等(日本人)
- プログラム生等(外国人留学生)



日本学術振興会特別研究員の受入状況 [2025年度]

[2025年度]

- PD(RPD含む)
- DC2
- DC1



2024年度修了者の進路状況 [2025年5月現在]

博士課程前期2年の課程

※ 数字は人数

進学 34		就職 54						その他 3	計 91
本学大学院 31		他学大学院 3	民間企業 51					教育機関 2 公的研究機関 1	
業 種	製造業 19		情報通信・ IT 8	金融業 7	専門・技術 サービス業 9	その他 8	高校 2 学術機関 1		
	食品 4	製薬・化学 11						その他 4	

博士課程後期3年の課程

※ 数字は人数

就職 19				その他 3	計 22
民間企業 8			大学・公的研究機関 11		
			ポストドク 7	学振特別研究員 3	研究員 1
業 種	製造業 5		金融業 1	専門・技術 サービス業 2	
	食品 1	製薬・化学 4			

キャンパス分布図 [国内]

Campus map [Internal]



生物棟 (青葉山)
Biology Building (Aobayama Campus)



生命科学研究所
プロジェクト総合研究棟 (片平)
Life Sciences Project Research Laboratory
(Katahira Campus)



附属浅虫海洋生物学教育研究センター
Asamushi Research Center for Marine Biology



かずさDNA研究所 (連携講座)
Kazusa DNA Research Institute



総合地球環境学研究所 (連携講座)
Research Institute for Humanity and Nature

キャンパス分布図 [仙台市内]

Campus distribution map [Sendai city]



片平キャンパス

所在地: 仙台市青葉区片平

Katahira Campus



青葉山キャンパス

所在地: 仙台市青葉区荒巻字青葉

Aobayama Campus



星陵キャンパス

所在地: 仙台市青葉区星陵町

Seiry Campus

加齢医学研究所実験研究棟
 Institute of Development, Aging and Cancer,
 Center for Basic Aging Research

- 腫瘍生物学 7F 千葉(奈)
 Cancer Biology
- 免疫生物学 1F 小笠原
 Immunobiology
- RNA生理学 5F 魏
 RNA Physiology

**加齢医学研究所
 先進フロンティア研究棟**
 Institute of Development, Aging and Cancer,
 Laboratory for Advanced Frontiers Research

- 分子腫瘍学 1F 田中(耕)
 Molecular Oncology



医学部1号館
 School of Medicine Building 1

- レドックス制御 3F 本橋
 Redox Biology
- システム神経生理学 6F 高橋(真)
 Systems Neurophysiology

医学部5号館
 School of Medicine Building 5

- 神経解剖学 9F 大和田
 Neuroanatomy

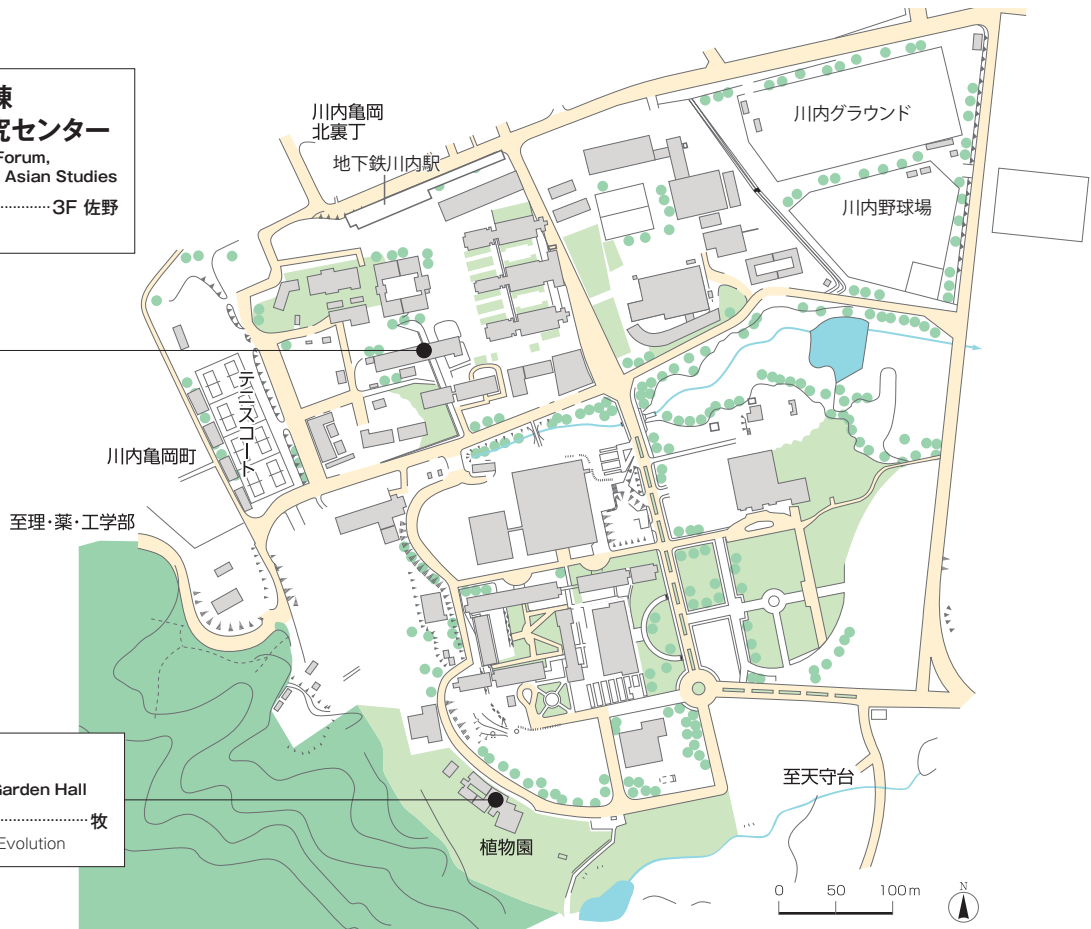


川内キャンパス

所在地: 仙台市青葉区川内

Kawauchi Campus

**川北合同研究棟
東北アジア研究センター**
Kawakita Research Forum,
Center for Northeast Asian Studies
● 人類進化分野 3F 佐野
Human Evolution



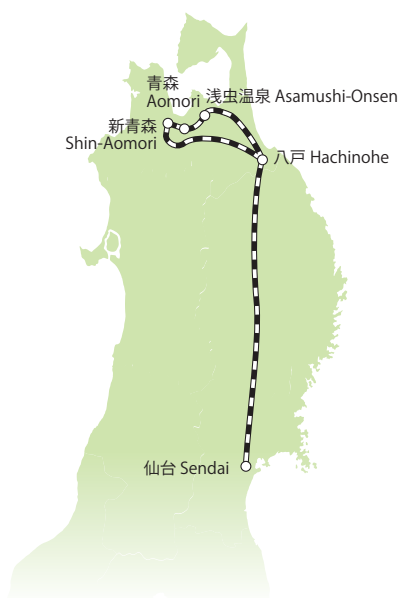
植物園本館
Botanical Gardens, Garden Hall
● 植物進化多様性 牧
Plant Diversity and Evolution

附属浅虫海洋生物学教育研究センター

所在地: 青森市浅虫坂本9番地

Asamushi Research Center for Marine Biology

TEL 017-752-3388 <http://www.biology.tohoku.ac.jp/lab-www/asamushi/>



教育研究棟
Education Research Building
● 海洋生物多様性 熊野
Marine Biodiversity



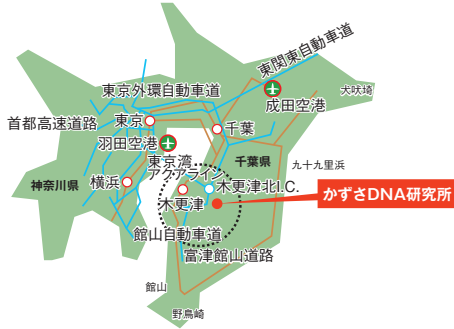
かずさDNA研究所(連携講座)

所在地: 千葉県木更津市かずさ鎌足2-6-7

Kazusa DNA Research Institute

TEL 0438-52-3900 <http://www.kazusa.or.jp/>

[関東広域地図]



[周辺地図]



[木更津近郊図]



総合地球環境学研究所(連携講座)

所在地: 京都市北区上賀茂本山457番地4

Research Institute for Humanity and Nature

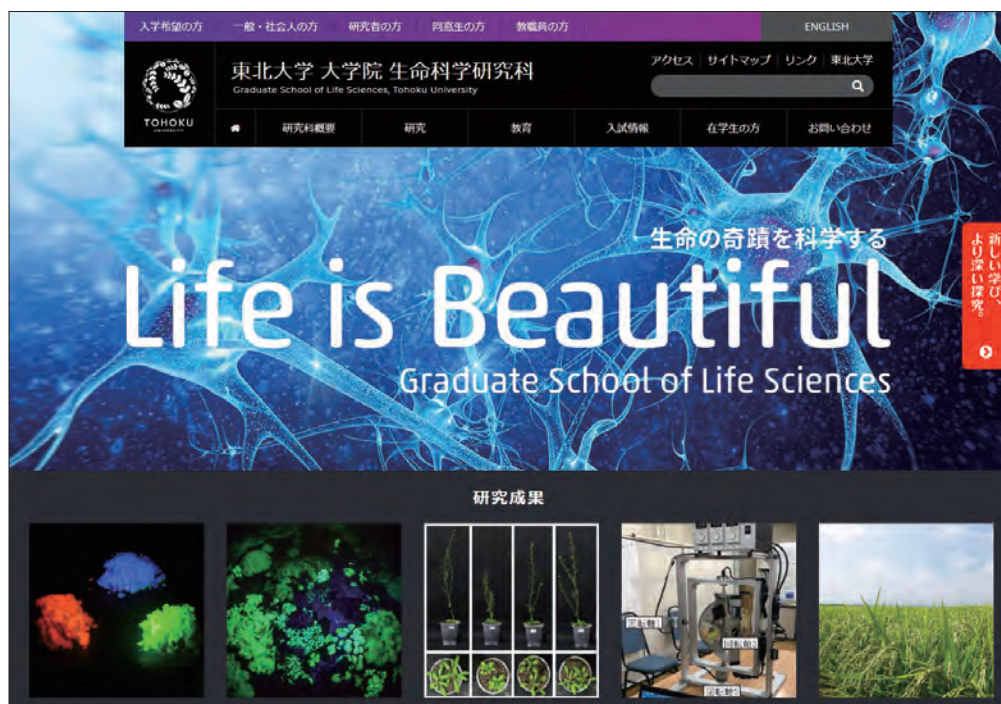
TEL 075-707-2100(代) <http://www.chikyu.ac.jp>

[周辺地図]



ウェブサイト

東北大学大学院生命科学研究科では、ウェブサイトにて情報を発信しております。研究分野や入試の情報等、随時更新し、生命科学研究科の概要をまとめた動画も掲載しております。ぜひご覧ください。



<https://www.lifesci.tohoku.ac.jp/>



東北大学 大学院生命科学研究科

〒 980-8577 仙台市青葉区片平 2-1-1
TEL : 022-217-5702
FAX : 022-217-5704
URL : www.lifesci.tohoku.ac.jp/

