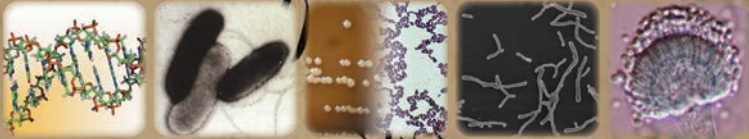


National BioResource Project (NBRP)

ナショナルバイオリソースプロジェクト



THE
SPECIES
SELECTION
LIFE
CHARLES DARWIN
STRUGGLE

THE ORIGIN OF SPECIES

BY MEANS OF NATURAL SELECTION

PRESENTATION OF PAPERES READING BEFORE THE LONDON SOCIETY

1842

BY CHARLES DARWIN

LIBRARY OF THE
MUSEUM OF NATURAL HISTORY



はじめに



バイオリソースは、研究用材料としての動物・植物・微生物の系統・集団・組織・細胞・遺伝子材料等及びそれらの情報であり、ライフサイエンス分野の研究の発展のために必須の研究基盤です。ライフサイエンス研究においては、バイオリソースを研究者間で共有することが重要です。バイオリソースは長年の研究から産み出されたものであり、それをもとにして次の新たな研究が産まれます。また共通の材料を使うことは、研究結果の比較のためにも必須だからです。我が国のライフサイエンス研究の国際的優位性を確保するとともに、研究の効果的・効率的な推進を図るためには、国は長期的な視点から、研究基盤の整備を行う必要があります。

文部科学省では、科学技術基本計画を受け、ライフサイエンスの総合的な推進を図る観点から、実験動植物や微生物等のバイオリソースのうち、国が戦略的に整備することが重要なものについて、体系的な収集・保存・提供等の体制整備を行う「ナショナルバイオリソースプロジェクト（NBRP）」を平成14年度から実施してまいりました。5年ごとの内容見直しを行い、本年度より第4期が開始され、30のバイオリソースの整備事業及びそれらに関する情報の中核拠点の整備が進められています。すでに多くのバイオリソースは世界最高水準に達していますが、加えて、ゲノム解析等による付加価値向上や保存技術等の開発を実施し、一層の質の向上を図っております。

バイオリソースの重要性は、平成26年に閣議決定された「健康・医療戦略」に基づく「医療分野研究開発推進計画」にも位置付けられ、NBRPの運営は平成27年度より、国立研究開発法人日本医療研究開発機構（AMED）に移管されました。現在、プログラムスーパーバイザー（PS）とプログラムオフィサー（PO）が中心となり、推進委員会の議論も受け、ライフサイエンス研究の動向を踏まえながら、本プロジェクトの活動が国内外の研究コミュニティにとって一層欠くべからざる知的基盤となるよう、活動を進めております。

本プロジェクトは一度途絶えると二度と復元できない生き物を対象としておりますが、このことは東日本大震災において改めて強く認識させられました。この点をご理解いただき、本プロジェクトへのご支援を賜りますようお願いいたします。

2017年4月

ナショナルバイオリソースプロジェクト
プログラムスーパーバイザー 小原 雄 治
(大学共同利用機関法人 情報システム研究機構)
(ライフサイエンス統合データベースセンター センター長)

● ナショナルバイオリソースプロジェクト実施機関一覧 ●

中核的拠点整備プログラム

生物種等	*	課題管理者	実施機関	頁番号
実験動物マウス	○	吉木 淳	理化学研究所バイオリソースセンター実験動物開発室	1
ラット	○	浅野 雅秀	京都大学大学院医学研究科附属動物実験施設	2
		真下 知士	大阪大学大学院医学系研究科附属動物実験施設	
	B	吉木 淳	理化学研究所バイオリソースセンター実験動物開発室	
ニホンザル	○	中村 克樹	京都大学霊長類研究所	3
		南部 篤	自然科学研究機構生理学研究所	
ニワトリ・ウズラ	○	松田 洋一	名古屋大学大学院生命農学研究科附属鳥類バイオサイエンス研究センター	4
ネッタイツメガエル	○	荻野 肇	広島大学両生類研究センター	5
ゼブラフィッシュ	○	岡本 仁	理化学研究所脳科学総合研究センター	6
		川上 浩一	情報・システム研究機構国立遺伝学研究所生物遺伝資源センター	
		東島 眞一	自然科学研究機構岡崎統合バイオサイエンスセンター	
	B	成瀬 清	自然科学研究機構基礎生物学研究所	
メダカ	○	成瀬 清	自然科学研究機構基礎生物学研究所	7
		酒泉 満	新潟大学理学部	
		松田 勝	宇都宮大学バイオサイエンス教育研究センター	
	B	岡本 仁	理化学研究所脳科学総合研究センター	
カタコウレイボヤ		明石 良	宮崎大学農学部	8
	○	笹倉 靖徳	筑波大学下田臨海実験センター	
		佐藤 ゆたか	京都大学大学院理学研究科	
ショウジョウバエ		吉田 学	東京大学大学院理学系研究科附属三崎臨海実験所	9
	○	上田 龍	情報・システム研究機構国立遺伝学研究所生物遺伝資源センター	
		高野 敏行	京都工芸繊維大学ショウジョウバエ遺伝資源センター	
		和多田 正義	愛媛大学大学院理工学研究科	
		粟崎 健	杏林大学医学部	
カイコ	○	伴野 豊	九州大学大学院農学研究院附属遺伝子資源開発研究センター	10
		嶋田 透	東京大学大学院農学生命科学研究科	
		梶浦 善太	信州大学繊維学部	
線虫	○	三谷 昌平	東京女子医科大学医学部	11
シロイヌナズナ	○	小林 正智	理化学研究所バイオリソースセンター実験植物開発室	12
イネ	○	佐藤 豊	情報・システム研究機構国立遺伝学研究所系統生物研究センター	13
		熊丸 敏博	九州大学大学院農学研究院附属遺伝子資源開発研究センター	
コムギ	○	那須田 周平	京都大学大学院農学研究科	14
オオムギ	○	佐藤 和広	岡山大学資源植物科学研究所	15
ミヤコグサ・ダイズ	○	明石 良	宮崎大学農学部	16
		佐藤 修正	東北大学大学院生命科学研究所	
トマト	○	江面 浩	筑波大学つくば機能植物イノベーション研究センター	17
		青木 考	大阪府立大学生命環境科学研究科	
		矢野 健太郎	明治大学農学部	
広義キク属	○	草場 信	広島大学大学院理学研究科附属植物遺伝子保管実験施設	18

● ナショナルバイオリソースプロジェクト実施機関一覧 ●

中核的拠点整備プログラム

生物種等	*	課題管理者	実施機関	頁番号
アサガオ	○	仁田坂 英二 星野 敦	九州大学大学院理学研究院 自然科学研究機構基礎生物学研究所	19
藻類	○	河地 正伸 川井 浩史 B 小亀 一弘	国立環境研究所生物・生態系環境研究センター 神戸大学自然科学系先端融合研究環内海域環境教育研究センター 北海道大学大学院理学研究院	20
ソウリムシ	○	藤島 政博	山口大学大学院創成科学研究科	21
細胞性粘菌	○	上村 陽一郎 桑山 秀一	理化学研究所生命システム研究センター 筑波大学生命環境系	22
酵母	○	中村 太郎 杉山 峰崇 B 北村 憲司	大阪市立大学大学院理学研究科 大阪大学大学院工学研究科 広島大学自然科学研究支援開発センター	23
原核生物（大腸菌・枯草菌）	○	仁木 宏典 B 片山 勉	情報・システム研究機構国立遺伝学研究所生物遺伝資源センター 九州大学大学院薬学研究院	24
一般微生物	○	大熊 盛也	理化学研究所バイオリソースセンター微生物材料開発室	25
病原真核微生物	○	矢口 貴志 平山 謙二	千葉大学真菌医学研究センター 長崎大学熱帯医学研究所	26
病原細菌	○	田中 香お里 飯田 哲也 富田 治芳	岐阜大学研究推進・社会連携機構微生物遺伝資源保存センター 大阪大学微生物病研究所 群馬大学大学院医学系研究科付属薬剤耐性菌実験施設	27
研究用ヒト臍帯血細胞	○	長村 登紀子 中村 幸夫	東京大学医科学研究所附属病院セルプロセスニング・輸血部 理化学研究所バイオリソースセンター細胞材料開発室	28
ヒト・動物細胞	○	中村 幸夫	理化学研究所バイオリソースセンター細胞材料開発室	29
遺伝子材料	○	村田 武英	理化学研究所バイオリソースセンター遺伝子材料開発室	30

* ○：代表機関、無印：分担機関。バイオリソースのバックアップは代表機関と分担機関で行いますが、特にバックアップのみを担当する分担機関の場合にBと表示しました。

情報センター整備プログラム

生物種等	代表機関	課題管理者	実施機関	頁番号
情報	○	川本 祥子 松沢 哲郎 伊藤 元己 細矢 剛	情報・システム研究機構国立遺伝学研究所生物遺伝資源センター 京都大学霊長類研究所 東京大学大学院総合文化研究科 国立科学博物館	31

ナショナルバイオリソースプロジェクト実施機関一覧

ゲノム情報等整備プログラム

生物種等	課題管理者	実施機関	課題	実施期間	頁番号
実験動物マウス	高田 豊行	情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 系統生物研究センター	日本産愛玩由来JF1/Ms系統の高精細ゲノム情報整備	2017年度	32
コムギ	那須田周平	京都大学大学院 農学研究科	日本産コムギ標準品種のゲノム解析によるコムギ多様性情報の整備	2017年度	32
実験動物マウス	高田 豊行	情報・システム研究機構国立遺伝学研究所	1分子リアルタイムDNAシーケンサーによるMSM/Ms系統のリシーケンスと公開	2016年度	—
ラット	須山 幹太	九州大学生体防御医学研究所	代表的なラット系統の全ゲノムリシーケンスとSNPタイピングキットの開発	2016年度	—
カイコ	嶋田 透	東京大学大学院農学生命科学研究科	起源を異にするカイコ近交系のゲノムリシーケンス (2)	2016年度	—
藻類	広瀬 侑	豊橋技術科学大学環境生命工学系	NIESコレクションのシアノバクテリアのゲノム情報整備	2016年度	—
実験動物マウス	権藤 洋一	理化学研究所バイオリソースセンター新規 変異マウス研究開発チーム	1分子長鎖再解読に基づく標準マウスゲノム配列および構造決定と公開	2015年度	—
ラット	須山 幹太	九州大学生体防御医学研究所	ラット20系統のターゲットキャプチャによるゲノムリシーケンス	2015年度	—
ショウジョウバエ	近藤 周	情報・システム研究機構系統生物研究センター	多様な特性を持つショウジョウバエ種のゲノム配列 (2)	2015年度	—
カイコ	嶋田 透	東京大学大学院農学生命科学研究科	起源を異にするカイコ近交系のゲノムリシーケンス	2015年度	—
ミヤコグサ	佐藤 修正	東北大学大学院 生命科学研究所ゲノム継承システム分野	ミヤコグサリソースの活用に向けたGifu系統の高精度ゲノム情報整備	2015年度	—
病原微生物	矢口 貴志	千葉大学真菌医学研究センター	<i>Aspergillus fumigatus</i> 関連種におけるゲノム情報整備	2015年度	—
イネ	倉田 のり	情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 生物遺伝資源センター	野生イネリソースのゲノム多様性情報の整備	2014年度	—
一般微生物	大熊 盛也	理化学研究所バイオリソースセンター微生物材料開発室	NBRP一般微生物の多様な真核微生物のゲノム情報整備	2014年度	—
ミヤコグサ	佐藤 修正	東北大学大学院 生命科学研究所	ミヤコグサゲノム情報高度化に向けた収集リソースのリシーケンス	2014年度	—
ショウジョウバエ	近藤 周	情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 生物遺伝資源センター	多様な特性を持つショウジョウバエ種のゲノム配列	2014年度	—
一般微生物	大熊 盛也	理化学研究所バイオリソースセンター微生物材料開発室	環境と健康の研究に資する一般微生物のゲノム情報の整備	2012年度	—
病原微生物	江崎 孝行	岐阜大学大学院医学系研究科	NBRPに登録された300菌種の日和見病原体ゲノム解析	2012年度	—
ラット	芹川 忠夫	京都大学大学院医学研究科付属動物実験施設	F344ラットの全ゲノムシーケンス解析	2011年度	—
カタコウレイボヤ	稲葉 一男	筑波大学下田臨海実験センター	カタコウレイボヤゲノム情報の整備とリソースの高度化	2011年度	—
実験動物マウス	吉木 淳	理化学研究所バイオリソースセンター実験動物開発室	マウス C57BL/6N 亜系統のBACエンドシーケンスの完成	2010年度	—
トマト	青木 考	かずさディー・エヌ・エー研究所	マイクロームゲノム配列解読	2010年度	—
ニホンザル	伊佐 正	自然科学研究機構生理学研究所	ニホンザルゲノム解析	2010年度	—
メダカ	成瀬 清	自然科学研究機構基礎生物学研究所	メダカ近交系リシーケンスによるゲノム多型情報の整備	2010年度	—
実験動物マウス	吉木 淳	理化学研究所バイオリソースセンター実験動物開発室	マウス C57BL/6N 亜系統のBACエンドシーケンス	2009年度	—
メダカ	成瀬 清	自然科学研究機構基礎生物学研究所	メダカ完全長cDNAリソースの整備	2009年度	—
コムギ	荻原 保成	横浜市立大学木原生物学研究所	パンコムギ完全長cDNAリソースの整備	2009年度	—
トマト	浅水 恵理香	筑波大学大学院 生命環境科学研究所遺伝子実験センター	マイクロームBACエンドシーケンス	2009年度	—
メダカ	成瀬 清	自然科学研究機構基礎生物学研究所	メダカ完全長cDNAリソースの整備	2008年度	—

ナショナルバイオリソースプロジェクト実施機関一覧

ゲノム情報等整備プログラム

生物種等	課題管理者	実施機関	課題	実施期間	頁番号
ラット	芹川 忠夫	京都大学大学院医学研究科附属動物実験施設	ラット LE/Stm の BAC エンドシークエンス	2008年度	—
トマト	青木 考	かずさジェノム・エヌ・エー研究所	マイクローム完全長 cDNA 配列解読によるトマトリソース高付加価値化	2008年度	—
メダカ	成瀬 清	自然科学研究機構基礎生物学研究所	メダカ完全長 cDNA リソースの整備	2007年度	—
ショウジョウバエ	上田 龍	情報・システム研究機構国立遺伝学研究所系統生物研究センター	ショウジョウバエ系統の品質管理にむけたゲノム・特性情報整備	2007年度	—
シロイヌナズナ	小林 正智	理化学研究所バイオリソースセンター実験植物開発室	新たなシロイヌナズナリソースとしての <i>Thellungiella halophila</i> の完全長 cDNA 全長配列解析	2007年度	—
コムギ	荻原 保成	横浜市立大学木原生物学研究所	パンコムギ完全長 cDNA リソースの整備	2007年度	—

基盤技術整備プログラム

生物種等	課題管理者	実施機関	課題	実施期間	頁番号
ショウジョウバエ	近藤 周	情報・システム研究機構国立遺伝学研究所	系統保存の高信頼化を可能にする基盤技術整備	2017年度	33
イネ	佐藤 豊	情報・システム研究機構国立遺伝学研究所系統生物研究センター	野生イネ遺伝資源へのゲノム編集技術適用のための基盤技術整備	2017年度	33
ゾウリムシ	藤島 政博	山口大学大学院 創成科学研究科	ゾウリムシ属の凍結保存技術の開発	2017年度	34
ショウジョウバエ	高野 敏行	京都工芸繊維大学ショウジョウバエ遺伝資源センター	ショウジョウバエ極細胞の凍結保存法の開発	2016年度	—
線虫	三谷 昌平	東京女子医科大学医学部	高性能な線虫バランサーの整備	2016年度	—
ラット/ゼブラフィッシュ/ネッタツメガエル	山本 卓	広島大学大学院理学研究科	ゲノム編集技術を用いた効率的遺伝子ノックイン系統作製システムの開発	2016年度	—
実験動物マウス	吉木 淳	理化学研究所バイオリソースセンター実験動物開発室	ゲノム編集による難治疾患モデル整備のための基盤技術開発	2016年度	—
カイコ	伴野 豊	九州大学大学院農学研究院附属遺伝子資源開発研究センター	カイコの凍結保存技術の開発	2014年度	—
実験動物マウス	杉山 文博	筑波大学医学医療系	Cre-driver マウスリソースの質の向上を目指した Cre-loxP 遺伝子組換えアトラス化	2014年度	—
実験動物マウス	中淵 直己	熊本大学生命資源研究・支援センター	マウス体外受精に関する基盤整備技術の開発	2012年度～2013年度	—
メダカ	吉崎 悟朗	東京海洋大学海洋科学技術研究科	生殖細胞の凍結保存と借り腹生産による系統の回復に関する技術開発	2012年度～2013年度	—
ショウジョウバエ	上田 龍	情報・システム研究機構国立遺伝学研究所生物遺伝資源センター	ショウジョウバエ系統凍結保存法の開発	2012年度～2013年度	—
ラット	芹川 忠夫	京都大学大学院医学研究科附属動物実験施設	ラット精子に関する基盤技術の整備	2010年度～2011年度	—
実験動物マウス	石田 靖雅	奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科	条件的遺伝子改変 ES 細胞株の量産とデータベース化	2010年度～2011年度	—
ショウジョウバエ	山本 雅敏	京都工芸繊維大学ショウジョウバエ遺伝資源センター	ショウジョウバエ系統の長期安定保存技術の開発	2007年度～2009年度	—
メダカ	田中 実	自然科学研究機構基礎生物学研究所	メダカ遺伝子機能解析汎用系統の開発	2007年度～2009年度	—
DNA (動物・植物・微生物)	小林 正智	理化学研究所バイオリソースセンター実験植物開発室	遺伝子資源の長期保存に関する基盤整備技術の開発	2007年度～2009年度	—
実験動物マウス	石田 靖雅	奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科	NMD 抑制に基づく新しい遺伝子破壊法	2007年度～2008年度	—
実験動物マウス/ラット	吉木 淳	理化学研究所バイオリソースセンター実験動物開発室	実験動物マウス及びラットリソースの輸送システムの開発	2007年度～2008年度	—

ナショナルバイオリソースプロジェクト

National BioResource Project

目的

ナショナルバイオリソースプロジェクト（NBRP）は、ライフサイエンス研究の基礎・基盤となるバイオリソース（動物、植物等）について収集・保存・提供を行うとともに、バイオリソースの質の向上を目指し、ゲノム情報等の解析、保存技術等の開発によるバイオリソースの付加価値向上により時代の要請に応えたバイオリソースの整備を行うものです。また、バイオリソースの所在情報等を提供する情報センター機能を強化します。

背景

日本医療研究開発機構（AMED）では、平成26年に閣議決定された「健康・医療戦略」に基づく「医療分野研究開発推進計画」の下に、集中的かつ計画的に講ずべき医療分野研究開発等施策の一環として、平成27年度からNBRPの運営を文部科学省から引き継ぎました。本プロジェクトでは、ライフサイエンスの総合的な推進を図る観点から、これまでNBRP第1～3期（平成14～28年度）において、実験動物や微生物等のバイオリソースのうち、国が戦略的に整備することが重要なものについて、体系的な収集・保存・提供等の体制整備を実施してきました。

更に第5期科学技術基本計画（平成28～32年度）において、「生物遺伝資源等の知的基盤について、公的研究機関を実施機関として戦略的・体系的に整備する」とされており、本プロジェクトにおいても、知的基盤の更なる整備とともに、多様なニーズに応えるためにリソースの質の充実の観点から事業を推進しています。

こうした中でAMEDでは、バイオリソースの戦略的な整備と更なる利活用の推進を行うために、平成29年度より第4期NBRP（平成29～33年度）を引き続き実施していきます。

プロジェクトのねらい





中核的拠点整備プログラム 実験動物マウス

代表機関：理化学研究所バイオリソースセンター 実験動物開発室
 課題管理者：吉木 淳 FAX：029-836-9010
 お問い合わせ：animal@brc.riken.jp
 URL：http://mus.brc.riken.jp/ja/



概要・実施体制

マウスはヒトのモデル動物として広くライフサイエンス分野の研究・開発に利用されています。理研バイオリソースセンターは社会ニーズ・研究ニーズに応じて、わが国で開発された高次生命機能解明、人の健康増進と病気克服のための研究に必要なモデルマウスを収集・保存・品質管理・提供しています。収集系統は清浄化を施し、厳格な微生物検査ならびに操作遺伝子および遺伝背景の的確な検査による品質管理を行い、さらに、ゲノム、遺伝子発現、表現型に関する情報を付加して世界最高水準のマウスリソースを整備します。また、マウスリソースの国際ハブ機関として、国際マウス系統データベースIMSRにわが国の研究者の開発したマウス系統を登録し、世界に発信しています。アジア・オーストラリア地域の連携強化に加えて、BRC内の連携グループにより国際マウス表現型解析コンソーシアム(IMPC)に参画し、全遺伝子のノックアウトマウス系統の作出・提供と表現型の解析を国際連携により分担し、ライフサイエンス研究の基礎から創薬研究に貢献します。

Nature 537(7621):508-514, 2017, Nat Commun 8:15475, 2017, Nat Genet 49:1231-1238, 2017

主な保有系統・研究例

◦ C57BL/6-App^{tm3(NL-G-F)Tc}/TcsRbrc (RBRC06344)

西道博士および斎藤博士ら（理研・脳科学総合研究センター）により家族性アルツハイマー病の原因遺伝子の一つであるApp遺伝子に患者で発見されたSwedish変異(NL)、Iberian変異(F)およびArctic変異(G)をノックインした次世代型アルツハイマー病モデルマウスが開発されました。このマウスモデルは患者のアミロイド病理をよく再現し(図1)、アルツハイマー病の予防・治療研究の標準モデルとして期待されています。Nat Neurosci 17, 661-3, 2014

◦ C57BL/6-Gt(ROSA)26^{tm1(CAG-EGFP/DsRed)Utr}(R26GRR)

2014年NBRP基盤技術開発プログラム(代表：筑波大・杉山博士)により、R26GRRマウス(RBRC04874)を用いて、ゲノム編集ノックインにより作製したB6-Ins1^{em1(Cre)Utr}マウス(RBRC09525)をはじめとするCreマウスの組換え酵素の発現組織特異性の評価が可能になりました(図2)。Exp Anim 65, 319-27, 2016

目標

- 社会ニーズ・研究ニーズに応える品揃え
- 世界最高水準の品質
- 国際ハブ機関の役割

マウスリソースの国際連携



国際マウス系統One-Stop Shop
データベースIMSR
<http://www.findmice.org/>



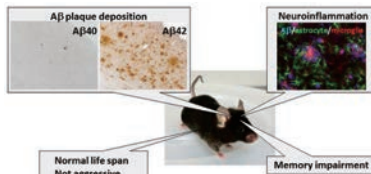
アジア変異マウス開発・リソース連携
<http://www.ammra.info/>

IMPC around the world

The global consortium is comprised of Scientists from 38 research institutions in 11 countries.

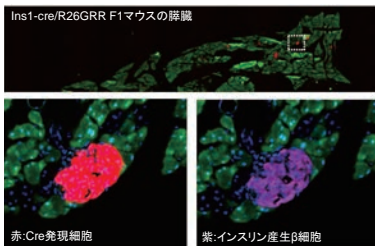


国際マウス表現型解析コンソーシアム
<http://www.mousephenotype.org/>



Courtesy of Drs. Takaomi C. Saido and Takashi Saito

図1.患者のApp変異を持つアルツハイマー病モデルマウス



赤:Cre発現細胞

紫:インスリン産生β細胞

Courtesy of Dr. Fumihiro Sugiyama,

図2. Creマウスの遺伝子組換えアトラス: Ins1-creの特異性



中核的拠点整備プログラム ラット

代表機関：京都大学大学院 医学研究科 附属動物実験施設
 課題管理者：浅野 雅秀 FAX：075-753-4409
 お問い合わせ：nbrp-adm@anim.med.kyoto-u.ac.jp
 URL：http://www.anim.med.kyoto-u.ac.jp/NBR



概要・実施体制

ラットは、遺伝と環境を厳密に制御した実験系を構築することができ、適度な大きさや高い適応能力から、様々な分野で広く活用されている哺乳動物です。最近では、ラット ES・iPS 細胞の開発や人工ヌクレアーゼ（ZFN/TALEN）や CRISPR/Cas9 を用いた遺伝子ノックアウト等が可能となり、バイオリソースとしてのラットの価値が一段と高まっています。

京都大学大学院医学研究科附属動物実験施設が代表機関として収集・保存・提供、微生物・遺伝モニタリングによるリソースの品質保証、系統データの充実と公開を行っています。また、ラット研究の情報交換の場としてラットリソースリサーチ研究会を開催しています。分担機関である理研BRCでは凍結胚精子のバックアップを、大阪大学では免疫不全ラットの保存・提供を行っています。NBRP-Ratは質・量ともに世界最高水準のラットリソースセンターに成長し、国内外から高い評価を得ています。本事業を通してラット研究コミュニティのさらなる発展に貢献します。



寄託された様々なラット系統

主な保有系統・研究例

これまで836系統の収集、1,174件の提供を行ってきました。保存系統は、標準系統、自然発症ミュータント、リコンビナント近交系、コンジェニック、コンソミック、トランスジェニック、ノックアウトなど多岐にわたります。研究分野別には脳神経疾患、循環器疾患・高血圧、糖尿病・肥満、がん・腫瘍、免疫・アレルギー疾患、発生、代謝・内分泌等に分類されます。

◦重症免疫不全ラット（X-SCID, SCID, FSG）

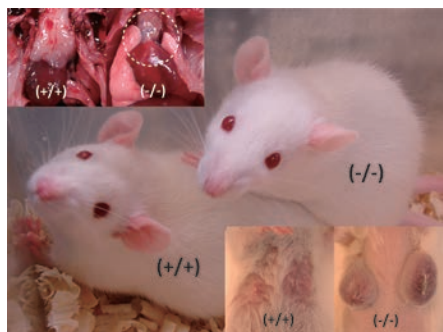
ZFN/TALEN技術により世界で初めて免疫不全ラットが開発されました。免疫不全ラットは、免疫・感染研究のみならず、ヒト幹細胞等の移植モデルとしても利用されています。

◦レポーター遺伝子導入ラット

GFP、DsRed、Luciferase等のレポーター遺伝子を導入したトランスジェニックラットは、移植研究や幹細胞研究等に有用です。全身あるいは脳や肝臓等の局所にレポーター遺伝子を発現するラットを、目的に応じて利用することができます。

◦KURMA（Kyoto University Rat Mutant Archive）

ENUミュータジェネシスにより作製されたG1ラット10,752頭分のゲノムDNAと凍結精子が保存されています。このラットミュータントアーカイブ「KURMA10K」により、標的とする遺伝子に突然変異が入った遺伝子変異ラットを作製することができます。



ジンクフィンガーヌクレアーゼにより作製されたX-SCIDラット
 (+/+：野生型コントロール、-/-：Il2rg欠損X-SCIDラット)
 左上：X-SCIDラット胸腺欠損、右下：ヒト卵巣がんの担がん試験



中核的拠点整備プログラム ニホンザル

代表機関：京都大学 霊長類研究所
課題管理者：中村 克樹 FAX：0568-65-6036
お問い合わせ：nbrp-nihonzaru@ml.pri.kyoto-u.ac.jp
URL：https://nihonzaru.jp



概要・実施体制

ニホンザルは、アカゲザルやカクイザルとともに、オナガザル亜科マカカ属に分類される中型のサルである。マカカ属のサルは、ヒトに近縁で、高次脳機能、感染・免疫学、再生医療などの研究に不可欠の実験用動物として用いられている。

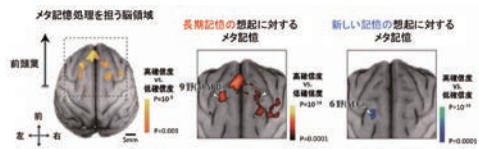
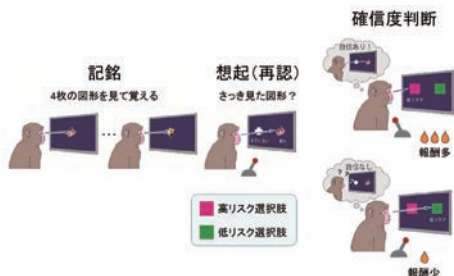
特に、日本固有の種であるニホンザルは、神経科学や生理学領域で多く用いられ日本の研究を支えている。ニホンザルは、好奇心旺盛かつ穏やかな性格で、東南アジアに広く生息している他のマカカ属のサルに比べて、遺伝的変異が低いという特徴ももつ。さらに、生態、行動、遺伝、形態学の面でも、サルの中で最も情報量の多い種の一つであることから、非常に有用な実験用動物に位置づけられる。

第1期の開始まで、実験用動物としてのニホンザルの大規模計画繁殖は実施されていなかった。しかし、将来的な研究動向を考えると、年齢や成長過程、家系が明らかな飼育及び繁殖管理下で育成されたサルの重要性は明白であり、神経科学者と霊長類研究者の共同事業として本プロジェクトが開始された。

第4期からは京都大学が代表機関となり、京都大学霊長類研究所長を統括責任者として、分担機関の自然科学研究機構と共同で事業を推進していく。

主な保有系統・研究例

最近の研究成果として、同時に二つのことをしようとすると前頭連合野で神経活動が干渉し合いエラー増加や反応時間延長が生じる仕組みの解明（船橋ら，Nature Neuroscience 2014）、側坐核が大脳皮質連合野の活動を活性化し、初期の運動機能回復を支えることを脳科学的に証明（西村ら，Science 2015）、トウレット障害で見られる音声チックの霊長類モデル作出、症状の発現に関わる脳部位と異常活動の特定（マッケアンら，Neuron 2016）、自閉スペクトラム症と考えられるサルの自然発生例と遺伝子変異の確認（磯田ら，Science Advances 2016）、自身の記憶の確かさを内省的に評価する「メタ記憶」の神経基盤を解明（宮下ら，Science 2017）などがあり、ニホンザルを用いた多くの研究が日本から発信されている。



fMRI法で同定された、記憶の想起成功時のメタ記憶処理に関わる脳領域。とくに前頭葉に局在し、長期記憶の想起に対するメタ記憶処理は9野、新しい記憶の想起に対するメタ記憶処理は6野と、別の領域が担っていることが分かった。

©2017 東京大学 (Miyamoto et al. Science 2017)

記憶した4枚の図形と同じものを選ぶ再認記憶課題に回答後、自身の回答に自信があるかを問う確信度判断を行う。高リスク選択肢（ピンク）を選ぶと、正解の場合だけ多量の報酬を得られる。低リスク選択肢（黄緑）を選ぶと、正解・不正解に関わらず少量の報酬を得られる。サルは正解時により多く高リスク選択肢を選ぶ傾向を示し、記憶に対する自信（メタ記憶）に基づいて確信度判断を行っていることが確かめられた。



中核的拠点整備プログラム ニワトリ・ウズラ

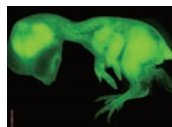
代表機関：名古屋大学大学院 生命農学研究科 附属鳥類バイオサイエンス研究センター
 課題管理者：松田 洋一 FAX：052-789-4114
 お問い合わせ：yoimatsu@agr.nagoya-u.ac.jp
 URL：http://www.agr.nagoya-u.ac.jp/~nbrp/index.html



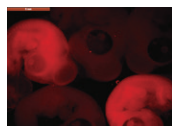
概要・実施体制

鳥類は哺乳類に次ぐ高等動物であり、なかでもニワトリ・ウズラは鳥類を代表する実験モデルとしてライフサイエンス研究に不可欠な生物資源です。名古屋大学鳥類バイオサイエンス研究センターは、第4期NBRPにおいてニワトリ・ウズラリソースの中核的拠点を形成し、鳥類リソースの収集と保存及び提供を行うことによって、研究者コミュニティへの貢献を目指しています。

当研究センターでは、鳥類バイオサイエンス研究の基盤を補完し研究の促進に貢献するため、ニワトリ・ウズラ系統の安定した維持管理と保存を行うための体制を整備してきました。そして、国内に散在する鳥類リソースの収集と保存を進めるとともに、厳密な遺伝的統御による系統の確立と高度化によって高品質のリソースを提供しています。さらに、ニワトリ・ウズラリソースの基盤情報の構築、ならびに研究成果に基づくリソース情報の高度化と研究者コミュニティへのフィードバックを推進しています。さらに、我が国のウズラゲノムコンソーシアムの協力を得て、世界に先駆けてニホンウズラのゲノムアセンブリの情報をホームページから公開しています (<http://viewer.shigen.info/uzura/index.php>)。



pLSi/ΔAeGFP-TG ニワトリ



PGK:H2B-chFP-TGウズラ



ニワトリリソース



主な保有系統・研究例

ニワトリでは、野生原種である赤色野鶏、近交系、疾患モデルなどを含む33系統、ニホンウズラでは、標準系統、多様な羽装の突然変異体などを含む22系統を提供しています。また、蛍光タンパク質を発現する遺伝子組換えニワトリ・ウズラの提供も行っています。

GSN/J

エジプト原産のファヨウミ種を起源とするニワトリ近交系で、系統内での皮膚移植が可能であり、遺伝子モニタリング用の50マイクロサテライトマーカーすべてでホモ接合となっているため、再現性や高精度の実験データが求められる研究に適している。

WE

ウズラ集団に突然変異で出現した白色卵殻卵(白卵)を産卵する形質を固定し50年以上にわたって維持されている長期閉鎖系。ウズラを代表する標準系統として、マレック病ワクチンの製造、農業等種々の薬品の毒性検査などに用いられている。

pLSi/ΔAeGFP-TGニワトリとPGK:H2B-chFP-TGウズラ

ほぼ全身で蛍光タンパク質を発現する遺伝子組換えニワトリ(eGFPを発現)とウズラ(chFPを発現)系統。移植した細胞の分化や挙動、組織・器官を形成する細胞の系譜などに関する発生学研究に広く用いられている。



中核的拠点整備プログラム ネットイツメガエル

代表機関：広島大学 両生類研究センター
 課題管理者：荻野 肇 FAX：082-424-0739
 お問い合わせ：oginohaj@hiroshima-u.ac.jp
 URL：http://home.hiroshima-u.ac.jp/amphibia/xenobiores/

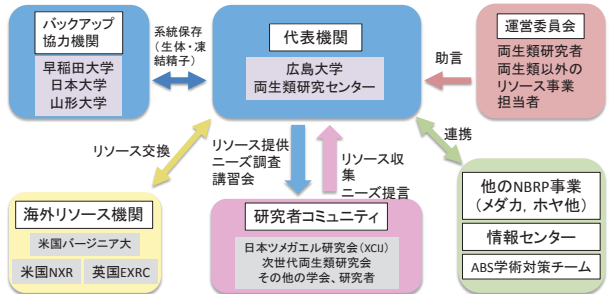


概要・実施体制

ネットイツメガエルは、小さな2倍体ゲノム（サイズはヒトの約半分）を持ち、世代時間も4～6ヶ月程と短い等、遺伝学的研究に適した特性を備えたモデル両生類である。ゲノム解読プロジェクトにより、ヒトの疾患関連遺伝子の79%以上が保存されていることも明らかになっており、CRISPR-Cas9システムを用いれば、ファウンダー世代において、それらの遺伝子を体細胞変異率80～99%の効率で破壊することが可能である。またI-SceIメガヌクレアーゼ法を用いれば、高効率なトランスジェネシスが可能であり、導入遺伝子の発現は次世代においても維持される。

現在の我々のリソースの主力は、4種類の野生型近交系系統（Nigerian A、Nigerian H、Golden、Ivory Coast）である。幹細胞や分化細胞の生体イメージング解析に有用なトランスジェニック系統等の収集も進めている。飼育施設では常時約1万匹を維持しており、毎年、3,000～6,000匹の成体や幼生を研究者や教育者に提供している。ゲノムDNAやRNA、マーカー遺伝子を持つプラスミド等の核酸試料もリソースの一部として提供中である。

現在の我々のリソースの主力は、4種類の野生型近交系系統（Nigerian A、Nigerian H、Golden、Ivory Coast）である。幹細胞や分化細胞の生体イメージング解析に有用なトランスジェニック系統等の収集も進めている。飼育施設では常時約1万匹を維持しており、毎年、3,000～6,000匹の成体や幼生を研究者や教育者に提供している。ゲノムDNAやRNA、マーカー遺伝子を持つプラスミド等の核酸試料もリソースの一部として提供中である。



代表機関と外部連携組織、研究者コミュニティとの関係

主な保有系統・研究例

1. Nigerian A系統

ゲノム解読プロジェクトに用いられた野生型近交系。

2. Nigerian H系統

Nigerian Aの派生系統。飼育が容易。

3. Golden系統

Nigerian A/Hに遺伝的に近いが、より丈夫。

4. Ivory Coast系統

Nigerian A/Hとはやや遺伝的距離があるが、丈夫で使いやすい。

ゲノム解読プロジェクト

Hellsten, U. et al. *Science*, 328: 633-636 (2010).

野生型近交系系統の遺伝的距離の解析

Igawa, T. et al. *PLoS One*, 10: e0133963 (2015).

CRISPR-Cas9システムによる遺伝子破壊

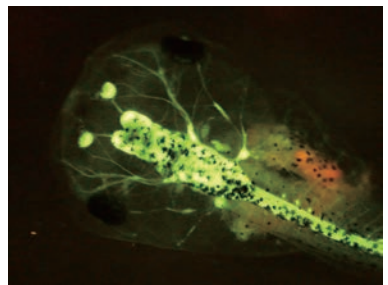
Shigetani, M. et al. *Genes Cells*, 21: 755-771 (2016).

トランスジェネシス

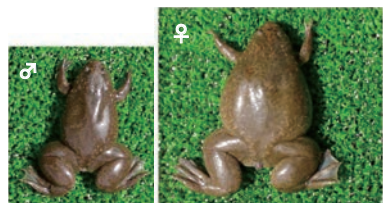
Ogino, H. et al. *Nat. Protoc.* 1: 1703-1710 (2006).

ChIP-seq解析

Yasuoka, Y. et al. *Nat. Commun.* 5: 4322 (2014).



ネットイツメガエル β -tubulin 遺伝子のシス調節配列の制御下で、中枢神経系に緑色蛍光蛋白質(GFP)を発現したトランスジェニック幼生。



Xenopus tropicalis (Nigerian H strain)



中核的拠点整備プログラム ゼブラフィッシュ

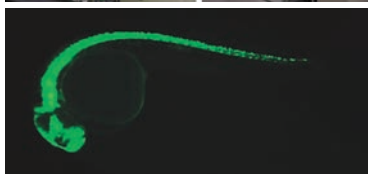
代表機関：理化学研究所 脳科学総合研究センター
課題管理者：岡本 仁 FAX：048-467-9714
お問い合わせ：hitoshi@brain.riken.jp
URL：http://www.shigen.nig.ac.jp/zebra/



概要・実施体制

ゼブラフィッシュは、遺伝学的アプローチが可能な最も単純なモデル脊椎動物として世界中の研究室で実験に用いられています。ゲノム情報や胚操作技術も蓄積されてきており、基礎生物学研究においてさらにはヒト疾患モデル動物として重要な役割を果たしています。

我が国でもゼブラフィッシュを用いた実験を行っている研究者は増加の一途をたどっております。また、研究者らが作製した我が国独自の突然変異系統やトランスジェニック系統の数も急速に増加してきています。このような状況から本プロジェクトでは、我が国の研究者が実験に応じて直ちに有用な系統を手に入れ実験を推進することができるようにすること、及び我が国で独自に開発された系統を世界中の研究者に供給しこの分野における我が国の貢献を高めることを主な目的として、ゼブラフィッシュの収集・保存・提供等を行うための体制を整備します。



主な保有系統・研究例

理化学研究所（岡本仁）

系統：dao:cre-mCherry;vglut2a:loxP-DsRed-loxP-GFP

脊椎動物が共通して持つ神経回路である手綱核-縫線核経路（緑）が、これから起こる物事が「どの程度嫌か」という情報を送り出す事で、危険に適切に対処する方法を学習することができます。

Amo et al., Neuron, 87 1034-1048 (2014).

国立遺伝学研究所（川上浩一）

系統名：HG21C

系統：600のGal4を発現するトランスジェニック系統とUAS系統

これらの系統では、さまざまな組織・細胞・器官特異的に改良型酵母転写因子Gal4FFが発現されています。UAS系統とかけあわせることにより、好きな場所で好きな遺伝子を発現させることができます。

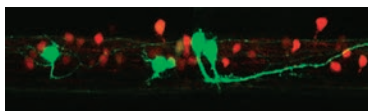
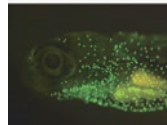
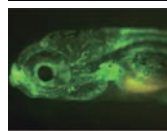
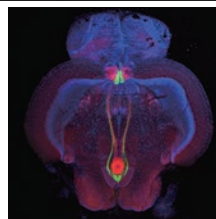
Asakawa, K. et al. Genetic dissection of neural circuits by Tol2 transposon-mediated Gal4 gene and enhancer trapping in zebrafish. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 105, 1255-1260 (2008)

自然科学研究機構（東島眞一）

系統：chx10:loxP-DsRed-loxP-GFP

この系統はCre-loxPシステムを用いた系統で、本来全てのalx細胞でDsRedを発現するが、Creを作用させることにより、一部の（ないしすべての）alx細胞でDsRedのかわりにEGFPを発現させることができます。

Kimura et al., J Neurosci. May 24; 26: 5684-97. 2006.





中核的拠点整備プログラム メダカ

代表機関：自然科学研究機構 基礎生物学研究所
 課題管理者：成瀬 清 FAX：0564-55-7580
 お問い合わせ：naruse@nibb.ac.jp
 URL：http://www.shigen.nig.ac.jp/medaka/
 http://www.nibb.ac.jp/bioresources/



概要・実施体制

メダカは実験動物として100年をこえる歴史をもちます。先人のたゆまぬ努力によって多くのバイオリソースが蓄積されてきました。近交系、野生系統、近縁種、遺伝子導入系統、突然変異体等のライブリソースとともに、BAC/Fosmid/cDNAクローン等のゲノムリソースもよく整備されています。また全ゲノム塩基配列も明らかとなっています。第4期では収集・保存・提供を代表機関の基礎生物学研究所と分担機関の新潟大学・宇都宮大学が担い、クローン及び凍結精子のバックアップ保存を分担機関の宮崎大学と理化学研究所が担当します。この5機関は連携して初等教育から最先端の医学・生物学研究までを幅広くカバーする世界最高レベルのメダカリソースを提供します。さらに基礎生物学研究所ではTILLINGライブラリーのクリーニング系やCRISPR-Cas9を用いたゲノム編集プラットフォームを提供することでメダカコミュニティの誰もが逆遺伝学的手法を利用できる環境を整備しました。私たちは研究や教育の動向を見据えながら、半歩先をゆくプロジェクト運営を進めたいと考えています。



主な保有系統・研究例

○ **d-rR系統** (体色で雌雄を判別できる) ○ **Quintet, STII, STIII系統** (ほとんどの色素細胞を欠くため体が透明) ○ **近交系** (Hd-rR, HNI, Kaga, HSOK等) ○ **野生系統** (日本、中国・韓国に分布する野生メダカ) ○ **遺伝子導入系統** (osx:mCherry/col10a1:nlGFP骨芽細胞・破骨細胞可視化系統、GaudiLxBBW及びGaudiBBW2.1 Brainbowカセット発現系統、FmpoP::RFP-Lifeact骨髄由来細胞可視化系統) ○ **近縁種** (セレベスメダカ、インドメダカ、ジャワメダ等) を保存・提供しています。

脊椎動物で2番目の性決定遺伝子 *Dmy* の同定、新規性決定遺伝子 *Gsdf* の同定、メダカゲノム配列の決定、メダカ突然変異体 (ヒメダカ、アルビノ *i-3*、嚢胞腎 *pc*、内臓逆位 *ktu* など) の原因遺伝子同定とヒト疾患モデルへの応用、脊椎動物で初めての卵巣幹細胞と生殖細胞における性決定遺伝子の発見、配偶者選択の分子神経盤の解明、メダカ胚及び成魚を用いた毒性試験等幅広い分野で利用されています。現在では全提供数の約20%が海外 (米国、ドイツ、スペイン、カナダ、韓国、中国等) への提供です。



中核的拠点整備プログラム カタユレイボヤ

代表機関：筑波大学 下田臨海実験センター
 課題管理者：笹倉 靖徳 FAX：0558-22-0346
 お問い合わせ：sasakura@shimoda.tsukuba.ac.jp
 URL：http://marinbio.nbrp.jp/
 URL：http://www.shimoda.tsukuba.ac.jp/



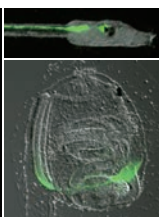
概要・実施体制

海産無脊椎動物は古くから動物の発生、進化、生殖、神経生理などを研究するための良い研究材料として使用されてきました。本プログラムは、海産動物の中で特に注目されているカタユレイボヤについて、研究基盤を整備する目的で採択されました。

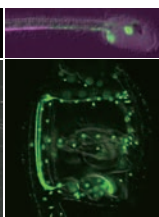
カタユレイボヤ：ホヤは脊椎動物に最も近い無脊椎動物であり、両者は同じ脊索動物門に分類されています。ホヤは背側中枢神経系や脊索、鰓裂、内柱（甲状腺）など、脊椎動物と同じ体制を有しています。カタユレイボヤはホヤのモデル種で、ゲノムサイズが約160Mbpとコンパクトであり、その中に脊索動物の基本セットである16,000種類の遺伝子をコードしています。体制も単純で、受精後わずか1日で到達する幼生はわずか2,600個の細胞から成ります。カタユレイボヤでは室内飼育系が確立しており、遺伝学的なアプローチから遺伝子機能を解析すること、特にトランスポゾンによる形質転換系が可能であり、トランスジェニック系統や突然変異体系統が開発されています。また、ゲノム編集によるノックアウトも容易です。このホヤの野生型やトランスジェニック系統、突然変異体系統、系統作製や遺伝子破壊に利用されたプラスミドDNAを収集・保存・提供すること、またそれらの情報を公開する事業を推進しています。



Wild type (Closed colony)



GFP and Kaede transgenic lines



The website for ordering transgenic lines

主な保有系統・研究例

○野生型（クローズドコロニー）、各種GFPマーカー系統、Kaede発現系統、エンハンサートラップ系統、細胞周期可視化FUCCI系統、突然変異体系統、各種レポーター遺伝子発現プラスミドDNA、組織特異的TALEN発現プラスミドDNA

脊椎動物への進化メカニズム：脊椎動物は、顔面の感覚器官を発達させることで進化してきました。ホヤにも脊椎動物と共通した顔面感覚器官が存在します。NBRPホヤを使ってホヤと脊椎動物の分子メカニズムが比較され、感覚器官の進化メカニズムが解明されました。例えば、ホヤは我々の鼻にある感覚ニューロンの原型とも言える神経細胞を持つことが分かっています（Abitua et al., Nature 2015; Waki et al., Nat Commun 2015など）。

神経発生・生理学：ホヤの神経組織は極めて単純で、例えば幼生は100程度のニューロンしか持ちません。またNBRPでは各種の神経マーカー系統を取りそろえています。これらの特性を活用し、中枢神経系の構築や神経機能の詳細が解析されました。例えば、ホヤのAMPAグルタミン酸受容体は感覚器の形成と変態を制御することが明らかになっています（Hirai et al., PNAS 2017; Ikeda et al., 2016; Ogura et al., Dev Cell 2016; Nakamura et al., Dev Dyn 2014など）

「通常の設備があれば、カタユレイボヤの発生観察に特に難しい技術は必要ありません。市販の人工海水を使うなどで、新規参入も容易です」



中核的拠点整備プログラム ショウジョウバエ

代表機関：情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 生物遺伝資源センター
 課題管理者：上田 龍 FAX：055-981-6825
 お問い合わせ：flyadmin@nig.ac.jp
 URL：http://www.dgrc.jp
 http://www.shigen.nig.ac.jp/fly/nigfly/index.jsp



概要・実施体制

ライフサイエンス研究の基礎・基盤として有用なキロショウジョウバエの突然変異系統、ゲノム編集関連系統（FlyCas9）やRNA干渉（RNAi）系統、進化と生物多様性の研究に重要なショウジョウバエ野生種やキロショウジョウバエ近縁種の突然変異系統など、ショウジョウバエ遺伝資源を総合的に維持・管理し、研究コミュニティに広く提供を行うことを目的とする。このため、国立遺伝学研究所、京都工芸繊維大学、愛媛大学、杏林大学、宮崎大学の5機関でコンソーシアムを構成し、共同で事業を行う。第3期までの15年間で世界最大規模にまで発展したストックセンターとして国際的な責任を果たすと共に、時代の要請に応えたりソースの収集と質の向上を目指し、ユーザーコミュニティの先端的研究活動を加速することに貢献する。

系統維持体制と維持系統

キロショウジョウバエ
Drosophila melanogaster

ショウジョウバエの飼育・飼育ビンと飼育室

D. melanogasterの基本系統

NP, Cas9, DrosDel, FRT, RNAi, many others

近縁種
突然変異
標準系統

主な保有系統・研究例

国立遺伝学研究所

- RNAi系統（9,989 遺伝子の変異体 18,300 系統）
- FlyCas9系統（33 系統）

京都工芸繊維大学（計 29,200 系統）

- 基本系統（3,700 系統）
- NP 系統（4,200 系統）
- GS 系統（6,800 系統）
- FRT-lethal 系統（1,200 系統）
- MARCM 系統（2,200 系統）
- DrosDel 系統（1,700 系統）
- イメージング系統（1,300 系統）
- ヒト化系統（800 系統）
- その他（7,300 系統）

愛媛大学

- 日本産野生系統（59 種 909 系統）
- アジア産野生系統（47 種 196 系統）
- その他（69 種 425 系統）

杏林大学

- 近縁種地域集団系統（野生型）（70 種 783 系統）
- 近縁種突然変異系統（12 種 432 系統）
- 近縁種トランスジェニック系統（2 種 32 系統）
- ゲノムシーケンス系統（15 系統）

ヒト疾患研究の強力なモデルシステム

ヒト疾患に関連する遺伝子の70%以上がショウジョウバエや哺乳類間で保存されている。そのため、ショウジョウバエを用いて分子経路を解明する研究が実施されている（Nature 542: pp. 246-250, 2017; Trends Genet. 33: pp391-398, 2017）。

種分化研究

ショウジョウバエは染色体異常系統を駆使して遺伝学的背景が均一な集団の作成が可能である。その技術の応用によって、各器官、あるいは細胞や体液などのプロテオミクス研究に可能性が広がってきた（Trends Genet. 33: pp68-80, 2017; Science 350: pp. 1552-5, 2015; Genome Res. 24: pp. 797-808, 2014; Dev. Cell 27: pp. 412-24, 2013）。

豊富なデータベース群

DGRC NIG-FLY EHIME-Fly KYORIN-Fly

FlyBase FlyMine DGRC

Drosophila Polymorphism Database JDD

FlyTrap BOP FlyView

Gene Generation request Database The Interactive Fly

VDRG Drosophila Proteome Atlas Testpresso for Fly

DGSP - DROSOPHILA GENE SEARCH PROJECT

FlyExpress



中核的拠点整備プログラム 線虫

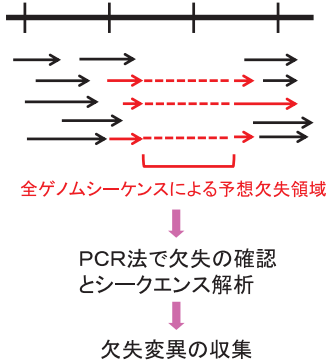
代表機関：東京女子医科大学 医学部
 課題管理者：三谷 昌平 FAX：03-5269-7414
 お問い合わせ：mitani.shohei@twmu.ac.jp
 URL：http://shigen.lab.nig.ac.jp/c.elegans/



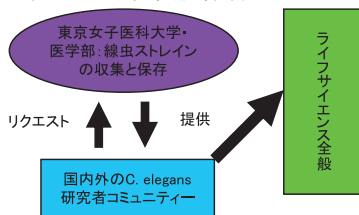
概要・実施体制

概要：平成29年度より、日本医療研究開発機構（AMED）第4期「ナショナルバイオリソースプロジェクト」がスタートしました。その中で、「遺伝子機能解析用線虫ストレインの収集・保存・提供」も1つの課題として採択されました。線虫*C. elegans*は、生命科学における良いモデル生物です。ゲノム情報によって、ほぼ全ての遺伝子構造が明らかになっています。第3期までに収集・公開した欠失変異体は8,000株を超えています。第4期では、中核機関・東京女子医科大学では、引き続き、線虫ゲノム情報を用いて欠失変異体を収集・保存・提供します。さらに、致死変異体の解析などに有効なコンディショナルノックアウト等のツールとして利用できるCreリコンビナーゼトランスジェニック株や、同一染色体内での組換え抑圧をベースに作成した蛍光標識バランスー株の提供も行います。これらを利用することで、線虫の遺伝学的な解析が促進されると期待されます。

実施体制：代表機関である東京女子医科大学では、全ゲノムシーケンスによって既存の変異体凍結バンクより見出した欠失変異体を純化の後に保存し（図1）、公開して希望者に提供します（図2）。



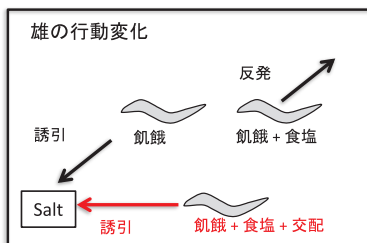
線虫ストレインを活用した研究実施体制



主な保有系統・研究例

◦ pdf-1 (tm1996)

線虫を用いる研究のなかでも重要なトピックの1つに学習行動がある。Sammutら（Nature 526, 385 (2015)）は、雄特異的な餌なし・塩存在下で条件付けされた雌が交尾行動を優先しても塩に対する走性を示すという行動がpdf-1変異体 (tm1996) では消失することを見出した（図参照）。著者らはMCMが幼虫期の雄では分化したグリアに由来する介在ニューロンであることを初めて示した。





代表機関：理化学研究所バイオリソースセンター 実験植物開発室
課題管理者：小林 正智 FAX：029-836-9053
お問い合わせ：plant@brc.riken.jp
URL：http://epd.brc.riken.jp/ja/



● 概要・実施体制

シロイヌナズナは個体が小さく世代交代も早いなど、モデル実験植物として優れた特徴を有しています。2000年12月に高等植物として初めて全ゲノム塩基配列が解読されたことを受け、遺伝子破壊株や完全長cDNAクローンなどの研究用リソースが国際協力のもとで整備されました。更に、シロイヌナズナの膨大な研究成果をもとに、食料生産の向上等、社会貢献を目的とした研究も進んでいます。そこで理研BRCは遺伝子破壊株、完全長cDNAクローンなどのシロイヌナズナリソースを提供するとどまらず、データベースの充実や技術研修の開催など様々な取り組みを進めることにより植物研究を支援し、環境、食料、物質生産の課題解決に貢献します。また植物培養細胞や植物遺伝子の課題では、国内で開発されたモデル植物のリソースを保存・提供するとともに、NBRPの各中核機関と連携して研究コミュニティへの情報発信等の取り組みを進めます。

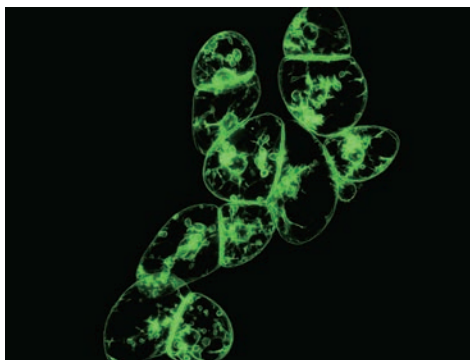
● 主な保有系統・研究例

- シロイヌナズナトランスポゾンタグライン（約16,000系統）は遺伝子破壊株として、シロイヌナズナFOXライン（約20,000系統）は過剰発現株として利用できます。
- シロイヌナズナ完全長cDNAクローン（RAFLクローン、全長解析済みの約21,000クローン含む約250,000クローン）は世界標準のリソースです。
- シロイヌナズナT87細胞株は最も頻繁に使われているシロイヌナズナの細胞株です。

理研BRCの植物リソースは約2,000の国内外の研究グループに提供され、幅広い分野の研究に利用されています。例えば奈良先端科学技術大学院大学の研究グループは、理研BRCより提供した完全長cDNAクローンを活用して根の内部構造を決める起動スイッチとして働く2つのタンパク質の働きをDuke大学と共同で明らかにし、2017年2月にその成果がNature Plants誌に掲載されました。



Flower of agamous mutant



GFPで液胞膜が光るタバコBY-2細胞



中核的拠点整備プログラム イネ

代表機関：情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 系統生物研究センター
 課題管理者：佐藤 豊 FAX：055-981-6879
 お問い合わせ：yusato@nig.ac.jp
 URL：http://www.shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabase/



概要・実施体制

日本の研究機関は世界的にみても貴重なイネ属コレクションを保有しています。NBRP イネでは、栽培イネおよび野生イネの多様な遺伝子資源を有効活用するためのリソースと、その関連情報（形質や遺伝子型など）を体系的に収集・保存し、国内外の研究者に提供しています。昨今の多岐にわたる研究分野のニーズにも応えられるリソース整備を目指し、次に掲げる事業活動を進めています。

- (1)世界の野生イネ23種1,700系統の保存と提供。野生イネ形質評価と分子マーカーの構築、野生系統の再分類
- (2)野生イネ染色体部分置換系統、異種ゲノム染色体添加系統などの収集・提供
- (3)遺伝的背景の異なるイネ MNU突然変異系統の収集
- (4)MNU突然変異系統のTILLING解析オープンラボ
- (5)イネ統合データベース（Oryzabase）の整備・情報公開

NBRP イネは、国立遺伝学研究所（代表機関）、九州大学（分担機関）の2つの機関が連携しながら進めています。また野生イネ事業（保存、提供）を国立遺伝学研究所が、突然変異系統や野生イネ染色体断片置換系統を九州大学が担当しています。



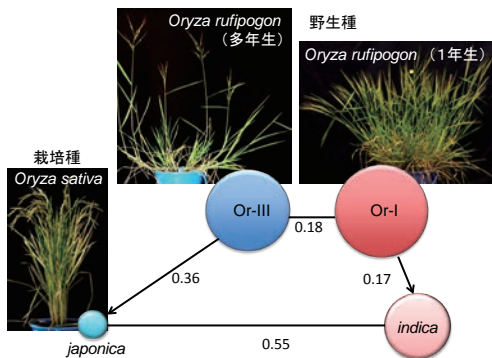
採集地地図からの野生イネ系統の閲覧

主な保有系統・研究例

- 野生イネ系統（約1,700系統）
- MNU 変異系統（約9,500系統）
（金南風、TC65、キタアケ、ゆきひかり由来）
- 野生イネ染色体断片置換系統など（約5,000系統）
（*Oryza glaberrima*, *O. meridionalis*, *O. glumaepatula*, *O. sativa indica* & *japonica* 由来）

最近のトピックス

NBRP イネは、世界各国から収集された多様な野生イネ系統を保存しています。これら野生イネと栽培種を対象とした比較ゲノム解析によって、栽培イネの起源地は中国珠江の中流領域であったことが明らかになりました（Huang et al., Nature 490: 497-501, 2012）。



栽培イネと起源野生種の遺伝的関係と集団内変異の大きさ



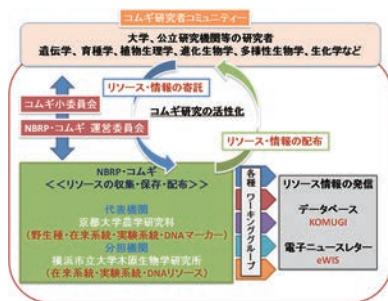
中核的拠点整備プログラム コムギ

代表機関：京都大学大学院 農学研究科
 課題管理者：那須田 周平 FAX：075-753-6486
 お問い合わせ：nasushu@kais.kyoto-u.ac.jp
 URL：http://www.shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/



概要・実施体制

コムギには、パン、うどんなどの原料になるパンコムギやマカロニなどパスタの原料になるマカロニコムギが含まれています。NBRP・コムギは、コムギとその近縁種の野生種、在来系統および実験系統について保存と配布を行う他、未整備の野生種、在来系統の収集・保存を行います。また、コムギのESTクローンおよびTACクローンの保存と配布も行います。NBRP・コムギの業務は、京都大学農学研究科を代表機関、横浜市立大学木原生物学研究所を分担機関として実施されています。日本のコムギ研究を行っている研究者はコムギ小委員会を構成して中核グループを支援しています。これらのコムギリソースは、インターネットを通じて入手できます。さらに、NBRP・コムギでは特に遺伝子単離に向けたDNAマーカーの整備に重点を置いており、蓄積されるデータは、順次、データベースKOMUGIのNBRP欄に掲載されます。



コムギバイオリソース事業の実施体制

主な保有系統・研究例

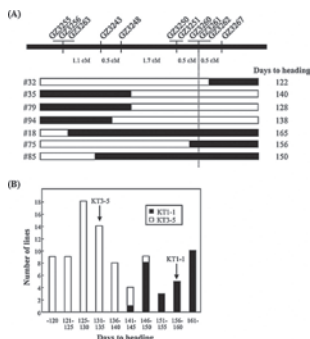
・パンコムギ異数体系統、祖先種、コムギ在来品種、完全長cDNAクローン

パンコムギは祖先二倍体由来のA, B, Dという3種類のゲノムを一つの核の中に持つ異質六倍体です。NBRP・コムギはこの六倍体コムギの遺伝学標準品種であるChinese Springの変異体（染色体数の変異である異数体系統、構造異常染色体系統、細胞質置換系統など）を多数保有しています。これらの系統は様々な実験の材料として使われます。最近の大きな成果としては、国際コンソーシアムIWGSC (<http://www.wheatgenome.org/>)の主導したパンコムギのゲノム配列を解読する研究においてNBRP・コムギの保有するリソースは重要な役割を果たしました (IWGSC (2014) *Science* 345, DOI: 10.1126/science.1251788)。この研究で、160億塩基対あるパンコムギゲノムが染色体腕ごとに解読され、遺伝子の参照配列がほぼ確定しました。これと並行して、染色体ごとにBACクローンを連結した物理的地図を作成し、それに基づいて塩基配列を決定するプロジェクトも各国で進行しています。日本は、6B染色体を担当しています (Kobayashi et al. (2015) *BMC Genomics* 16, DOI: 10.1186/s12864-015-1803-y)。

ゲノム研究の成果を受け、コムギでも遺伝子の同定が進んでいます。NBRP・コムギで保存してきた一粒系コムギ *Triticum monococcum* の早生型突然変異が概日時計遺伝子 *Phytoclock1* の欠失によって起こったことが明らかになりました (Mizuno et al. (2012) *Genes Genet. Syst.* 87, DOI: 10.1266/ggs.87.357)。



2014年7月18日号のScience誌にパンコムギゲノムのドラフト配列が発表された。



コムギ類のゲノム情報を用いて、早生性（早く出穂する性質）の遺伝子を特定した例。



中核的拠点整備プログラム オオムギ

代表機関：岡山大学 資源植物科学研究所
 課題管理者：佐藤 和広 FAX：086-434-1249
 お問い合わせ：kzsato@rib.okayama-u.ac.jp
 URL：http://www.shigen.nig.ac.jp/barley/



概要・実施体制

オオムギは醸造、食用、飼料などに利用される重要な作物で、野生種や栽培種の多様な遺伝資源が保存されています。また、突然変異系統を中心に豊富な実験系統が開発されてきました。コムギを含むムギ類のモデル植物ともなっているオオムギでは、BACライブラリーや完全長cDNAリソースが開発され、ゲノムの精密解読も完了しています。

岡山大学資源植物科学研究所では独自に収集、開発したオオムギ系統、BACライブラリー、cDNAクローンの保存と提供を本プロジェクトによって行っています。また、BACクローンを効率的に選抜するためのフィルター、PCR用プールDNAを開発して提供しています。また、本プロジェクトによって開発されたオオムギ初の完全長cDNAクローンの配布および配列の公開も行っています。

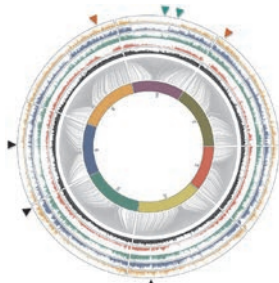
主な保有系統・研究例

- ゲノム解析標準系統「はるな二条」ほか
約6,000系統をDB公開・配付
cDNAクローン：5,000（はるな二条）
BACクローン：30万（はるな二条）、18万（野生オオムギ）

オオムギではゲノムリソースを活用して農業的に重要な形質の単離と選抜技術を開発することが重要な研究テーマとなっています。本プロジェクトでは、その研究の基礎となる突然変異をもつ系統と、遺伝子を同定するための情報を提供しています。岡山大学ではcDNAリソースの3'ESTから作製した約3,000の遺伝子をはるな二条と野生オオムギの分離集団にマップしました。さらに、この集団で分離する主要な種子休眠性を制御する遺伝子を単離して、その機能を解明しました。この研究では、本プロジェクトが提供するcDNA情報および2種類のBACライブラリーによって、遺伝子の塩基配列が同定されました。さらに遺伝子の分子進化的解析に保存系統が使われ、醸造によって休眠の短いオオムギが選抜された経過も示されました。



オオムギの穂の多様性



オオムギのゲノム配列解析にはNBPRが開発した「はるな二条」の完全長cDNAが遺伝子同定に貢献しました。また、岡山大が「はるな二条」のゲノム配列解読を行い、複数品種のゲノム比較による1,500万の一塩基多型（SNP）検出に利用されました。（IBSC 2012 Nature）



休眠型（左）と非休眠型（右）の遺伝子のみが異なるオオムギ系統の5週間後の発芽（Sato et al. 2016 Nature Communications）



中核的拠点整備プログラム ミヤコグサ・ダイズ

代表機関：宮崎大学 農学部
課題管理者：明石 良 FAX：0985-58-7257
お問い合わせ：legume@brc.miyazaki-u.ac.jp
URL：https://www.legumebase.brc.miyazaki-u.ac.jp/



概要・実施体制

マメ科植物は、熱帯から温帯地域において重要なタンパク質源として栽培・利用されており、二次代謝産物の蓄積や微生物との共生などの研究材料としても重要です。ミヤコグサ (*Lotus japonicus*) は、わが国に広く自生する多年性マメ科植物で、ゲノムサイズが小さく、世代期間が短いなどの特徴からモデルマメ科植物として広く利用されています。一方、ダイズ (*Glycine max*) は古くから重要な作物として栽培され、その基礎的研究も多く蓄積されています。

本事業では、ミヤコグサ・ダイズ遺伝資源の野生系統、実験系統、変異体、DNAや、その共生菌である根粒菌のリソースについても収集し、それらの総合的な維持・管理と提供を行います。また、海外の学会への発表やブース展示を行うことで、海外のユーザー数の拡大を図るとともに海外のリソース機関との連携体制を強化します。さらに、研究者コミュニティに求められる質の高いリソース整備とユーザーへの機能的な情報の提供を強化するために、収集したリソースに関する基盤情報の再構築と拡充を行います。

このため、代表機関を宮崎大学として全リソースの保存・配布とミヤコグサを中心としたリソース収集および事業の統括を行い、分担機関を東北大学としてリソースの基盤情報の再構築を中心に実施し事業を進めています。

主な保有系統・研究例

NBRP ミヤコグサ・ダイズでは、約4,000系統の植物リソースを保存しています。これらのリソースは、ミヤコグサでは3系統の実験系統や200系統の野生系統とセイヨウミヤコグサ由来根培養系（スーパールート）を中心に9種を整備しており、ダイズでは、野生ダイズであるツルマメや組換え自殖系統を含む6種を保存しています。一方DNAリソースは、ミヤコグサでは実験系統であるMiyakojima MG-20由来のBAC、TACおよびcDNAクローンや形質転換ベクターを保存し、さらに、ダイズでは標準系統である農林2号由来の完全長cDNAクローンを保有しており、これらのデータベースも公開されています。現在、最も利用されているリソースはミヤコグサ実験系統の「Gifu B-129」と「Miyakojima MG-20」であり、主に、根粒および菌根形成などの植物と微生物との相互作用に関わる研究で利用され、多くの重要な遺伝子も単離されています。今後は、ミヤコグサレトロトランスポゾンタグ系統（LORE1）や、根粒菌DNAクローンを利用した植物と微生物の相互作用に関連した研究の更なる発展が期待されます。





中核的拠点整備プログラム トマト

代表機関：筑波大学 つくば機能植物イノベーション研究センター
課題管理者：江面 浩 FAX：029-853-7734
お問い合わせ：ezura@gene.tsukuba.ac.jp
URL：http://tomato.nbrp.jp/



概要・実施体制

トマトはナス科植物および果実発達研究のモデル植物です。この重要性から国際コンソーシアム方式のトマトゲノム解読が実施され、全ゲノムDNA配列が決定されました。この結果を有効活用するために、本事業では筑波大学が代表機関、大阪府立大学および明治大学が分担機関となりトマトバイオリソース整備を実施します。

主な保有系統・研究例

筑波大学では実験系統、組換え体、およびトマトモデル系統Micro-Tom Japan（図1）のEMSおよびガンマ線突然変異誘発系統、計17,000系統を保存・維持しており（図2）、国立遺伝学研究所と連携してデータベースTOMATOMAを通してこれらの種子の配布を実施しています。一方、大阪府立大学では、マイクロトム完全長cDNAライブラリー、トマトBACクローンおよびトマトプロモータークローン、計627,312クローンを保存・維持しており、また分譲希望に応じて完全長cDNAクローンの配布を実施しています。大阪府立大学の維持する完全長cDNA配列情報などは、かずさDNA研究所・明治大学と連携してKaFTom、MiBASEおよび統合オミクスデータベースTOMATOMICsから公開しています。本年度は、本リソースを利用した研究成果が *Cell* 169.6 (2017): 1142-1155, *Nature Biotechnology* 35.5 (2017): 441-443, *Plant physiology* 171.3 (2016): 1821-1836 に掲載されました。



図1 トマトモデル品種Micro-Tom Japan



図2 Micro-Tom Japan の変異体集団



中核的拠点整備プログラム 広義キク属

代表機関：広島大学大学院 理学研究科 附属植物遺伝子保管実験施設
 課題管理者：草場 信 FAX：082-424-0738
 お問い合わせ：akusaba@hiroshima-u.ac.jp
 URL：http://shigen.nig.ac.jp/chrysanthemum/index.jsp



概要・実施体制



多様なキク属植物とその仲間たち

基配列情報や遺伝子発現情報などを付与することでリソースとしての高度化を進めていく。

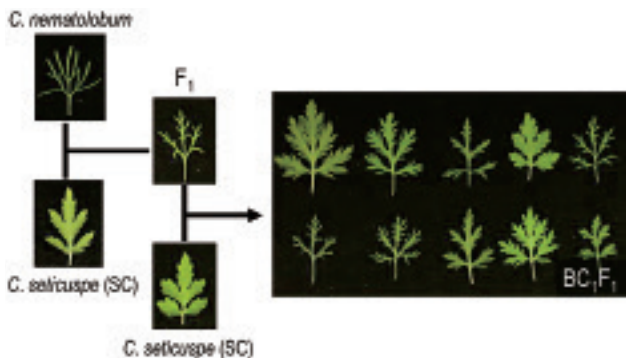
NBRP 広義キク属はキク属以外の近縁属も含め様々な形態や特性を持つ種を保有している。これらのリソースは研究者等に提供できるよう株あるいは種子として維持されている。

キク科は全被子植物のおよそ10分の1にあたる23000種以上を含む被子植物で最も繁栄している植物群のひとつである。その中でキク属植物は高次倍数体化と雑種化を伴った特徴的な進化を遂げており、多くの日本固有種を含む。栽培ギクは産業的に重要な種であるが、同質六倍体を基本としており、さらに自家不和合性を持つことから、遺伝的な解析は難しい。我々は二倍体野生ギクであるキクタニギク (*Chrysanthemum seticospe*) の自家和合性突然変異体を発見し、これを自殖・純系化することで、キク属モデル系統を開発した。この系統は、開花特性や頭状花の形態は栽培ギクと似ているうえ形質転換も可能であることから、栽培ギクのリファレンスリソースとして有用である。また、キク属は種間交雑が容易なため、種間の多様性を分子遺伝学的に解析することが可能である。このモデル系統はそのプラットフォームとしての役割が期待される。今後は全ゲノム塩



キク属モデル系統Gojo-0

主な保有系統・研究例



C. nematolobum (左) および自家和合性キクタニギクとの雑種後代 (右)

きわめて細い葉を持つ二倍体種 *C. nematolobum* と自家和合性キクタニギクとの交雑後代は葉の形態が様々に分離する。



中核的拠点整備プログラム アサガオ

代表機関：九州大学大学院 理学研究院
課題管理者：仁田坂 英二 FAX：092-802-4330
お問い合わせ：nitasaka.eiji.358@m.kyushu-u.ac.jp
URL：http://mg.biology.kyushu-u.ac.jp/



● 概要・実施体制

アサガオ (*Ipomoea nil*) は、遺伝学、生理学、天然物化学などの分野において100年以上にわたって膨大な知見が集積している我が国で発達してきたバイオリソースである。アサガオは、高い自殖性と少数の種子に由来



することに起因する非常に均一なゲノムを持ち、転移能の高いトランスポゾンによって誘発された花色や形態に関する豊富な変異体が存在する等、植物科学の様々な局面において利用可能な優れた特性を兼ね備えている。2016年に非常に高精度なゲノム配列が発表され、これを利用した今後の研究の進展も大いに期待される。応用分野においても、花卉園芸分野での利用や、同属の植物であるサツマイモのモデルとしての利用など今後重要度を増していくと考えられる。ナショナルバイオリソースプロジェクトでは、代表機関である九州大学と分担機関である基礎生物学研究所によって、突然変異系統、各種DNAクローン、突然変異遺伝子情報等の収集・保存・提供体制を整えており、これらの保有リソースとゲノム情報を統合することによって、我が国を代表するリソースに発展していくことが期待される。



EFPタンパク質が働いていないアサガオの突然変異体 (左) と正常なアサガオ (右)

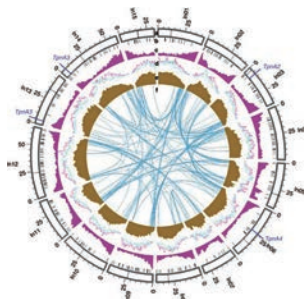
● 主な保有系統・研究例

◦ 東京古型標準型 (TKS)

国立遺伝学研究所の竹中要博士が、野生型に近いと考えられる系統を選抜し、自殖を繰り返した系統。本プロジェクトで提供しているDNAリソース等はこの系統から作製され、ゲノム解読にも用いられた。内在のトランスポゾンの転移も抑制されている。

◦ ムラサキ (Violet)

植物生理学分野の研究において、標準系統として広く用いられており、短日条件に鋭敏に反応して花芽をつける。突然変異系統と共通の多型を保持しており、東京古型との間の多型を利用した、各種形質のマッピング等への利用が期待される。



アサガオゲノムの概略図：周りの太い白抜き線が15本の(擬似)染色体に相当する

アサガオの標準系統である、東京古型標準型 (TKS) のゲノムが解読された。このゲノム配列は750 Mbのゲノムの98%をカバーしており、近年決定された植物のゲノムの中では最高レベルの精度を誇る。アフリカ系統の間との多型を利用したRADマーカーによってscaffoldが結合され、染色体数と同じ15群の擬似染色体にまとめられた。この情報を利用して、古典遺伝学的にマップされていた渦 (ct) 変異の原因遺伝子が単離された。(Hoshino et al. Genome sequence and analysis of the Japanese morning glory *Ipomoea nil*. *Nature Commun.* 7, 13295, 2016)



渦 (ct) 変異体：植物ホルモンシグナルの生合成に関する遺伝子の変異体



中核的拠点整備プログラム 藻類

代表機関：国立環境研究所
 課題管理者：河地 正伸 FAX：029-850-2587
 お問い合わせ：kawachi.masanobu@nies.go.jp
 URL：http://www.shigen.nig.ac.jp/algae/ (NBRP藻類総合サイト・遺伝研)
 http://mcc.nies.go.jp/ (微細藻類・環境研)
 http://ku-macc.nbrp.jp/ (大型海藻類・神戸大)



概要・実施体制

藻類リソースには、原核性のシアノバクテリアや真核性の光合成生物、そして藻類と系統的に近縁な非光合成の無色プロティスト（原生動物）など、系統進化的に異なる多様な生物群が含まれています（図1、2）。光合成研究のモデル生物としての利用に加えて、分子生物学や細胞学、生態、系統進化等のライフサイエンス分野、環境研究、応用開発研究など幅広い分野で利用されています。

NBRP藻類では、代表機関の国立環境研究所（微細藻類の収集・保存・提供、略称NIES）、分担機関である神戸大学（大型海藻の収集・保存・提供、略称KU-MACC）、北海道大学（藻類リソースのバックアップ）の3機関が連携して、モデル生物等の新たな重要種の収集、保存株の付加価値の向上とゲノム情報等の整備、品質管理体制の整備を行い、世界最高水準の藻類リソースの整備を目指す活動を展開しています。

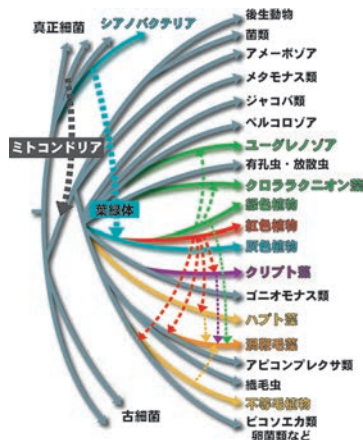


図1. 生物界全体の系統樹
 真核生物は様々な系統で構成されています。色の付いた枝は藻類グループを、破線矢印は葉緑体の起源を示しています。緑色植物、紅色植物、灰色植物の葉緑体はシアノバクテリア起源、その他の藻類の葉緑体は、緑色植物や紅色植物由来と考えられています。

主な保有系統・研究例

現在、約4,000株の多様な保存株が公開され、様々な研究や教育活動等に利用されています。

モデル生物（光合成、有性生殖、細胞分裂、性の進化研究など）

好熱性シアノバクテリアの *Thermosynechococcus elongatus* (NIES-2133/BP-1)、単細胞性紅藻の *Cyanidioschyzon merolae* (NIES-3377/10D)、緑藻の *Chlamydomonas reinhardtii* (NIES-2235/C-9)、褐藻 *Ectocarpus siliculosus* (KU-1371) など。

系統進化、分類学的重要種

種の記載等、分類学的研究に用いられた株、陸上植物への進化のキーとなる *Mesostigma viride* (NIES-296) やシャジクモ (NIES-1601) など。

環境問題を引き起こす有害種

有毒性株、アオコ形成藻の *Microcystis aeruginosa* (NIES-44)、赤潮形成藻の *Chattonella marina* (NIES-3) など。

バイオアッセイ用試験株

Pseudokirchneriella subcapitata (NIES-35)、海洋中の化学物質の新たな生物指標として期待される *Cyanobium* sp. (NIES-981) など。

バイオマス生産や有用物質生産に利用される株

オイル産生藻として著名な *Botryococcus braunii* (NIES-836)、多糖産生株の *Porphyridium* sp. (NIES-1035)、増殖の早い *Chlorella vulgaris* (NIES-227) など。

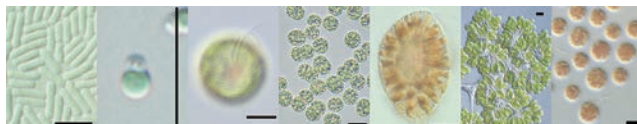
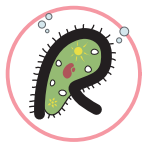


図2. 様々な藻類リソースの顕微鏡写真
 左から、*Thermosynechococcus* (NIES-2133)、*Cyanidioschyzon* (NIES-3377)、*Mesostigma* (NIES-296)、*Microcystis* (NIES-44)、*Chattonella* (NIES-3)、*Botryococcus* (NIES-836)、*Porphyridium* (NIES-1035)。
 スケールバー=10 μm。



中核的拠点整備プログラム ゾウリムシ

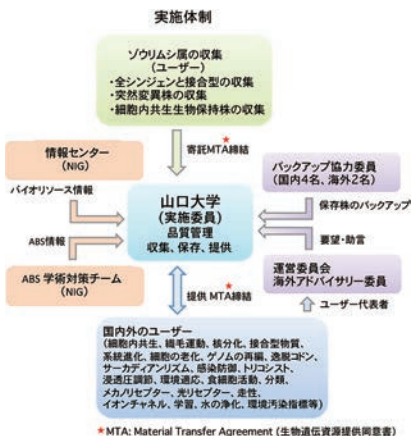
代表機関：山口大学大学院 創成科学研究科
 課題管理者：藤島 政博 FAX：083-933-5712
 お問い合わせ：nbrpcm@yamaguchi-u.ac.jp
 URL：http://nbrpcms.nig.ac.jp/paramecium/



概要・実施体制

ゾウリムシは真核細胞のモデル材料として様々な研究に使用され、47種が記載されていますが、現在でも採集される種は29種です。NBRP ゾウリムシは、国内外の研究者からの寄託と野外採集とで24種（約740株）を保存し、保存種数と株数は世界最大級です。当事業は国際拠点の役割を果たし、高品質の株を世界に提供しています。また、ゾウリムシ属の種の保存の機能も担っています。ユーザーからの需要が多い重要株は、災害に備えて、国内外の研究者に株のバックアップを依頼しています。

研究者のニーズに応じて、シンジェン、接合型、採集地、特徴などの情報も提供し、ゲノムの解読に使用された株や、トランスクリプトーム解析に使用された株も提供します。細胞内共生細菌や共生藻を維持している株の提供にもご相談に応じます。株利用の普及はホームページの更新、展示会、技術講習会などで行います。



主な保有系統・研究例

- *P. caudatum* strain My43C3d (NBRP PC121015B)
- *P. multimicronucleatum* strain M03c4 (NBRP PM024002A)
- *P. tetraurelia* strain 51 (NBRP PA040011A)
- *P. tetraurelia* strain d4-2 (NBRP PA040015A)

これら3種4株の大核ゲノムが解読されました (Aury, JM et al. Nature 444, 171-178, 2006; McGrath CL et al. Genetics 197, 1417-1428, 2014.)。

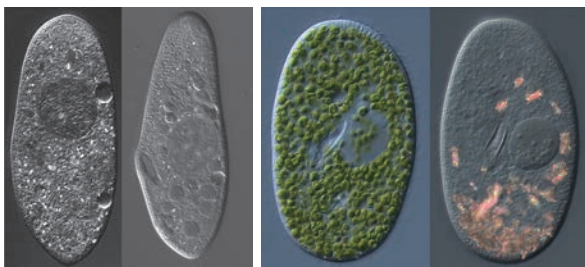
- *P. caudatum* strain RB-1 (NBRP PC042001A)

病原性細菌との *Legionella pneumophila* の相互作用が明らかになりました (Watanabe K et al. Scientific Reports 6, Article number: 24322, 2016.)。

- *P. bursaria* strain Yad1g1N (NBRP PB031010B)

クロレラ *Chlorella variabilis* の再共生過程とクロレラの有無による宿主の遺伝子発現の変化がRNA-seqで解明されました (Kodama Y, Fujishima M. In, *Biocommunication in ciliates*, (Eds, Witzany G, Nowacki M) Springer, pp. 277-304, 2016; Kodama Y. et al. BMC Genomics, 2014, 15:183.)。

収集種 (24種)	H29年9月現在
<i>P. caudatum</i>	<i>P. primaurelia</i>
<i>P. multimicronucleatum</i>	<i>P. biaurelia</i>
<i>P. jenningsi</i>	<i>P. triaurelia</i>
<i>P. nephridiatum</i>	<i>P. tetraurelia</i>
<i>P. bursaria</i>	<i>P. pentaurelia</i>
<i>P. putrinum</i> (= <i>P. trichium</i>)	<i>P. sexaurelia</i>
<i>P. duboscqui</i>	<i>P. septaurelia</i>
<i>P. calkinsi</i>	<i>P. octaurelia</i>
<i>P. woodruffi</i>	<i>P. nonaurelia</i>
未収集種 (5種)	<i>P. decaurelia</i>
<i>P. polycaryum</i>	<i>P. undecaurelia</i>
<i>P. africanum</i>	<i>P. dodecaurelia</i>
<i>P. schewiakoffi</i>	<i>P. tredecaurelia</i>
<i>P. chlorelligerum</i>	<i>P. quadaurelia</i>
<i>P. buetschlii</i>	<i>P. sonneborni</i>



大核特異的 *Holospira obtusa* (左) と小核特異的 *H. undulata* (右) を持つ *P. caudatum*、共生クロレラを持つ *P. bursaria* (左) とクロレラを除去した *P. bursaria* (右)。



中核的拠点整備プログラム 細胞性粘菌

代表機関：理化学研究所 生命システム研究センター

課題管理者：上村 陽一郎 FAX：06-6155-0112

お問い合わせ：ykamimur@riken.jp

URL：http://nenkin.nbrp.jp/

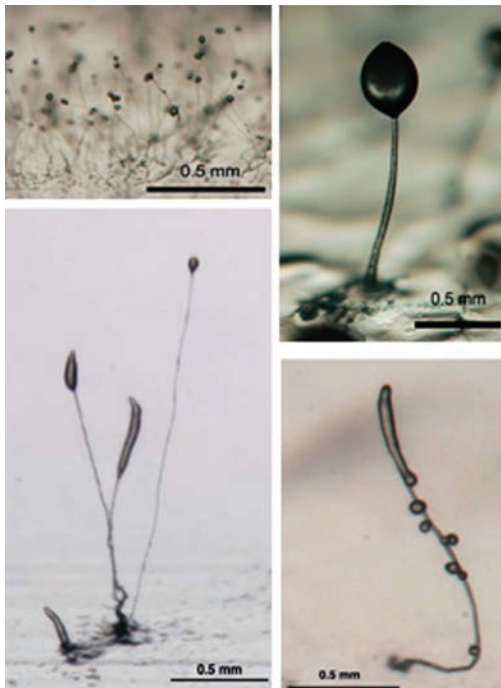


概要・実施体制

細胞性粘菌はバクテリアを捕食して分裂増殖する単細胞アメーバですが、飢餓状態になると集合して多細胞化し、孢子塊とそれを支える柄からなる子実体を形成することが大きな特徴です。発生や細胞分裂・細胞運動の、また数理生物学のモデル生物として活躍しています。培養は大腸菌や酵母などの微生物と同様簡単で、ほとんどの分子生物学的手法が適用できます。また、半数体であり、遺伝子破壊株の作製が容易であるという特徴もあります。これまで細胞性粘菌を使用したことのない研究室でも十分利用していただけます。近年の研究により、細胞性粘菌は病原細菌の感染宿主になることや、有用生理活性物質を産生することからなどから医科学や創薬分野の研究材料としても利用されています。

NBRP「細胞性粘菌」は理化学研究所（生命システム研究センター）と筑波大学が協力し、国際標準となる高品質のリソースを整備するとともに国内ユーザーのニーズに広く対応することをめざして、

- ①株の収集・保存と提供
- ②遺伝子とベクターの収集・保存と提供
- ③新規ユーザー対象のトレーニングコースなどを行っています。



主な保有系統・研究例

Dictyostelium discoideum（キイロタマホコリカビ）

NC4, KAX3, AX2, AX4, V12株等、及び遺伝子操作株各種
その他の種：

Dictyostelium mucoroides, *Dictyostelium purpureum*

Polysphondylium pallidum, *Acytostelium subglobosum* 等

遺伝子発現ベクター：

D. discoideum での解析用タグ付き発現ベクター

D. discoideum AX4株はゲノムとESTの解析に使用された株です。KAX3株とAX2株は細胞運動、走化性、細胞分裂等の研究における分子生物学、細胞生物学、生物物理学の解析に多用され、また数多くの発生に関わる遺伝子も同定されています。また収集されている新規野生株からは、新規有用生理活性物質の探索がおこなわれています。



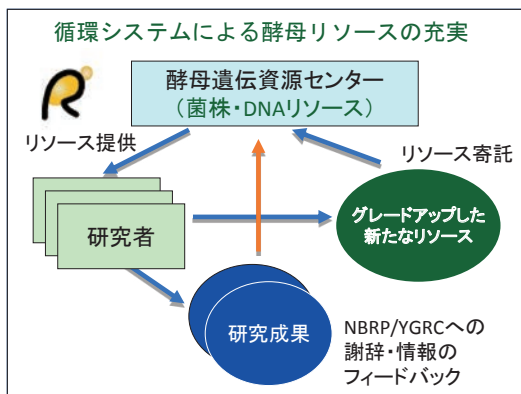
中核的拠点整備プログラム 酵母

代表機関：大阪市立大学大学院 理学研究科
 課題管理者：中村 太郎 FAX：06-6605-2576
 お問い合わせ：nbrpombe@sci.osaka-cu.ac.jp (中村太郎)
 bygrc@bio.eng.osaka-u.ac.jp (杉山峰崇)
 URL：http://yeast.lab.nig.ac.jp/nig/

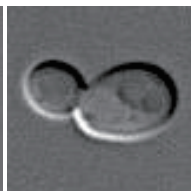


概要・実施体制

酵母は真核細胞のモデルとして重要です。とくに、分裂酵母 *Schizosaccharomyces pombe* と出芽酵母 *Saccharomyces cerevisiae* は生命科学のさまざまな分野で研究に貢献しています。研究の進展にはバイオリソースの整備と迅速な流通が欠かせません。第1～3期の事業を通して、NBRP/YGRCは世界トップクラスのリソース機関となりました。第4期ではこれまでの事業を継続しつつ、ゲノムワイドなリソースや需要の多い旬のリソースを充実させ、さらなるリソースの質の向上を目指します。事業の実施は大阪市立大学大学院理学研究科（分裂酵母担当）と大阪大学大学院工学研究科（出芽酵母担当）が行っており、リソースのバックアップ機関として広島大学自然科学研究支援開発センターが参加しています。また、産学の研究者からなる「酵母遺伝資源運営委員会」がリソース利用者との接点となり、事業に協力しています。



分裂酵母



出芽酵母

主な保有系統・研究例

・分裂酵母（菌株約23,100株、DNAクローン約103,000）

細胞分裂、有性生殖関連の突然変異株、遺伝子破壊株、GFP融合遺伝子を発現させる菌株ライブラリー、配列決定した完全長cDNAおよびゲノムクローンセット、各種cDNA・ゲノムライブラリー、条件致死変異株セット

・出芽酵母（菌株約27,300株、DNAクローン約6,200）

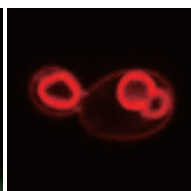
細胞周期、細胞壁合成関連の突然変異株、オートファジー関連変異株、減数分裂特異的DNA組換え関連変異株、オーキシン誘導デグロンリソース、ゲノムワイドな染色体部分重複株シリーズ、gTOW6000リソース、リボソーム合成関連リソース、DNAバーコード菌株リソース、*S. cerevisiae*以外のモデル酵母変異株リソース、プロテインホスファターゼ遺伝子の二重破壊株シリーズなど

研究成果

- GFP融合遺伝子を用いた解析により、タンパク質の細胞内局在や動的な性質が、さまざまな現象について明らかになりました。
- 完全長cDNAライブラリーを用いた解析から、分裂酵母の転写産物の実態が明らかになりました。



核分裂装置の可視化 (分裂酵母)



液胞膜の可視化 (出芽酵母)



中核的拠点整備プログラム 原核生物(大腸菌・枯草菌)

代表機関：情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 生物遺伝資源センター
課題管理者：仁木 宏典 FAX：055-981-6826
お問い合わせ：genkaku@nig.ac.jp
大腸菌 URL：http://www.shigen.nig.ac.jp/ecoli/strain/
枯草菌 URL：http://www.shigen.nig.ac.jp/bsub/



概要・実施体制

国内で開発された大腸菌と枯草菌のリソースを収集・保管し、基礎研究機関に向けて分譲を行っている。分譲依頼はそれぞれの菌のホームページから受け付けており、必要な菌株が見つかったら、発送に必要な事項をウェブ上で記入し、その手続きを行う。通常、国内であれば一週間以内に届けられる。分譲に関わる郵送料は原則、分譲依頼者が負担する。また、菌株は一株あたり1,290円が課金される。分譲件数により課金額は変わるのでホームページで確認のこと。分譲の際には生物遺伝資源譲渡同意書(MTA)を取り交わす必要がある。依頼側の研究プロジェクトの代表者と取り交わすことになる。また、一部のリソースは、遺伝子組み換え生物に当たるため、これらを取り扱うための許可を依頼者側で取得しておく必要がある。

国立遺伝学研究所を代表機関として、本事業を行っているが、リソースの安全な保管のため九州大学が分担機関として保存事業に参加している。

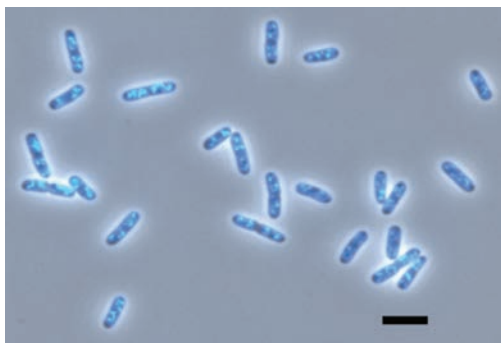
主な保有系統・研究例

公開し分譲しているリソースは、すべて非病原性の系統である。大腸菌はK12株、枯草菌は168株に由来する。遺伝子リソースでは、大腸菌の遺伝子クローンが、発現ベクターにHisタグ付き、さらにGFPタグ付きのプラスミドクローンとして公開されている。

大腸菌リソースは、大きく3つに分類される。

- **大腸菌の変異系統リソース** (網羅的遺伝子欠損株やトランスポゾン破壊株等)
- **クローン化遺伝子リソース** (ASKA クローンのGFPタグ付き、GFPタグなし等)
- **クローニングベクター** (465種類) と宿主リソース

枯草菌のリソースは奈良先端科学技術大学院大学の小笠原研究室を中心として作成された約2,500株から成る枯草菌の遺伝子破壊株コレクション (Kobayashi et al., 2003) の収集・保存している。このすべての株について破壊遺伝子の確認をPCRにより行っている。いわゆるシームレスクローニングと遺伝子アッセムブリ用に使える大腸菌宿主株の分譲も開始した。



大腸菌



枯草菌



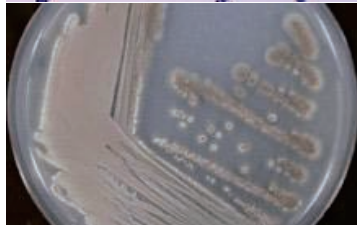
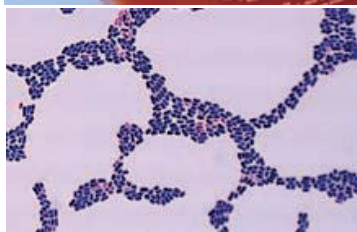
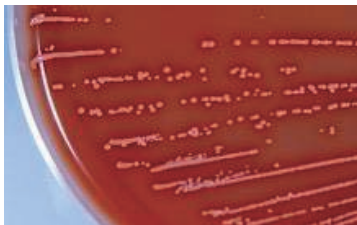
中核的拠点整備プログラム 一般微生物

代表機関：理化学研究所バイオリソースセンター 微生物材料開発室
 課題管理者：大熊 盛也 FAX：029-836-9561
 お問い合わせ：inquiry.jcm@riken.jp
 URL：http://jcm.brc.riken.jp



概要・実施体制

微生物は、種多様性が特徴で、様々な機能を有しており、環境と健康のための研究や、バイオテクノロジー分野をはじめとした幅広い分野の学術研究に数多く活用されてきました。NBRP一般微生物では、多種多様な微生物株を収集・保存・提供していますが、微生物の種を代表する基準株や、機能・ゲノム情報が解明されたものなど、質的観点を重視した整備を実施しています。微生物株を利用する研究レベルの向上のために、性状やゲノム・論文等の微生物株に関する付随情報を充実させ、データベースの利便性の向上にも努めています。その結果、多数の利用をいただいて、微生物が関連する学術研究に貢献しています。海外や営利機関への提供も多く、世界最高水準の機関として認知され、国民の課題解決のための研究開発にも貢献しています。また、毎年数多くの微生物株が寄託されますが、寄託株には取り違え等の問題も多く、寄託受入時または提供時に遺伝子検査などで品質管理を徹底しています。これらの品質管理と事業全般において、国際品質マネジメント規格ISO9001の認証を得て、信頼性の確保に努めています。



主な保有系統・研究例

乳酸菌、放線菌を含む多様な細菌、アーキア、酵母と糸状菌の真菌に属する多種にわたる微生物株を公開しています。特に、性状が明らかにされ研究に多用される基準株を数多く整備しています。また、極限環境を含む生態系で重要な役割を果たしている微生物や、人と動物の常在微生物など、環境と健康の研究に有用なもの、食品や農業・創薬・バイオエネルギー・物質生産・環境浄化などのバイオテクノロジー分野で有用な微生物株を数多く利用可能としています。

利用者によって毎年数多くの論文や特許が生まれており、それらの研究成果は、NBRPの情報公開サイトと当機関のホームページから発信し、それぞれの微生物株の付随情報にもしています。

最上段：ISO9001の認証ロゴ
 写真上：腸管病原性細菌の感染防御に働くビフィズス菌 *Bifidobacterium longum* subsp. *longum* JCM 1217
 中上：免疫を活性化する乳酸菌 *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* JCM 5805 (グラム染色像)
 中下：大村智先生が分離したエバームクテン産生放線菌 *Streptomyces avermitilis* JCM 5070
 下：デンプンからバイオディーゼルの産生する酵母 *Cryptococcus terricola* JCM 24518



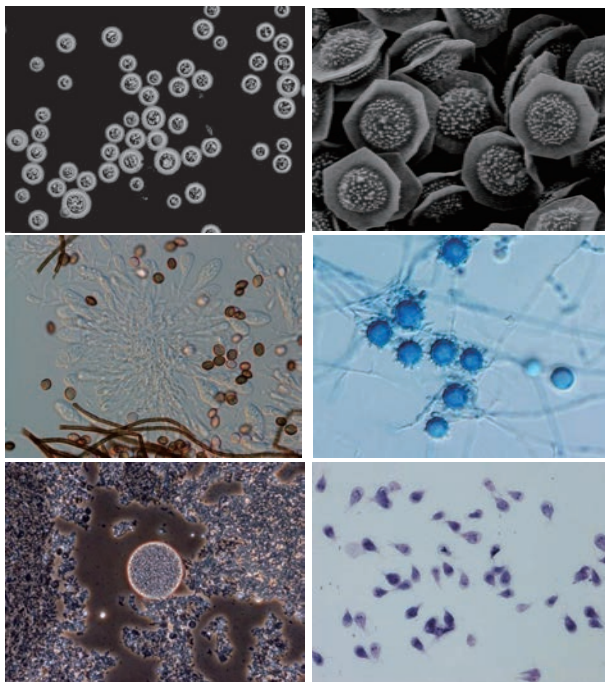
中核的拠点整備プログラム 病原真核微生物

代表機関：千葉大学 真菌学研究中心 課題管理者：矢口 貴志
FAX：043-226-2790 お問い合わせ：yaguchi@chiba-u.jp
URL：http://www.pf.chiba-u.ac.jp/
長崎大学 平山 謙二 お問い合わせ：hiraken@nagasaki-u.ac.jp



概要・実施体制

NBRP「病原真核微生物」参加機関である千葉大学真菌学研究中心（病原真菌・放線菌）と長崎大学熱帯医学研究所（病原原虫）は、相互の機関の連携を図りつつ、これらの病原微生物株の収集・保存・提供体制を整備して、生理性状、分子生物学的な情報および臨床情報を賦与した信頼できる病原微生物株として提供し、感染症と病原体の教育・研究をする人々を支援します。そして、「今後、病原真菌・放線菌および病原原虫によるいかなる感染症が起った場合でも、確実に対応できる病原微生物コレクション」を目指します。本プロジェクトでは病原微生物を生菌での取り扱いのできない研究機関にも、DNA、不活化菌体での提供を実施しています。



主な保有系統・研究例

病原真菌・放線菌および病原原虫

高度病原真菌（三種病原体を含む）の全ての菌種とその他主要な病原真菌の菌種、Nocardiaを中心とする病原放線菌の基準株、およびヒト感染性の原虫株（他の機関が有する原虫株の情報公開も）を保存しています。

研究成果：(1)全ゲノム解析株、(2)新種の提案における標準株、(3)薬剤感受性試験の比較株、(4)製薬会社における新規薬剤評価の供試菌株、(5)MALDI-TOF MSデータベース作成のための菌株、さらに(6)教育・実習用の菌株などとして利用されてきました。



中核的拠点整備プログラム 病原細菌

代表機関：岐阜大学 研究推進・社会連携機構 微生物遺伝資源保存センター
課題管理者：田中 香お里 FAX：058-230-6184
お問い合わせ：g_cmr@gifu-u.ac.jp
大阪大学 飯田 哲也 お問い合わせ：iida@biken.osaka-u.ac.jp
群馬大学 富田 治芳 お問い合わせ：tomitaha@gunma-u.ac.jp



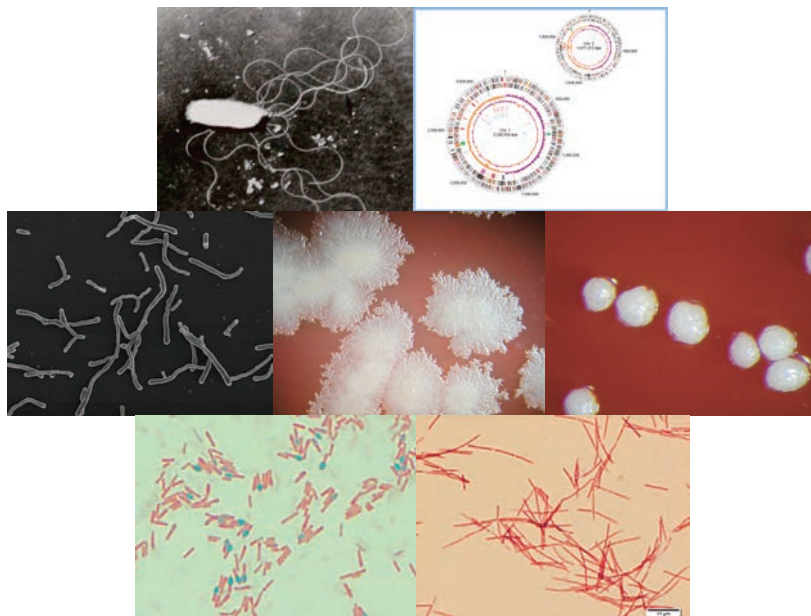
概要・実施体制

NBRP病原細菌では、感染症及びヒトの健康に関わる細菌の収集、保存、提供を行っています。参加機関である岐阜大学・微生物遺伝資源保存センター（GCMR）（種々の領域の感染症起因菌、日和見感染菌）、大阪大学・微生物病研究所（種々の腸管感染症起因菌）、群馬大学・医学系研究科附属薬剤耐性菌実験施設（バックアップ機関）が連携し、より安定した保存体制の整備を図ると共に、利用に際して有用な菌株情報を付与したコレクションを提供し、感染症と病原体に関連した教育・研究・開発をする人々を支援します。また、定年などで退職される研究者のコレクションを引き継ぎ、貴重な遺伝資源の保全も行っています。

本プロジェクトでは病原微生物を扱っているため、菌種によっては、依頼機関へ施設情報の提供を求めことや、データベースの検索に制限をしていることがありますので、希望者は事前に担当者にご相談ください。

主な保有系統・研究例

ヒトに病原性を有する細菌種の80%以上を保存しています。また、コレクションには、感染症学上、重要な血清型など菌種内のバリエティ株も含まれています。今後、一層の充実を図り、主要な薬剤耐性菌、人獣共通感染症病原体についても拡充していきます。研究成果：(1)病原微生物同定用のDNAチップの作製用に、また、(2)全ゲノム解析株として、(3)新菌種の提案における標準株として、(4)臨床分離菌の薬剤感受性の精度管理菌株として、(5)学生の実習用の菌株として、さらに(6)製薬会社の薬剤開発用などに利用されてきました。





中核的拠点整備プログラム 研究用ヒト臍帯血細胞

代表機関：東京大学医科学研究所附属病院 課題管理者：長村 登紀子
 本リソースの提供に関しては下記にお問い合わせください
 提供申込：理化学研究所バイオリソースセンター 細胞材料開発室
 FAX：029-836-9130 お問い合わせ：cellbank@brc.riken.jp
 URL：http://www.brc.riken.jp/lab/cell/

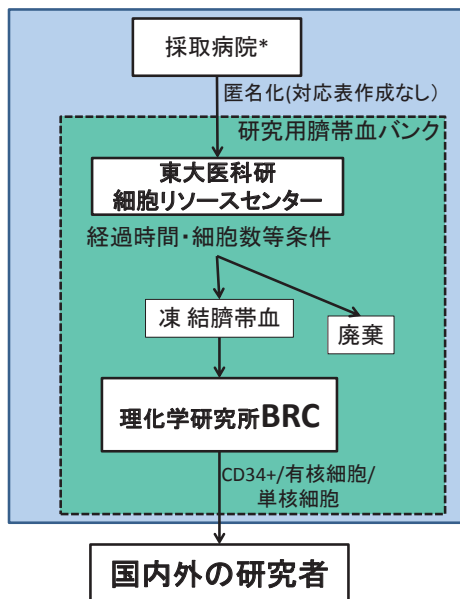


概要・実施体制

ヒト臍帯血幹細胞は、最も未分化な造血幹細胞を豊富に含むとともに、間葉系幹細胞などを含むことが知られています。臨床的には白血病などの難治性血液疾患に造血幹細胞移植の細胞源として利用されていますが、再生医療、創薬研究、免疫学研究、感染症研究、遺伝学研究、環境医学研究など広く医学研究や生物学研究でも利用が進められています。

本事業では、出産に際して、研究用臍帯血として本事業への提供の同意書を取得できたものについて譲渡を受け、東京大学医科学研究所細胞リソースセンターで細胞調製後に凍結保存したものを、理化学研究所バイオリソースセンターを通じて、再生医療や創薬などを始めとした医学発展を目指した基礎研究やトランスレーショナル研究を行う産学の研究者に提供しています。

研究用臍帯血の流れ



主な保有系統・研究例

○ 単核細胞 (CBF)

- 提供形態：クライオチューブ（4本組）または凍結バッグ
- 細胞数： 1×10^7 個以上/チューブまたは 1×10^8 個以上/バッグ
 - ※同一ドナー由来、異なるドナー由来の組み合わせが選択可能
- 処理方法：Ficoll法
- 凍結時好中球：20%以下

○ 有核細胞 (HCB)

- 提供形態：プラスチックバッグ
- 細胞数： 3×10^8 個以上/バッグ
- 処理方法：HES法

○ CD34陽性細胞 (C34)

- 提供形態：クライオチューブ
- 細胞数： 1×10^5 個以上/チューブ
- 処理方法：磁気ビーズ法
- 凍結時CD34陽性率：90%以上

※凍結臍帯血については感染症検査（HBs-Ag, HbC-Ab, HCV-Ab, HIV-I/II-Ab, HTLV-1-Ab, Syphilis (TPHA, RIA)）、及び無菌検査を実施済。

*公的臍帯血バンクに参加している採取施設においては、臨床用適応外臍帯血が本事業の対象となっています。



中核的拠点整備プログラム ヒト・動物細胞

代表機関：理化学研究所バイオリソースセンター 細胞材料開発室
 課題管理者：中村 幸夫 FAX：029-836-9130
 お問い合わせ：cellqa.brc@riken.jp（細胞の培養方法に関する質問等）
 cellbank.brc@riken.jp（細胞の寄託や提供に関する質問等）
 URL：http://www.brc.riken.jp/lab/cell/



概要・実施体制

細胞材料は「いつでも」「どこでも」「誰でも」比較的簡単に用いることができる研究材料となっている。特に、細胞株は試験管の中で半永久的に増殖することが可能であり、きわめて便利な研究材料である。しかし、そのことは「両刃の剣」であり、研究初心者も培養に携わることになり、「細胞の取換え」や「マイコプラズマ汚染」（図1）などが頻繁に発生している。「細胞の取換え」や「マイコプラズマ汚染」が生じている試料をそのまま研究に使用した場合には、結果の正確さや実験の再現性を欠如した研究となってしまい、科学的に正しい結論を得られない。当室では、「細胞の取換え」や「マイコプラズマ汚染」がないことを確認した細胞試料を提供する万全な体制を整備している。研究者には、新しいプロジェクトを開始するような際には、当室から細胞を入手することを推奨していきたいと考えている。尚、当室事業はISO9001の認証を得ている（図2）。

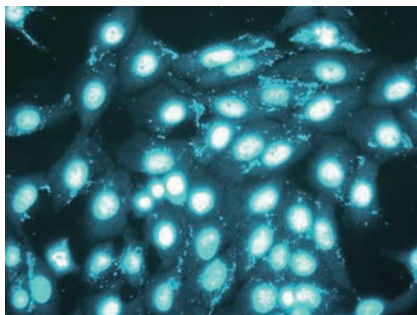


図1. 細胞のDNA染色。マイコプラズマ感染により、細胞の核のみならず、細胞質も染まっている。

主な保有系統・研究例

(1) 一般細胞

- ヒト癌細胞株、ヒト初代培養細胞（線維芽細胞等）
- 動物細胞株（マウス、ラット等）

(2) 遺伝子解析を主目的とする細胞

- 健常日本人細胞
- 園田・田島コレクション（海外の様々な人種民族）
- 患者由来細胞（Werner症候群：後藤コレクション、乳癌等）

(3) 幹細胞

- ヒト体性幹細胞（臍帯血、間葉系幹細胞）
- ES細胞（ヒト、マーモセット、マウス。マウス）
- iPS細胞（ヒト、マウス、ウサギ）
- 疾患特異的iPS細胞（ヒト）



図2. ISO9001 認証

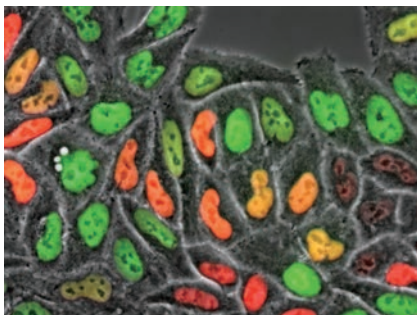


図3. 細胞周期マーカーを発現したHeLa細胞（HeLa/Fucci）

培養細胞を用いた研究成果は既に膨大な数に達している（下記URL参照）。

<http://www.brc.riken.jp/lab/cell/>

HeLa細胞は1952年に樹立された世界初のヒト癌細胞株であり、その後の多種多様な癌細胞株の樹立を惹起した細胞株であるが、現在でも様々な研究に汎用されている。図3はHeLa細胞に細胞周期マーカーを発現させた細胞株（HeLa/Fucci: RCB2812）であり、細胞周期研究に汎用されている。



中核的拠点整備プログラム 遺伝子材料

代表機関：理化学研究所バイオリソースセンター 遺伝子材料開発室
課題管理者：村田 武英 FAX：029-836-9120
お問い合わせ：dnabank.brc@riken.jp
URL：http://dna.brc.riken.jp/ja/



概要・実施体制

遺伝子材料は、現在のライフサイエンス研究において最も基本的かつ不可欠な研究材料です。遺伝子の機能や発現調節の解析などの基礎的な研究から、診断・治療法の開発や創薬、物質生産などの応用研究まで、幅広い分野で遺伝子材料が必要とされています。当室では、研究者が開発した遺伝子材料や文科省ナショナルプロジェクトで作製された大規模クローンセットなどを収集・保存・品質管理・提供しています。



近年、遺伝子材料はPCRなどで容易に準備できるようになりました。しかし、増幅中に変異が入り、正確な実験結果が得られないこともあります。実験の再現性を確保した信頼性の高いリソースを国内外に提供するために、クローンの増殖性、制限酵素地図、塩基配列の確認等による厳格な品質管理を行っています。遺伝子材料のみならず、それらに付随する特性情報ならびに技術をホームページで公開するとともに、宿主大腸菌や組換えウイルスなどの取扱いに関する技術研修も実施しています。

遺伝子材料の収集・提供に関する生物遺伝資源寄託・提供同意書を整備し、寄託者と利用者の権利と責任を明確にし、円滑な利用を図っています。また、企業が権利を所有する先端的なリサーチツールを用いたバイオリソースについても、企業の理解と協力を得て、寄託と提供を可能としてきました。当センターに遺伝子材料を寄託していただくことにより、維持と分与のための研究者の負担が減るのみでなく、公開により共同研究や文献引用の機会が増加します。ご寄託とご利用をお待ちいたしております。

主な保有系統・研究例

○ 全世界の研究者から寄託されたクローン

[ヒト、モデル動物および微生物のゲノムクローン（BACなど）やcDNAクローン]

個々の研究者が論文で発表したクローン、NBRP 各中核機関からの遺伝子材料、文科省ナショナルプロジェクトの成果物などの大規模クローンセットを提供しています。京都大学化学研究所 KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) のデータベースとのリンクが張られ、パスウェイやヒト・マウス・分裂酵母間の相同遺伝子などの遺伝子リソースを検索することができるようになっています。

○ 実験にすぐに使用できる遺伝子材料

[組換えアデノウイルス、プロモーターレポーター、遺伝子発現ベクター]

発現ベクターなどに再構築することなく、すぐに使用できるリソースも取り揃えています。例えば、ルシフェラーゼレポーターリソースは、Hedgehog、Notch、Wnt/ β -cateninの各シグナル解析用に加えて、ヒト由来約300遺伝子のプロモーターとの融合クローンが利用可能です。



情報センター整備プログラム 情報

代表機関：情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 生物遺伝資源センター
 課題管理者：川本 祥子 FAX：055-981-6886
 お問い合わせ：nbrp@shigen.info
 URL：http://www.nbrp.jp/



概要・実施体制

情報センター整備プログラムでは、NBRPの情報発信体制の整備とプロジェクトの総合的推進のために、(1)リソースデータベースの整備、(2)大型類人猿情報ネットワーク（GAIN）の活動、(3)地球規模生物多様性情報機構（GBIF）日本ノードの活動、(4)ABS（遺伝資源へのアクセスと利益配分）への対応、(5)NBRP広報、以上の5課題に7機関で取り組んでいます。中心課題であるリソースデータベースの整備では、情報公開サイトやリソース分譲サイトの構築支援と運用、ゲノム情報等整備プログラムの成果公開支援を進めるとともに、NBRPポータルサイトの運用、NBRP全リソース653万件の横断検索サービス、リソースが利用・引用されている論文28000報のデータベースを公開しています。大型類人猿情報ネットワークでは日本のヒト上科（チンパンジー、ゴリラ、オランウータン他）の情報ネットワーク整備を、GBIF日本ノードでは生物多様性情報の利用と公開のサービスを行っています。また代表機関にABS対策チーム、広報室を設置し活動を行っています。

- (1) NBRPポータルサイト <http://www.nbrp.jp/>
- (2) 大型類人猿情報ネットワーク（GAIN） <http://shigen.nig.ac.jp/gain/>
- (3) 地球規模生物多様性情報機構（GBIF）日本ノード <http://www.gbif.jp>
- (4) NBRP成果論文データベース <https://rrc.nbrp.jp/>

主な保有系統・研究例

代表機関：国立遺伝学研究所 ・ 情報体制整備およびプロジェクトの総合的推進
 ・ ABS 学術対策チーム ・ NBRP 広報室

www.nbrp.jp



ポータル



総合検索



成果論文データベース

分担機関

京都大学：

大型類人猿情報ネットワークの展開
 GAIN-日本に住むヒト上科に関する情報ネットワーク



国立科学博物館：

自然史系博物館のネットワークを活用した生物多様性情報の提供

東京大学：

生物多様性情報発信に関する国内外情報収集および情報の標準化



九州大学：

生物工学分野の遺伝資源取得支援と契約雛形などのツールの作成

筑波大学：

育種学及び園芸学関連とシードバンクに関する遺伝資源取得支援

首都大学東京：

アジアにおけるABS関連実務事例の研究に基づく多様性生物学分野での遺伝子資源取得・利用に対する支援活動



ゲノム情報等整備プログラム 日本産愛玩由来JF1/MS系統の高精細ゲノム情報整備

代表機関：情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 系統生物研究センター
 課題管理者：高田 豊行 FAX：055-981-6817
 お問い合わせ：ttakada@nig.ac.jp
 URL：http://molossinus.lab.nig.ac.jp/msmdb/index.jsp



概要・実施体制

実験動物マウスは、生命・医学研究に不可欠な哺乳動物のバイオリソースです。国立遺伝学研究所（遺伝研）は、世界中で汎用されるC57BL/6J（B6）系統とは遺伝的起源が異なる野生由来系統を含んだ「ミシマバッテリー」を樹立しました。これらは、理研BRCや遺伝研を通して広く研究コミュニティに提供され、様々な研究に活用されています。その中で、愛玩マウス由来JF1/MS（JF1）系統は、我々が行ったゲノム解析から、その祖先が複数の汎用実験用マウス系統の成立に関与し、表現型にも大きな影響をおよぼしている可能性が示唆されています。我々は、以前よりJF1のゲノム多型情報を整備し、データベースを通じて公開してきました。本ゲノム情報等整備事業では、新たに1分子リアルタイムDNAシーケンサによるJF1のゲノム解析とデータの公開を行います。これにより、SNPなどの既存の多型情報に加えて、複雑なゲノム構造多型を考慮した「より正確なJF1のゲノム参照配列」が整備され、「正しい参照配列」として研究コミュニティの多面的な研究に貢献します。本課題は、遺伝研の生命情報研究センター比較ゲノム解析研究室および先端ゲノムクス推進センター、さらに情報・システム研究機構データサイエンス共同利用基盤施設ゲノムデータ解析支援センターと共同で実施します。またデータの公開は、遺伝研のマウスゲノムデータベース“NIG_MoG”を通じて行います。



ゲノム情報等整備プログラム 日本産コムギ標準品種のゲノム解析によるコムギ多様性情報の整備

代表機関：京都大学大学院 農学研究科
 課題管理者：那須田 周平 FAX：075-753-6486
 お問い合わせ：nasushu@kais.kyoto-u.ac.jp
 URL：http://www.plant-genetics.kais.kyoto-u.ac.jp



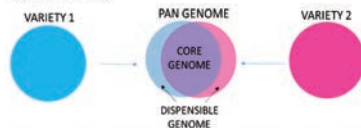
概要・実施体制

日本産コムギ代表品種である農林61号のゲノム配列を高精度に解読して、レファレンスゲノムとしての活用を図り、品種間の比較ゲノム解析によるコムギ多様性情報の基盤を構築する。広域に適応したコムギの遺伝資源の多様性の評価のために国際コムギ10ゲノムプロジェクトが立ち上がった。横浜市立大学・産業技術総合研究所・京都大学で形成した我々の研究チームは10ゲノムプロジェクトと連携して利用し、コムギの最大公約数的な汎ゲノム（Pan Genome）配列の決定（図1）に貢献する。

ゲノム情報はライフサイエンスの最も基礎的な研究資源であり、農林61号の高精度ゲノム配列は基礎研究・育種応用研究の共通の研究リソースとなる。そして、NBRP・コムギで育成中の農林61号を固定親としたNested Association Mapping集団にゲノム情報という高い付加価値を与える。農林61号のゲノム情報を基軸に塩基多型、発現遺伝子などの塩基配列情報から実験系統群の種子系統情報までを閲覧できるようにリソースデータベースKOMUGIを充実する。

国際コムギ10ゲノムプロジェクト コムギの核心ゲノムと汎ゲノムを定義する

10品種の比較により：
 ある・なし変異：Presence/Absence variation (PAV)
 コピー数変異：Copy number variation (CNV)
 構造変異：Structural Variation
 を明らかにする。



我々は、日本産コムギ標準系統 農林61号の高精度ゲノム配列決定に貢献し、コムギの比較ゲノム研究の基盤を形成する。

図1 高精度ゲノム解析を行うことによりコムギの比較ゲノム研究の基盤を形成する。

基盤技術整備プログラム 系統保存の高信頼化を可能にする 基盤技術整備

代表機関：情報・システム研究機構国立遺伝学研究所
課題管理者：近藤 周 FAX：055-981-6825
お問い合わせ：skondo@nig.ac.jp
URL：https://shigen.nig.ac.jp/fly/nigfly/



概要・実施体制

現在ショウジョウバエ系統の維持は、継代飼育によって行われている。継代飼育の性質上、飼育中のアクシデントや、遺伝的組換えによる遺伝形質の消失により、重要な系統が失われるリスクを完全に排除することはできない。従って、より安定的に系統を維持する方法を確立するとともに、万が一失われた系統については同等の遺伝的形質を迅速に復元する技術の開発が求められている。さらに、ストックセンターで維持される系統の数は毎年増え続けており、省力化・省スペース化を可能にする抜本的な新規保存方法の開発も急務である。本課題ではこれらの問題点を解決するため、次の基盤技術整備を行う。

(1) 長期かつ安定的に系統を保存する新技術として、始原生殖細胞の凍結保存方法を実用レベルまで効率化する。(2) 継代飼育における遺伝的安定性を高めるため、遺伝的組換えを完全に抑制し、より安定的に遺伝形質を維持することが可能な新規バランス染色体の開発を行う。これらの技術が実用化されれば、維持可能な系統のキャパシティの大幅な向上をもたらし、より多くの系統を収集・保存することが可能になる。また、注文頻度の低い系統については、継代飼育から凍結保存に移行することで、保存スペースと維持にかかる労働力に削減することが可能になり、ストックセンター運営の効率化に貢献できる。



基盤技術整備プログラム 野生イネ遺伝資源へのゲノム編集 技術適用のための基盤技術整備

代表機関：情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 系統生物研究センター
課題管理者：佐藤 豊 FAX：055-981-6879
お問い合わせ：yusato@nig.ac.jp
URL：http://www.shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabase/



概要・実施体制

野生イネは元来野生の遺伝資源であることから、栽培イネに比べると実験材料としては、はるかに扱いづらいことが知られています。このため、実験手技に関する情報が少ないことが大きな課題になっています。このような状況において、利用者に野生イネ遺伝資源の新たな利用方法を提案することは、利用者の拡大を図るうえで重要であると考えられます。そこで、本基盤技術整備プログラムでは、遺伝子導入系およびCRISPR/cas9システムによるゲノム編集技術がなるべく多くの野生イネにおいても使える条件を探査し、それを公開することにより野生イネ遺伝資源を用いた分子遺伝学的解析を可能にします。

イネのゲノム編集過程では、アグロバクテリウム菌の感染を介した形質転換が不可欠ですが、そのためにはイネ細胞を一旦脱分化させたのち、再分化処理を行うことで植物体を再生させる必要があります。これまでの予備実験から、栽培イネで確立された再分化・脱分化の条件が、近縁野生イネには適用可能なものが一部含まれる一方、多くの野生イネには不適合であることがわかっています。そこで、野生イネの形質転換系を確立し、CRISPR/cas9によるゲノム編集による形質改変が可能であることを確かめます。このように、本基盤技術整備プログラムでは、野生イネ遺伝資源へのゲノム編集技術適用のための基盤技術整備を行います。



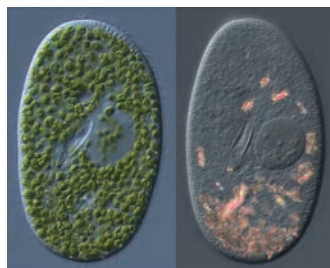
基盤技術整備プログラム ソウリムシ属の凍結保存技術の開発

代表機関：山口大学大学院 創成科学研究科
課題管理者：藤島 政博 FAX：083-933-5712
お問い合わせ：nbrpcm@yamaguchi-u.ac.jp
URL：http://nbrpcms.nig.ac.jp/paramecium/



概要・実施体制

繊毛虫 *Paramecium* (ソウリムシ) 属では、これまでに DMSO と液体窒素を用いた凍結保存の成功例が *P. aurelia* と *P. caudatum* で数例報告されていますが、未だに、信頼できる技術として実用化はされていません。その理由は、解凍後の生存率が不安定で低いからです。そのため、*Paramecium* 属の長期保存は、試験管を使って、低温(約 10℃) で 1 ヶ月に 1 回培養液を加え、ゆっくり増殖させる方法で行われています。*Paramecium* の寿命は、種ごとに接合後の細胞分裂回数で決まっています。 *P. caudatum* の場合は約 700 回です。 *P. caudatum* は、25℃ では 1 日に 3 回の分裂をしますので、8 ヶ月後には寿命が尽きます。10℃ では数年間の保存が可能ですが、老化を止めることはできません。そこで、特定の株を使用して、生活環の特定時期の細胞を長く使用できるようにするためには、安定して高い生存率が得られる凍結保存技術の開発が必須です。本研究課題は、島根大学の児玉有紀准教授、筑波大学の高橋三保子名誉教授、石巻専修大学の芳賀信幸教授の協力を得て、安定して高い生存率が得られる *Paramecium* 属の新たな凍結保存技術の開発を目指します。



顕微鏡写真：共生クロレラを持つ *P. bursaria* (左) とクロレラを除去した *P. busaria* (右)。

NBRPリソースを使った研究成果フィードバックについて



バイオリソースを利用した研究成果の集積は当該リソースの利用価値を一層高めます。NBRPではNBRPリソースを使った研究成果情報を収集し、バイオリソースとリンクさせてデータベース化を進めています。このために、NBRP利用者には、リソース利用の成果を論文等で発表する際、論文中には必ず「使ったリソース名」と「提供元」を記載していただくとともに、論文情報を代表機関にも通知していただくことになっています。Web上から簡単にフィードバックできる以下の「オンライン論文情報登録サイト」も用意しておりますのでご利用ください。

<http://www.nbrp.jp/> トップメニューの「成果（一覧・登録）」ボタン



NBRPリソースの入手方法と提供手数料について



リソースの入手方法

<http://www.nbrp.jp/>にアクセスし、ご希望のリソースを選び、提供申し込み方法に従ってお申し込みください。

NBRPリソースの提供手数料

提供にかかる実費は利用者にご負担していただきます。

海外からの遺伝資源に係る名古屋議定書に関する学術分野の対応



海外からの植物・動物・微生物を入手・利用する際には、関連する各国の国内法令等の遵守は必須です。遺伝資源へのアクセスと利益配分（ABS：Access and Benefit Sharing）に関する名古屋議定書が2014年に発効されました。2017年8月20日に、我が国は99番目の名古屋議定書締約国となり、同時に国内措置（ABS指針）が開始されました。また、近年、各国の関連の法令整備が進んでいます。これらのことから、ABSに関してより一層な注意が必要であります。

我々は海外からの遺伝資源の取得の機会及びその利用から生ずる利益の公正なる公平な配分（ABS）対応に関する大学等への体制構築支援や、遺伝資源取得に関わる支援活動等を行なっています。

1. 大学体制づくり支援・啓発

無料出張セミナー、大学体制構築に関するアドバイス、ポスターリーフレット作成、体制構築ハンドブック作成を行っています。

2. 遺伝資源取得支援

相談窓口により、メールや電話による相談を行なっています。分担機関とともに遺伝資源取得支援を行っています。

3. 海外遺伝資源に関する国際的な活動

海外関係機関との連携や生物多様性条約締約国会議などへの参加（デジタル配列情報などの課題対応）を行っています。

また、本課題の分担機関として、九州大学有体物管理センター、筑波大学遺伝子組み換え実験センター、首都大学東京牧野標本館と共に活動を行っています。さらに、大学体制構築WGとして、東京海洋大学、三重大学、京都大学などからなる、協力校と大学体制構築に関する検討を行っています。

担当：情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 知的財産室 鈴木睦昭

お問い合わせ：abs@nig.ac.jp msuzuki@nig.ac.jp

TEL：055-981-5831 FAX：055-981-5832

URL：http://www.idenshigen.jp（英語版はhttp://nig-chizai.sakura.ne.jp/abs_tft/en/）



鈴木睦昭

ABS学術対策チームのウェブサイト開設

プロジェクトの概要

ナショナルバイオリソースプロジェクトでは、前述の目的に適った収集・保存・提供や技術開発等を行うため、(1) 中核的拠点整備プログラム、(2) ゲノム情報等整備プログラム、(3) 基盤技術整備プログラム、(4) 情報センター整備プログラムの4つのプログラムを設け、各プログラムが連携を図りつつ実施しています。

(1) 中核的拠点整備プログラム

ライフサイエンス研究の基礎・基盤となる重要な生物種等であって、我が国独自の優れたバイオリソースとなる可能性を有する生物種等について収集・保存・提供を行う拠点（中核的拠点整備プログラムにおいて）を整備するものです。

(2) ゲノム情報等整備プログラム

NBRPで収集・保存・提供するバイオリソースについて、系統・特性情報、ゲノム配列やcDNA等の遺伝子情報、及びライブラリー等のゲノムリソース等を整備することにより、バイオリソースの品質や付加価値を高め、我が国のバイオリソースの独自性・先導性を高めることを目的として行うものです。

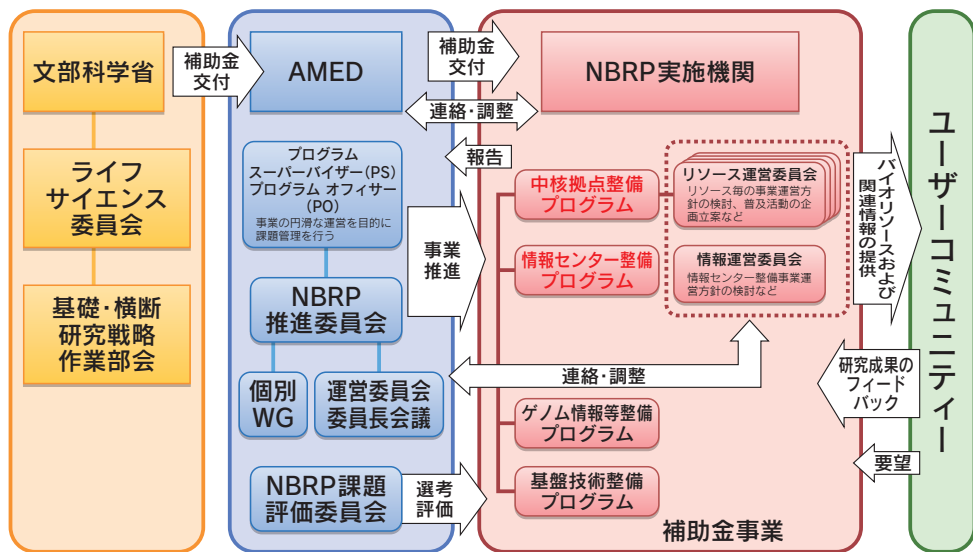
(3) 基盤技術整備プログラム

中核的拠点整備プログラムが対象とする生物種等に関するバイオリソースの収集、増殖、品質管理、保存、提供等に係わる技術開発を行うものです。

(4) 情報センター整備プログラム

中核的拠点整備プログラムの代表機関および分担機関において整備されるバイオリソースの所在情報や遺伝情報等のデータベースの構築及びホームページ等を通じたNBRP事業の広報活動等を整備・強化するものです。

ナショナルバイオリソースプロジェクト推進体制



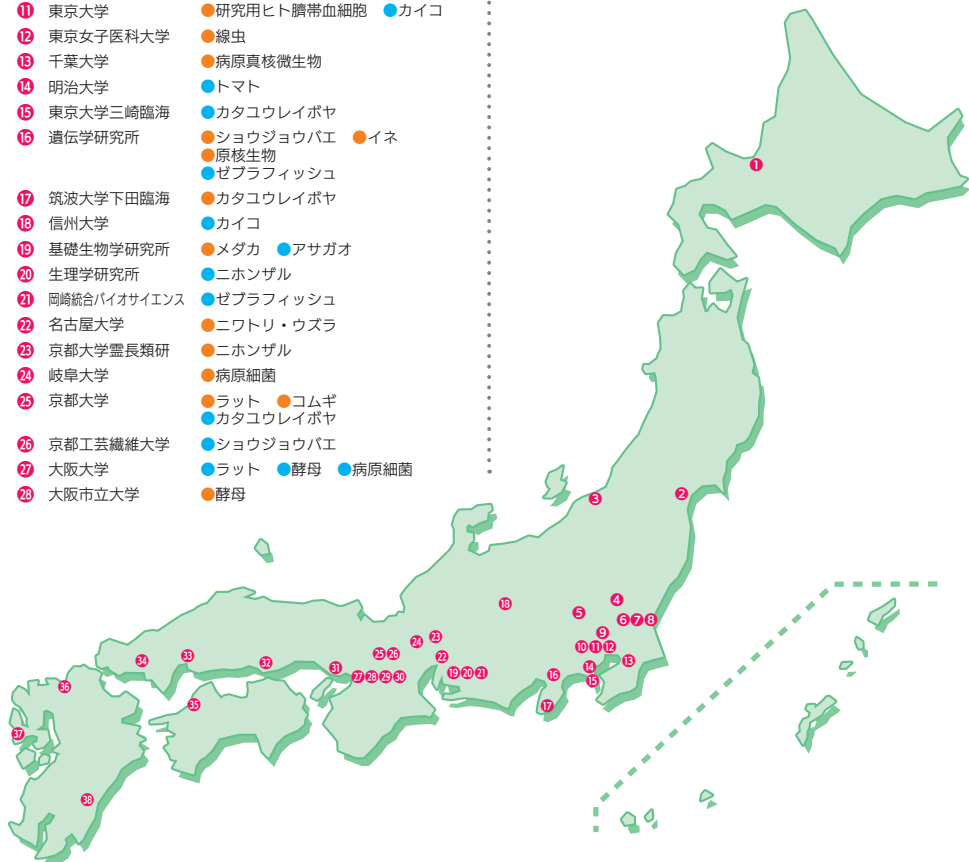
NBRP推進委員会

役 職	氏 名	所 属
主 査	小原 雄治	大学共同利用機関法人情報・システム研究機構 ライフサイエンス 統合データベースセンター センター長
副主査	小幡 裕一	国立研究開発法人理化学研究所 バイオリソースセンター センター長
	岡田 清孝	龍谷大学農学部 教授
	河瀬 眞琴	筑波大学グローバル・commons機構国際交流支援部門 部門長 筑波大学生命環境系教授
	篠崎 一雄	国立研究開発法人理化学研究所 環境資源科学研究センター センター長
	城石 俊彦	大学共同利用機関法人情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 副所長・教授
	田畑 哲之	かずさDNA研究所・副理事長／所長
	林 哲也	九州大学大学院医学研究院 教授
	福田 裕穂	東京大学大学院理学系研究科 教授

中核的拠点整備プログラム参画機関の全国分布図 (第4期NBRP)

●代表機関 ●分担機関

- | | | | |
|-----------------|------------------------------------|----------------|--------------------|
| 1 北海道大学 | ●藻類 | 29 大阪府立大学 | ●トマト |
| 2 東北大学 | ●ミヤコグサ・ダイズ | 30 理化学研究所 QBiC | ●細胞性粘菌 |
| 3 新潟大学 | ●メダカ | 31 神戸大学 | ●藻類 |
| 4 宇都宮大学 | ●メダカ | 32 岡山大学 | ●オオムギ |
| 5 群馬大学 | ●病原細菌 | 33 広島大学 | ●ネッタイツツメガエル ●広義キク属 |
| 6 筑波大学 | ●トマト ●細胞性粘菌 | | ●酵母 |
| 7 環境研究所 | ●藻類 | 34 山口大学 | ●ゾウリムシ |
| 8 理化学研究所BRC | ●実験動物マウス ●シロイヌナズナ
●等実験植物 ●一般微生物 | 35 愛媛大学 | ●ショウジョウバエ |
| | ●ヒト・動物細胞 ●遺伝子材料 | 36 九州大学 | ●カイコ ●アサガオ |
| | ●ラット ●研究用ヒト臍帯血細胞 | | ●イネ ●原核生物 |
| 9 理化学研究所BSI | ●ゼブラフィッシュ | 37 長崎大学 | ●病原真核微生物 |
| 10 杏林大学 | ●ショウジョウバエ | 38 宮崎大学 | ●ミヤコグサ・ダイズ ●メダカ |
| 11 東京大学 | ●研究用ヒト臍帯血細胞 ●カイコ | | |
| 12 東京女子医科大学 | ●線虫 | | |
| 13 千葉大学 | ●病原真核微生物 | | |
| 14 明治大学 | ●トマト | | |
| 15 東京大学三崎臨海 | ●カタコウレイボヤ | | |
| 16 遺伝学研究所 | ●ショウジョウバエ ●イネ
●原核生物 | | |
| | ●ゼブラフィッシュ | | |
| 17 筑波大学下田臨海 | ●カタコウレイボヤ | | |
| 18 信州大学 | ●カイコ | | |
| 19 基礎生物学研究所 | ●メダカ ●アサガオ | | |
| 20 生理学研究所 | ●ニホンザル | | |
| 21 岡崎総合バイオサイエンス | ●ゼブラフィッシュ | | |
| 22 名古屋大学 | ●ニワトリ・ウズラ | | |
| 23 京都大学霊長類研 | ●ニホンザル | | |
| 24 岐阜大学 | ●病原細菌 | | |
| 25 京都大学 | ●ラット ●コムギ
●カタコウレイボヤ | | |
| | ●ショウジョウバエ | | |
| 26 京都工芸繊維大学 | ●ラット ●酵母 ●病原細菌 | | |
| 27 大阪大学 | ●ラット ●酵母 ●病原細菌 | | |
| 28 大阪市立大学 | ●酵母 | | |



NBRPの歩み

1996年（平成8年）	7月	「第1期科学技術基本計画」で生物遺伝資源を含む知的基盤の整備の重要性が謳われる
2001年（平成13年）	1月	理化学研究所筑波研究所にバイオリソースセンターが開設される
2002年（平成14年）	4月	新世紀重点研究創生プラン（RR2002）の一環として、文部科学省のイニシアチブの下でナショナルバイオリソースプロジェクト（NBRP）が立ち上げられる
	4月	第1期NBRP事業開始 22リソース 中核的拠点整備プログラム（5年間）及び情報センター整備プログラム（5年間）から構成される
2003年（平成15年）	4月	中核的拠点整備プログラムの対象生物種として2リソースが追加される
	12月	特別企画「バイオリソース」展示（第26回日本分子生物学会 神戸）以後毎年開催また他学会へも広報活動を適宜拡大
2006年（平成18年）	6月	「バイオリソース整備戦略のための報告書」（平成18年6月 ライフサイエンス委員会バイオリソース整備戦略作業部会）が公表される
2007年（平成19年）	4月	第2期NBRP事業開始 27リソース
	4月	ゲノム情報等整備プログラム（単年度）及び基盤技術整備プログラム（単・複数年度）が増設される
	12月	文部科学省及び推進委員会がNBRP実施機関を訪問し、課題管理者及び機関責任者等と意見交換を行うSite Visitが開始される
2008年（平成20年）	3月	第2期NBRPキックオフシンポジウム「生命科学の未来を拓くバイオリソース」（如水会館）を開催
2009年（平成21年）	4月	文部科学省の委託事業から研究開発施設共用等促進費補助金（NBRP）事業に移行
	8月	「NBRPにおけるデータベース整備および成果情報の公開に関する報告書」及び「NBRPにおける実費徴収および知的財産権の保護のあり方に関する報告書」がワーキンググループから報告される
2010年（平成22年）	2月	「NBRPにおける実費徴収の基本的な考え方」が通知される
	10月	Asian Network of Research Resource Centers 第2回会議（つくば）
2011年（平成23年）	6月	バイオリソース整備戦略作業部会報告書「今後のバイオリソース整備のあり方について」（平成23年6月）が公表される
	8月	東日本大震災を受けて「バイオリソースの防災対策シンポジウム」が開催され、本震災を教訓に今後取り組むべき防災対策が共有される
2012年（平成24年）	1月	NBRP発足10周年記念公開成果報告会（品川）を開催
	4月	第3期NBRP事業開始 29リソース
	11月	第3期NBRP開始記念シンポジウム「第3期の挑戦」（品川）を開催
2013年（平成25年）	10月	Asian Network of Research Resource Centers 第5回会議（葉山）
	12月	名古屋議定書に係る国内措置のあり方検討会報告書（環境省）が公開される
2014年（平成26年）	12月	全リソースの代表機関に対するSite Visitは一巡し二巡目に入る
2015年（平成27年）	1月	第3期NBRP中間年度公開成果報告会（品川）を開催
	4月	NBRP事業の運営が文部科学省から国立研究開発法人日本医療研究開発機構（AMED）に移管される
2016年（平成28年）	5月	「今後のバイオリソース整備の在り方について」（ライフサイエンス委員会基礎・横断研究戦略作業部会）が公表される
	9月	Asian Network of Research Resource Centers 第8回会議（京都）
2017年（平成29年）	4月	第4期NBRP事業開始 30リソース

■連絡先／本事業の運営に関すること

国立研究開発法人 日本医療研究開発機構
基盤研究事業部 バイオバンク課

〒100-0004 東京都千代田区大手町1-7-1 読売新聞社ビル21F
Tel: 03-6870-2228
E-mail: national-bioresource@amed.go.jp
URL: <http://www.amed.go.jp>

■連絡先／本冊子の内容に関すること

国立遺伝学研究所
ナショナルバイオリソースプロジェクト広報室

〒411-8540 静岡県三島市谷田1111
Tel: 055-981-6876
E-mail: nbrp-pr@nig.ac.jp
URL: <http://www.nbrp.jp>