

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

ON  
BY MEANS OF NATURAL SELECTION,

OR THE  
PRESERVATION OF FAVOURED RACES IN THE STRUGGLE  
FOR LIFE.

BY CHARLES DARWIN

LIBRARY B793  
1871年12月20日  
英大支那



MEMBER OF THE ROYAL GEOLOGICAL SURVEY  
OFFICE OF THE GENERAL SECRETARY

# 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

バイオリソース名	*	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研究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研究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	理化学研究所脳神経科学研究センター	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	理化学研究所脳神経科学研究センター	
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
	○	齋藤 都暁	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研究部門	
		和多田 正義	愛媛大学大学院理工学研究科	
カイコ		栗崎 健	杏林大学医学部	10
	○	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	
		嶋田 透	東京大学大学院農学生命科学研究科	
線虫	○	梶浦 善太	信州大学学術研究院繊維学系	11
シロイヌナズナ	○	三谷 昌平	東京女子医科大学医学部	12
イネ	○	小林 正智	理化学研究所バイオリソース研究センター実験植物開発室	13
		佐藤 豊	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	
コムギ		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	
オオムギ	○	那須田 周平	京都大学大学院農学研究科	14
ミヤコグサ・ダイズ	○	佐藤 和広	岡山大学資源植物科学研究所	15
		明石 良	宮崎大学農学部	
トマト		佐藤 修正	東北大学大学院生命科学研究科	16
	○	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	
		青木 考	大阪府立大学生命環境科学研究科	
広義キク属		矢野 健太郎	明治大学農学部	17
	○	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

バイオリソース名	*	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	○ B	河地 正伸 川井 浩史 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	理化学研究所生命機能科学研究センター 筑波大学生命環境系	22
酵母	○ B	中村 太郎 杉山 峰崇 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）	○ B	仁木 宏典 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研究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 芳芳	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附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ッシング・輸血部 理化学研究所バイオリソース研究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研究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研究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

課題名	代表機関	分担課題名	課題管理者	実施機関	頁番号
情報	○	—	川本 祥子	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	31
		GAIN	松沢 哲郎	京都大学高等研究院・豊長類研究所	32
		GBIF 日本ノード	伊藤 元己 細矢 剛	東京大学大学院総合文化研究科 国立科学博物館標本資料センター	
		ABS対応	深見 克哉 村上 哲明 渡邊 和男	九州大学有体物管理センター 首都大学東京牧野標本館 筑波大学遺伝子実験センター	33
外部検証促進のための人材育成	○	—	越本 知大	日本実験動物学会	34

# ● 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

このプログラムは中核的拠点整備プログラムで選定された生物種等を対象に、バイオリソースの系統・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を解析・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います。ゲノム解析技術の進展による配列解読の低コスト化とゲノム編集技術の進展に伴い、ゲノム情報の整備はさらに重要性を増すことが考えられます。

バイオリソース名	課題管理者	実施機関	課題	実施期間
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	ネッタイツメガエル近交系のゲノム多型情報の整備	2018年度
ゼブラフィッシュ	川上 浩一	情報・システム研究機構国立遺伝学研究所個体遺伝研究系	有用ゼブラフィッシュ系統のゲノム情報整備による高品質化	2018年度
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	ロングリードを用いたキク属モデル系統のゲノム解析	2018年度
ショウジョウバエ	齋藤 都暁	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・ゲノム編集系統の配列情報整備	2018年度
カイコ	嶋田 透	東京大学大学院農学生命科学研究科	薬理・生理・病理学研究に適した大型カイコ実験系統のゲノムリサーチエンジン	2018年度
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
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
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系統のリサーチエンジンと公開	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サーチエンジンと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サーチエンジン(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ロ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研究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サーチエンジン	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サーチエンジン	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研究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サーチエンジン	2014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

バイオリソース名	課題管理者	実施機関	課題	実施期間
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研究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	NBRPI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
カタユウレイボヤ	稲葉 一男	筑波大学下田臨海実験センター	カタユ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研究センター実験動物開発室	マウスC57BL/6N垂系統のBACエンドシーケンスの完成	2010年度
トマト	青木 考	かすさディー・エヌ・イー研究所	マイクロトムゲノム配列解読	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	メダカ近交系リソー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研究センター実験動物開発室	マウスC57BL/6N垂系統の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科遺伝子実験センター	マイクロトム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
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	ラットLE/StmのBACエンドシーケンス	2008年度
トマト	青木 考	かすさディー・エヌ・イー研究所	マイクロトム完全長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研究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Thellungiella halophila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

# ● ナショナルバイオリソースプロジェクト実施機関一覧 ●

## 基盤技術整備プログラム

このプログラムは、中核的拠点整備プログラムで選定された生物種等を対象に、バイオリソースの品質管理や保存技術の向上等が、NBRPの質を向上させるために重要であることから、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や付加価値向上を目的として行います。このプログラムにより、主に動物種の凍結保存技術などで、新たな技術開発が進捗しています。

バイオリソース名	課題管理者	実施機関	課題	実施期間
実験動物マウス	池 郁生	理化学研究所バイオリソース研究センター実験動物開発室	マウスの監視微生物ゲノム情報整備	2018年度～2019年度
ニホンザル	中村 克樹	京都大学霊長類研究所	ニホンザルバイオリソースにおけるBウイルス検査法の開発	2018年度～2019年度
ニワトリ・ウズラ	中村 隼明	広島大学大学院生物圏科学研究科	鳥類生殖細胞の凍結保存技術の高度化	2018年度～2019年度
カイコ	伴野 豊	九州大学大学院農学研究院	カイコ及び近縁野蚕の凍結保存技術の高度化	2018年度～2019年度
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	ニワトリPGCの凍結保存に関する技術開発	2018年度～2019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	系統保存の高信頼化を可能にする基盤技術整備	2017年度
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
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
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スの整備	2016年度
ラット/ゼブラフィッシュ/ネッタイツメガエル	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研究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	中潟 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研究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研究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、微生物等）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踏まえて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研究センター 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：https://mus.brc.riken.jp/



### 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/>

# AMMRA

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



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

### 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研究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)。

### 主な保有系統・研究例

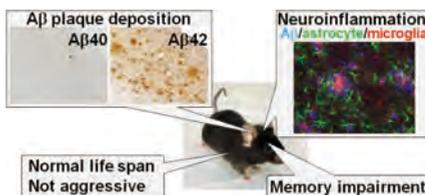
近交系、自然・誘発突然変異、Cre・FLP ドライバーや各種現象を可視化するトランスジェニック、ノックアウト・ノックインなどの標的変異、コンジェニック、染色体異常、染色体組換え、及び野生マウス由来など、約5,000系統を保持しています。

#### ● C57BL/6-App<sup>tm3(NL-G-F)Tcs/TcsRbrc</sup> (RBRC06344)

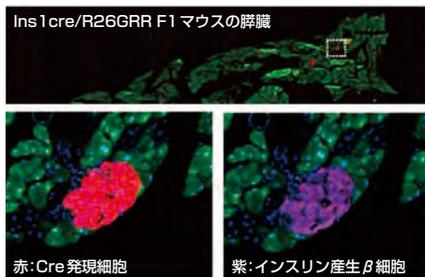
西道博士および斉藤博士ら（理研・脳科学総合研究センター）により家族性アルツハイマー病の原因遺伝子の一つである App 遺伝子に患者で発見された Swedish 変異 (NL)、Iberian 変異 (F) および Arctic 変異 (G) をノックインした次世代型アルツハイマー病モデルマウスが開発されました。このマウスモデルは患者のアミロイド病理をよく再現し (図1)、アルツハイマー病の予防・治療研究の標準モデルとして期待されています (*Nat Neurosci* 17: 661-3, 2014)。

#### ● C57BL/6-Gt(ROSA)26<sup>tm1(CAG-EGFP/DsRed)Utr</sup> (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<sup>iem1(cre)Utr</sup> 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)。



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



Courtesy of Dr. Fumihiko 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

これまで約800系統を収集し、その保存系統は近交系、自然・誘発・その他の突然変異、リコンビナント近交系、コンジェニック、コンソミック、コアイソジェニック、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。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・内分泌等の様々な研究分野に利用されています。

### ●重症免疫不全ラット (X-SCID, SCID, FSG)

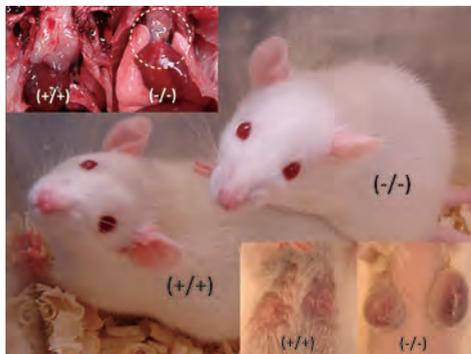
ZFN/TALEN技術により世界で初めて免疫不全ラットが開発されました(右図)。免疫不全ラットは、免疫・感染研究のみならず、ヒト幹細胞等の移植モデルとしても利用されています。

### ●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。W-Tg (Ty1-COP4/YFP\*) 4Jfhy 系統に代表される光遺伝学解析用系統をはじめ、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、アカゲザルやカニクイザルとともに、オナガザル亜科マカカ属に分類される中型のサルです。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ます。特に、日本固有の種であるニホンザルは、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、遺伝的変異が低く、より複雑に発達した認知機能を示します。これらの特徴は、我が国の高次脳機能研究における国際競争力の維持に大きく貢献しています。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ています。



ニホンザルの親子  
(京都大学霊長類研究所施設内)

第4期NBRPでは、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きます。ニホンザルの提供時には、基本検査として体重・外観検査・ツベルクリン反応検査・赤痢菌検査・サルモネラ検査・サル水痘ウイルス抗体検査・Bウイルス検査・サルレトロウイルス検査を実施します。また、研究者の要望を満たすべく、サルの性別・年齢・身体的特徴などを研究目的に合わせて事前に振り分けを行っています。

## 主な研究例

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同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 (*Nat Neurosci* 17(4): 601-611, 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の脳科学的な証明 (*Science* 350(6256): 98-101, 2015)、トゥレット障害で見られる音声チックの霊長類モデルの作出と症状の発現に関わる脳部位と異常活動の特定 (*Neuron* 89(2): 300-307, 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 (*Sci Adv* 2(9): e1600558, 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 (図1-2, *Science* 355(6321): 188-193, 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ます。

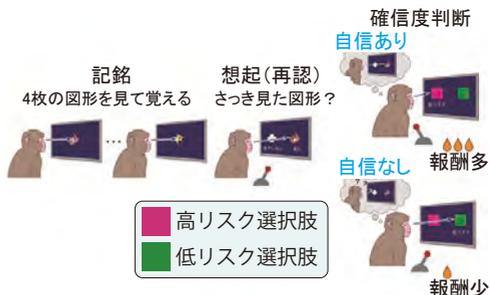


図1. 記憶した4枚の図形と同じものを選ぶ再認記憶課題に回答後、自身の回答に自信があるかを問う確信度判断を行う。高リスク選択肢 (ピンク) を選ぶと、正解の場合だけ多量の報酬を得られる。低リスク選択肢 (黄緑) を選ぶと、正解・不正解に関わらず少量の報酬を得られる。サルは正解時により多く高リスク選択肢を選ぶ傾向を示し、記憶に対する自信 (メタ記憶) に基づいて確信度判断を行っていることが確かめられた。

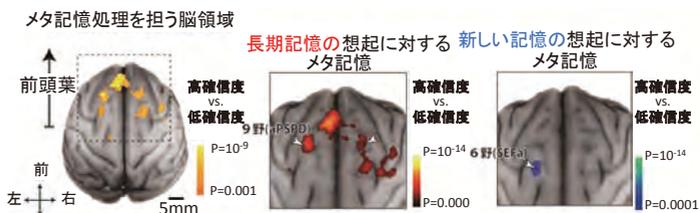


図2. fMRI法で同定された、記憶の想起成功時のメタ記憶処理に関わる脳領域。とくに前頭葉に局在し、長期記憶の想起に対するメタ記憶処理は9野、新しい記憶の想起に対するメタ記憶処理は6野と、別の領域が担っていることが分かった。©2017 東京大学 (*Science* 355(6321): 188-193, 2017)



## 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：https://www.agr.nagoya-u.ac.jp/~nbrp/



### 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、及び微生物モニタリングの実施により高品質のリソースを提供しています。さらに近年のCRISPR-Cas9システムを用いた新たな遺伝子改変ニワトリの収集や、生殖細胞の凍結保存技術の開発に努めています。また、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 (<http://viewer.shigen.info/uzura/>) から公開しています。



ニホンウズラ  
ゲノムアセンブリ情報サイト

### 主な保有系統・研究例

ニワトリでは、すべてのニワトリのコントロールとなる野生原種である赤色野鶉、世界的にも例を見ない高度近交系、遺伝的均質度の高いクローズドコロニー、及びヒト疾患モデルを含む突然変異系統など合わせて約30系統を、ニホンウズラでは、遺伝的均質度の高い標準系統とクローズドコロニーのほか、肉用の大型ウズラ、多様な羽装を示す突然変異体など合わせて約20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。

#### ● GSP

エジプト原産のファヨミ種を起源とするニワトリの高度近交化系統で、系統内での皮膚移植が可能であり、遺伝モニタリング用の54マイクロサテライトマーカーのヘテロ接合度は1%以下です。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ます。

#### ● 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統です。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やOECD及び米国EPAの鳥類毒性試験をはじめとした農薬等種々の薬品の毒性検査に用いられています。

#### ● 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トランスジェニックニワトリ（eGFPを発現）とトランスジェニックウズラ（chFPを発現）系統です。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ます。



GSP



WE



pLSi/ΔAeGFP-TG



PGK:H2B-chFP-TG



## 中核的拠点整備プログラム ネットイツメガエル

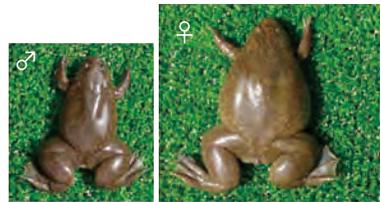
代表機関：広島大学 両生類研究センター  
課題管理者：荻野 肇 FAX：082-424-0739  
お問い合わせ：oginohaj@hiroshima-u.ac.jp  
URL：<https://home.hiroshima-u.ac.jp/amphibia/xenobiores/>



### 概要・実施体制

ネットイツメガエル (*Xenopus tropicalis*) は、発生生物学のモデル実験動物として汎用されてきたアフリカツメガエル (*Xenopus laevis*) の近縁種です。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ていることから、近年新たに遺伝学のモデル動物として確立されました。また、全ゲノム情報が公開された最初の両生類であり、ヒトの疾患関連遺伝子の79%以上が保存されています (*Science* 328: 633-636, 2010)。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す (*Genes Cells* 21: 755-771, 2016)。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ます (*Nat Protoc* 1: 1703-1710, 2006)。

しかし、ネットイツメガエルはサイエンスコミュニティに登場して日が浅い発展途上の実験動物であり、研究上の方法や情報共有などの基盤整備が十分ではありません。そこで本事業では、代表機関である広島大学両生類研究センターがリソースの提供と収集を、バックアップ協力機関である早稲田大学、日本大学、山形大学が系統保存を担当し、ネットイツメガエルをモデル動物として洗練させるための基盤整備と、利用者の増加に努めます。その一環として、近交系統の作出や、これら系統の飼育法・遺伝子組み換え技術・インフォマティクス解析の技術講習会を毎年開催しています。



ネットイツメガエル (Nigerian H系統)

### 主な保有系統・研究例

現在の我々のリソースの主力は、Nigerian A (ゲノム解読プロジェクトに用いられた野生型近交系)、Nigerian H (Nigerian Aの派生系統、飼育が容易)、Golden (Nigerian A/Hに遺伝的に近いが、より丈夫)、Ivory Coast (Nigerian A/Hとはやや遺伝的距離があるが、丈夫で使い易い) の4種類の野生型近交系統です。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ます (図1、Tg(tnbb2b:GFP) 10Gino系統)。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ます。ゲノムDNAやRNA、マーカー遺伝子を持つプラスミド等もリソースの一部として提供しています。

最近の研究では、ゲノムへの母性因子の作用を接合因子が継承する機構の解明 (*Dev Cell* 40: 595-607, 2017)、前肢再生におけるリプログラミング現象の発見 (*Dev Biol* 432: 265-272, 2017)、ヒト遺伝性疾患であるヘルマンスキー・パドラック症候群の発症機序の解明 (*Dev Biol* 426: 472-486, 2017) など、様々な研究分野で活用されています。

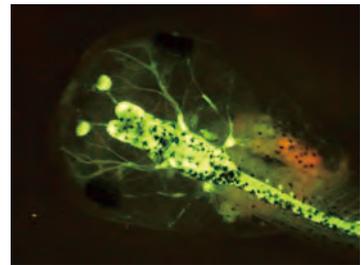


図1.  $\beta$ -tubulin遺伝子のシス調節配列の制御下で、中枢神経系に緑色蛍光蛋白質(GFP)を発現したトランスジェニック幼生



# 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 脳神経科学研究センター  
 課題管理者：岡本 仁 FAX：048-467-9714  
 お問い合わせ：hitoshi.okamoto@riken.jp  
 URL：https://shigen.nig.ac.jp/zebra/



## 概要・実施体制

ゼブラフィッシュは、脊椎動物でありながら、胚が透明、飼育が容易、世代時間が短い、突然変異や遺伝子改変動物の作製が容易等の理由から、分子遺伝学やイメージング技術を利用した発生・再生などの生体制御の研究に利用されています。近年、動物愛護の精神から、哺乳動物モデルの代替としての需要も高まっています。

我が国でもゼブラフィッシュを用いた研究は増加の一途をたどっており、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います。また、本プロジェクトにより、効率的な精子凍結技術が開発され、膨大な数のリソース保存が可能となっています。本プロジェクトでは、国内研究者への迅速な有用系統の供給のみならず、我が国の国際貢献を高めるため、日本独自に開発された系統を世界に向けて供給することを主な目的としています。代表機関である理化学研究所脳神経科学研究センターと、分担機関である国立遺伝学研究所生物遺伝資源センター及び自然科学研究機構岡崎総合バイオサイエンスセンターが協力し、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。



成魚



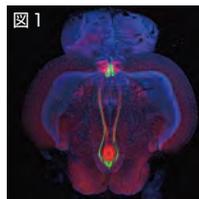
胚：受精後  
16時間後

## 主な保有系統・研究例

理化学研究所脳神経科学研究センターでは、突然変異、トランスジェニック、野生型系統を、国立遺伝学研究所生物遺伝資源センターではトランスポゾン挿入、エンハンサートラップ、エキソントラップ系統を、自然科学研究機構岡崎総合バイオサイエンスセンターでは、トランスジェニック系統を担当し、すべてを合わせ、約6,000系統に及びます。

### ● dao:cre-mCherry; vglut2a:loxP-DsRed-loxP-GFP (理化学研究所)

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（図1、*Neuron* 87: 10341048, 2014）。



### ● gSAlzGFFM35A; UAS:GFP (国立遺伝学研究所)

1,000系統以上の、様々な組織・細胞・器官特異的に酵母転写因子Gal4を発現する遺伝子トラップ・エンハンサートラップ系統のうちの一つです。これらGal4系統を、Gal4の認識配列であるUAS (upstream activator sequence) の下流に蛍光蛋白質あるいは細胞機能を阻害する遺伝子等を配置したトランスジェニックフィッシュ系統とかけあわせると、組織・細胞・器官特異的にそれら導入遺伝子を発現させることができます。本系統は、転写因子mafb遺伝子にトランスポゾンが挿入した遺伝子トラップ系統で、菱腦 (r5、r6) に特異的にGFPが発現し、ホモ二倍体胚においてこの領域の形成異常が見られます（図2、*Cell Rep* 24: 1562-1572, 2018）。

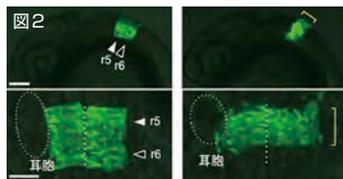
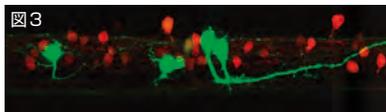


図2  
gSAlzGFFM35A; UAS:GFP  
ヘテロ二倍体

gSAlzGFFM35A; UAS:GFP  
ホモ二倍体

### ● chx10: loxP-DsRed-loxP-GFP (自然科学研究機構)

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（図3、*J Neurosci* 26: 5684-5697, 2006）





# 中核的拠点整備プログラム メダカ

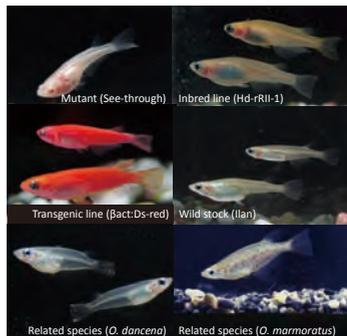
代表機関：自然科学研究機構 基礎生物学研究所  
 課題管理者：成瀬 清 FAX：0564-55-7580  
 お問い合わせ：naruse@nibb.ac.jp  
 URL：https://shigen.nig.ac.jp/medaka/  
 http://www.nibb.ac.jp/bioresources/



## 概要・実施体制

幅広い温度域（4～37°C）で生存できるメダカは、実験動物として100年をこえる歴史をもち、多くのバイオリソースが蓄積されてきました。また、近縁種は淡水から海水まで様々な環境に生息しています。遺伝的に大きく異なる近交系群や、東アジア各地の野生系統や近縁種など様々な系統を用いることで、数百万年から数千万年レベルの進化的研究に利用できます。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、近縁種を含む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ライブラリーのスクリーニング系や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。



NBRPメダカで提供している様々なメダカ系統

## 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）、TILLING系統など合わせて6,000系統以上を保存・提供しています。

研究では、脊椎動物で2番目の性決定遺伝子 *Dmy* と新規性決定遺伝子 *Gsd<sup>f</sup>* と *Sox3<sup>Y</sup>* の同定（図1、*Nature* 417: 559-563, 2002他）、自然突然変異体（ヒメダカ *b*、アルビノ *i-3*、嚢胞腎 *pc*、内臓逆位 *ktu*、グルコセレブロシダーゼ（GBA）遺伝子変異など）の原因遺伝子同定とヒト疾患モデルへの応用（図2、*PLoS Genet* 11(4): e1005065, 2015）、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（*Science* 328: 1561-1563, 2010; *Science* 349: 328-331, 2015）、配偶者選択の分子神経基盤の解明（*Science* 343: 91-94, 2014）、哺乳類以外で初めてとなる倒立顔効果（顔を上下逆に提示すると顔を見分ける能力が低下する心理学的現象）の発見（図3、*eLife* 6: e24728, 2017）、メダカ胚及び成魚を用いた毒性試験といった、幅広い分野で利用されています。

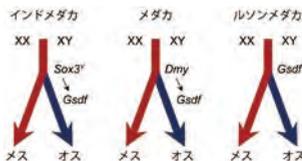


図1. メダカ属における性決定遺伝子の多様化

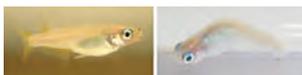


図2. 機能低下がリーキンソン病発症のリスクファクターであることが知られているGBA遺伝子の欠失メダカはGBA欠失マウスとは異なり、致死とならず腰が曲がった姿勢を示す（*PLoS Genet* 11: e1005065 Fig. 1Cより）。



図3. 水面に上下逆の顔が映っている。プリズムを用いて上下逆にしたオスメダカをメスに提示すると、メスはオスを見分けることができなくなった（東京大学・岡山大学）

プレスリリース「メダカは「顔」で仲間を見分ける」撮影：ドキュメンタリーチャンネル藤原英史氏より。



## 中核的拠点整備プログラム カタユウレイボヤ

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://marinebio.nbrp.jp/  
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、神経生理などの良い研究材料として使用されてきました。それら海産無脊椎動物のうち、ホヤは脊椎動物に最も近い無脊椎動物として、同じ脊索動物門に分類され、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。

カタユウ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。カタユウ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による解析、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・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、トランスジェニック・突然変異体系統や、系統作製・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、それらリソースの情報を公開する事業を推進しています。



(A) カタユウレイボヤの幼生  
幼生の時期はオタマジャクシ型の体制を取り活発に遊泳する。  
(B) 変態直後のカタユウレイボヤ  
変態後は尾部を失い固着生活を送る。  
(C) カタユウレイボヤ成体

### 主な保有系統・研究例

野生型（クローズドコロニー）、各種蛍光タンパク質発現系統、エンハンサートラップ系統、細胞周期可視化FUCCI系統、突然変異体など合わせ、約130系統を保持しています。また、約350種の各種レポーター遺伝子発現プラスミドDNAや組織特異的TALEN発現プラスミドDNAなどが提供可能です。脊椎動物への進化メカニズムの解明や、発生・生理学研究など、NBRPではこれらの研究分野に有用なマーカー系統など、各種取りそろえています。

#### ● Tg[MiCiβ2TBK]2

サンゴ由来の蛍光タンパク質であるKaedeを神経細胞に発現するトランスジェニック系統です。Kaedeタンパク質は、紫外光によって色が緑から赤に変換する特性（光変換活性）を有していることから、細胞の位置や時期を細かくマーキングし、細胞のその後の変化を追跡することができます。本システムを用いた研究の結果、幼生の中枢神経系由来の細胞の多くは変態後も残っており、成体の中枢神経系を構築していることが分かりました（図1、*Nature* 469: 525-528, 2011）。

#### ● Tg[MiCiPC2K]2

Kaedeトランスジェニック系統の一つです。脳神経に限らず、体全体に存在する神経細胞に蛍光タンパク質を発現させる系統で、極めて明るい蛍光を発することから、神経細胞とその投射パターンを観察するのに最適な系統です。本システムを用いた研究により、ホヤの脳からどのように神経が各組織・器官へと軸索を伸ばしているか、その全体像が明らかとなりました（図2、*PLoS One* 12: e0180227, 2017）。ホヤの脳がどのように体全体を調節しているか、その機構をこの研究で得られたイメージから把握することが可能となりました。

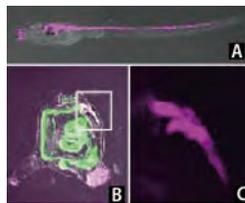


図1. Kaedeを用いた幼生神経系の細胞の変態過程でのトレース実験 (A) 幼生: 神経系細胞をKaede光変換により赤色蛍光ラベル。(B) 変態後: 赤色蛍光ラベル神経系細胞の存在と変態後に新たに発生した緑色蛍光ラベル細胞。(C) 枠内の拡大

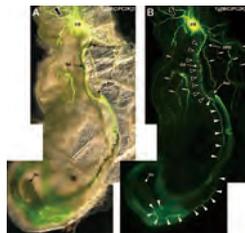


図2. ホヤにおける神経細胞の分布 (A) ホヤ背面のKaede蛍光ラベル重畳像 (B) 暗視野でのKaede蛍光ラベル像 (PLoS One 12: e0180227 Fig. 1A-Bより)



## 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：齋藤 都暁 FAX：055-981-6825  
 お問い合わせ：flyadmin@nig.ac.jp  
 URL：http://fruitfly.jp/  
 https://shigen.nig.ac.jp/fly/nigfly/



### 概要・実施体制

ショウジョウバエは生命科学の研究材料として110年の歴史を持ち、大量飼育の容易さや世代交代時間の短さに加え、1) 組織、器官など個体体制の複雑さに比してゲノムがコンパクト、2) 個体レベルの生命現象を遺伝子/ゲノムの機能から解析可能、3) ゲノム配列/アノテーションの正確さと組織や発生段階での種々の遺伝子発現データの蓄積、4) 改変遺伝子導入やその条件的発現調節などの遺伝子工学的手法の発達、といった長所が挙げられます。

本プロジェクトでは、さまざまなショウジョウバエの生体及びDNAクローンといった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しています。代表機関である国立遺伝学研究所と分担機関である京都工芸繊維大学、愛媛大学、杏林大学が生体リソースの収集・保存・提供を、分担機関の宮崎大学がDNAリソースの凍結保存を担当します。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します。



キイロショウジョウバエ  
*Drosophila melanogaster*



一本の飼育瓶で約100匹の成虫を飼育



ショウジョウバエ研究を支える  
多種多様なデータベース群

### 主な保有系統・研究例

突然変異系統、ゲノム編集関連系統 (FlyCas9) やRNA干渉 (RNAi) 系統、ショウジョウバエ野生種やキイロショウジョウバエ近縁種の突然変異系統など、約45,000系統を保持しています。また、各種cDNA・ゲノムDNAクローン、Cas9プラスミドも、合わせて約26万種類揃っています。国立遺伝学研究所では、RNAi系統やFlyCas9系統を、京都工芸繊維大学では標準系統や変異体系統を、愛媛大学では日本及びアジア産野生系統を、杏林大学では近縁種系統 (突然変異及びトランスジェニックを含む) を中心に収集・保存・提供を行っています。

ショウジョウバエでは、13,936個のタンパク質コード遺伝子の約7割がヒト遺伝子とのホモロジーを持つのみならず、遺伝子ネットワークの保存性もあり、近年は疾病の基盤的研究の材料としても多く使用されています (*Nature* 542: 246-250, 2017)。また、近縁種との種間雑種の致死、不妊、性比歪みなどの種分化機構において、ショウジョウバエの先端的研究手法による解明が期待されています (*Trends Genet* 33: 68-80, 2017)。さらに、ショウジョウバエはプロテオーム解析研究が発展しているリソースでもあります (*Nature Genet* 38: 1440-1445, 2006)。

#### ● $y^2 cho^2 v^1; attP40(nos-Cas9)/CyO$ (Cas-0001)

Cas9タンパク質を発現するトランスジェニック系統の一つで、各種ガイドRNA系統との交配により、高効率 (約70%) に突然変異系統を作出することが可能です

(*Genetics* 195(3): 715-721, 2013)。



# 中核的拠点整備プログラム カイコ

代表機関：九州大学大学院 農学研究院  
 課題管理者：伴野 豊 FAX：092-802-4822  
 お問い合わせ：banno@agr.kyushu-u.ac.jp  
 URL：http://silkworm.nbrp.jp/



## 概要・実施体制

カイコは人間が維持・保存しているもの以外存在せず、唯一日本でのみ系統として体系的に維持・保存されていることから、我が国固有の遺伝資源であると同時に世界の財産でもあります。このような背景から多数の自然突然変異体が発見され、現在のNBRPカイコのコアとなっています。これらの変異体の中には、ヒトの遺伝疾患のモデルとして活用出来る例が次々に発見されています。また、カイコゲノム解析の進展により、食性及び嗜好（選択）性、ウイルスや糸状菌、細菌に対する抵抗性・感受性、ならびに休眠などの昆虫特異的な機能に関する遺伝子の解明が進み、病害虫に対する新しい農薬の創成が期待されることから、農業害虫の制圧のための好個のモデル昆虫といえます。さらに、人間と共通する病気はなく、養蚕で培った技術により飼育は容易でかつ安価であることから、遺伝子改変カイコを用いた有用物質生産（昆虫工場）や、実験動物の代替生物として、毒性試験や医薬品のスクリーニングに利用されています。

本プロジェクトでは、代表機関である九州大学と分担機関である信州大学が生体の収集・保存・提供を担当し、分担機関である東京大学がゲノムおよび培養細胞リソースの収集・保存・提供を行います。飼育経験のない研究者に対しては飼育方法、管理技術等のサービス、サポートを提供する他、教育や文化活動でのカイコ利用者へも提供を行なっています。

本プロジェクトでは、代表機関である九州大学と分担機関である信州大学が生体の収集・保存・提供を担当し、分担機関である東京大学がゲノムおよび培養細胞リソースの収集・保存・提供を行います。飼育経験のない研究者に対しては飼育方法、管理技術等のサービス、サポートを提供する他、教育や文化活動でのカイコ利用者へも提供を行なっています。

## 主な保有系統・研究例

九州大学ではゲノム情報解析に使用した標準系統であるp50系統（図1）を初め、形質変異体系統を、信州大学では日本に生息するテンサン、サクサン、シンジュサン等の近縁野蚕系統などを、合わせて約500種類提供しています。東京大学では、19万以上のクローンに及ぶカイコおよび近縁種のゲノムDNAライブラリー（Fosmid、BAC）やcDNAライブラリーと、PIWI-interacting RNA経路を完全な形で保持しているカイコ卵巣由来の培養細胞の提供を行っています。

### ● 虎蚕（トラコ）形質系統群

この系統群の幼虫に見られる横縞のストライプ紋様は多くのイモムシに見られ、捕食への警告的なシグナルとして使われます（図2）。最近、虎蚕の原因遺伝子が、ヒトでは自然免疫の制御に関わるSpätzle（シュベツツレ）ファミリー遺伝子の一つ（Spz3）であることが判明し、カイコでもヒトと同様に、Spz3のシグナルはToll受容体を介して、虎模様のメラニン形成を誘導することが示されました（PNAS 114(31): 8336-8341, 2017）。

### ● NBRPカイコで維持管理されている448系統

組み換えバキュロウイルスAcMNPVを使ったタンパク質の生産効率をルシフェラーゼアッセイで調査した結果、生産効率は系統間で大きく異なり、これにはカイコ3番染色体上の遺伝子座が関与することが明らかとなりました。本研究で高ルシフェラーゼ活性を示した9系統を利用することで、医薬品などの有用タンパク質の劇的な生産効率の向上が期待されます（図3、Appl Microbiol Biotechnol 98: 3049-3058, 2014）。

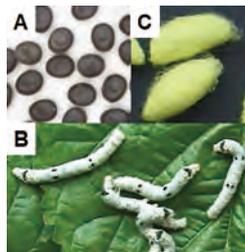


図1. p50標準系統の(A)、幼虫(B)、蛹(繭)C)



図2. 虎蚕(上)とキアゲハ(下)(藤原晴彦、東京大学大学院新領域創成科学研究科、ニュース「免疫システムの一部は昆虫のストライプ紋様形成に流用された?」図1より)

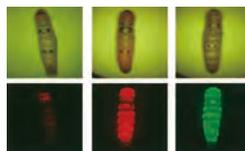


図3. 一般的な系統(左)に比べ、タンパク質高発現系統(中央および右)では、それぞれ別の蛍光遺伝子の入った組み換えウイルスの感染でも強い蛍光が確認できる(ニュースレター「おおいこさま」No. 45, 2018より)。

Appl Microbiol Biotechnol 98: 3049-3058, 2014。



## 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：https://shigen.lab.nig.ac.jp/c.elegans/



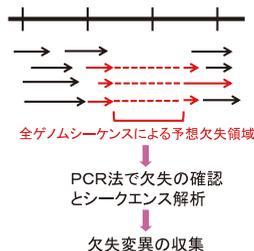
### 概要・実施体制

体細胞が1,000個程度しかない線虫は、機能的には高等動物と同じような、生殖系、神経系、筋肉系、消化系等の多様な組織を持っており、細胞系譜（全ての細胞の受精卵から成体に至るまでの分化の道筋）が明らかにされています。また、生活環が3日程度（寿命は約3週間）で、約2万個のタンパク質をコードする遺伝子の4割弱がヒト遺伝子と類似の配列や機能を持っています。さらに、Feeding RNA干渉が使用可能で、標的遺伝子に相補となる二本鎖RNAを発現させた細菌を線虫に摂食させるだけで簡単にかつ効率良く遺伝子発現を阻害できます。

本プロジェクトにおいて、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期では引き続き、欠失変異体を収集・保存・提供します。さらなる欠損変異体リソースの拡充を目的に、全ゲノムシーケンスによって既存のランダム変異体凍結バンクより各遺伝子の欠失変異体を見出し、純化後に保存、公開して希望者に提供します（右図）。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。



線虫 (*C. elegans*)



### 主な保有系統・研究例

野生型系統に加え、各種遺伝子欠損系統が約9,100系統、Creリコンビナーゼトランスジェニック系統が約50系統、バランス系統が約70系統揃っています。

#### ● *lrk-1* (tm1898)

LRK-1は、家族性パーキンソン病の原因遺伝子の1つであるLRKK-2に相同性の高い遺伝子であり、プロテインキナーゼをコードしています。神経変性疾患の分子メカニズムの解析に有用であるという理由からパーキンソン病に関する研究に利用されています。

#### ● *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つに学習行動があります。飢餓+塩存在下で条件付けされた線虫は、塩を避ける学習行動を示します。しかし、上記条件に雌雄同体個体を加えて条件付けされた雄は、交尾行動を優先し塩を好む走性を示します（図1）。この雄特異的な学習行動は、幼虫期の雄で分化したグリアに由来する雄特異的な介在ニューロンであるMCM (Mystery Cells of the Male) が関与し、この細胞で高発現する*pdf-1*遺伝子の変異体 (tm1996) では上記学習行動が消失することが明らかとなりました (*Nature* 526, 385-390, 2015)。

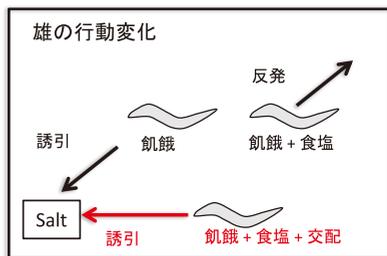


図1. 雄特異的にみられる条件付け学習行動



代表機関：理化学研究所バイオリソース研究センター 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：https://epd.brc.riken.jp/



### ● 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にとどまらず、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。

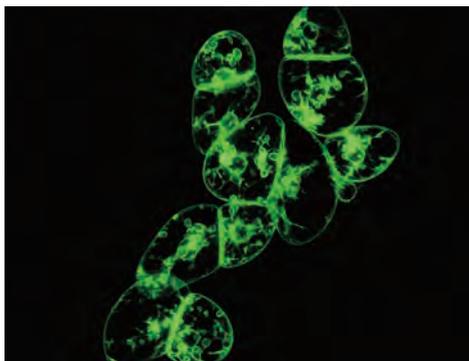
### ● 主な保有系統・研究例

- 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。



agamous 変異体の花



GFPで液胞膜が標識されたタバコ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 生物遺伝資源センター  
 課題管理者：佐藤 豊 FAX：055-981-6879  
 お問い合わせ：yusato@nig.ac.jp  
 URL：https://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。



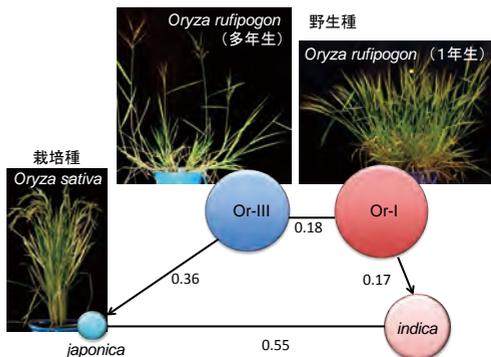
採集地地図からの野生イネ系統の閲覧

### 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



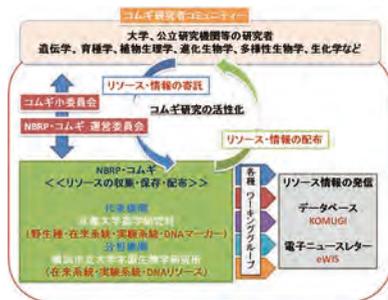
## 中核的拠点整備プログラム コムギ

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：https://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、横浜国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



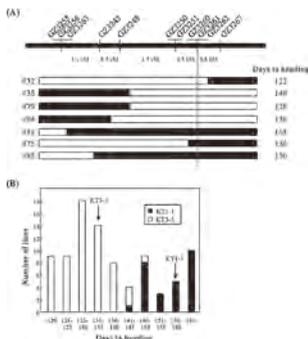
2014年7月18日号のScience誌にパンコムギゲノムのドラフト配列が発表された。

### 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)。



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：https://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。

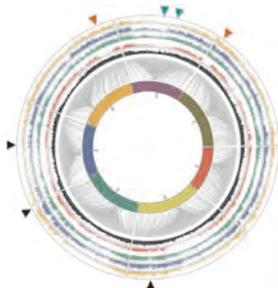
### 主な保有系統・研究例

- 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学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NBRP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.hiroshi.fa@u.tsukuba.ac.jp  
URL：https://tomato.nbr.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パ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：https://shigen.nig.ac.jp/chrysanthemum/



### 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。

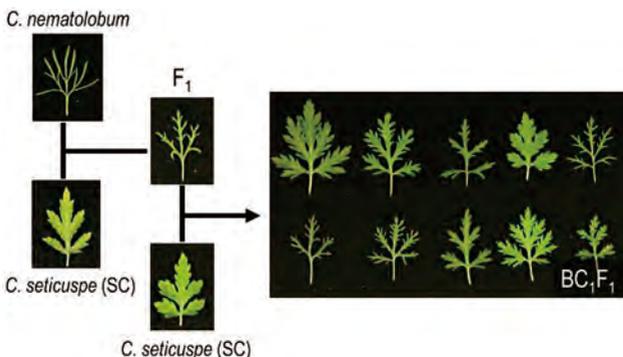
キク科は全被子植物のおよそ10分の1にあたる23000種以上を含む被子植物で最も繁栄している植物群のひとつである。その中でキク属植物は高次倍数体化と雑種化を伴った特徴的な進化を遂げており、多くの日本固有種を含む。栽培ギクは産業的に重要な種であるが、同質六倍体を基本としており、さらに自家不和合性を持つことから、遺伝的な解析は難しい。我々は二倍体野生ギクであるキクタニギク (*Chrysanthemum seticuspe*) の自家和合性突然変異体を発見し、これを自殖・純系化することで、キク属モデル系統を開発した。この系統は、開花特性や頭状花の形態は栽培ギクと似ているうえ形質転換も可能であることから、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-O

### 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パ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。ナショナルパ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)

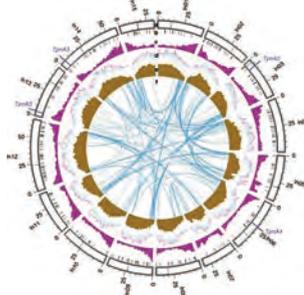
### ● 主な保有系統・研究例

#### ● 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 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 MO3c4 (NBRP PMO24002A)
- *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 *Legionella pneumophila* との相互作用が明らかにされました (Watanabe K et al. Scientific Reports 6, Article number: 24322, 2016.)。

- *P. bursaria* strain Yad1g1N (NBRP PBO31010B)

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, Fujisihima 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)	H30年11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. novaurelia</i>
<b>未収集種 (5種)</b>	<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 *Holospora 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 生命機能科学研究センター  
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（生命機能科学研究センター）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、走行性、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。



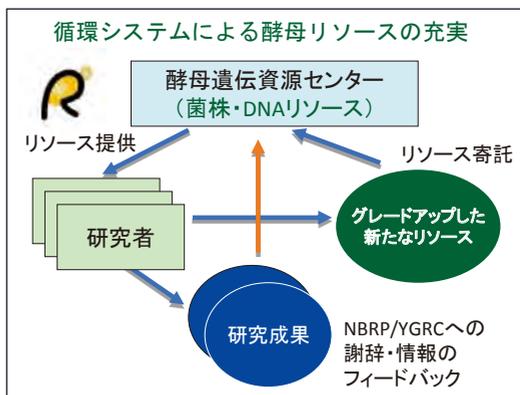
## 中核的拠点整備プログラム 酵母

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.nig.ac.jp/

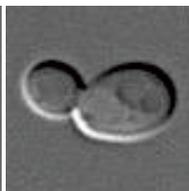


### 概要・実施体制

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

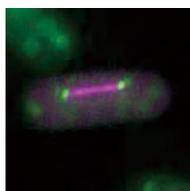
### 主な保有系統・研究例

#### ●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



核分裂装置の可視化（分裂酵母）



液胞膜の可視化（出芽酵母）

#### 研究成果

1. 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。
2. 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。



## 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：https://shigen.nig.ac.jp/ecoli/strain/  
枯草菌 URL：https://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。

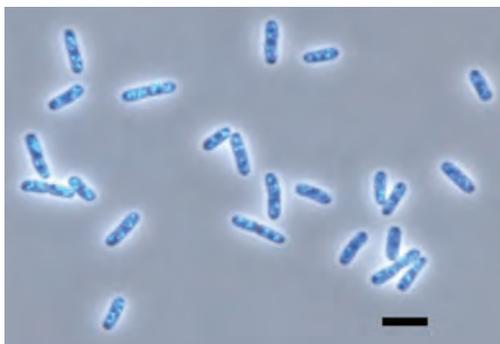
### 主な保有系統・研究例

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



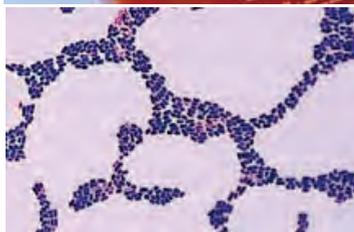
## 中核的拠点整備プログラム 一般微生物

代表機関：理化学研究所バイオリソース研究センター 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：https://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。海外や産官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メクチン産生放線菌 *Streptomyces avermitilis* JCM 5070  
下：デンパンからバイオディーゼルを産生する酵母 *Cryptococcus terricola* JCM 24518



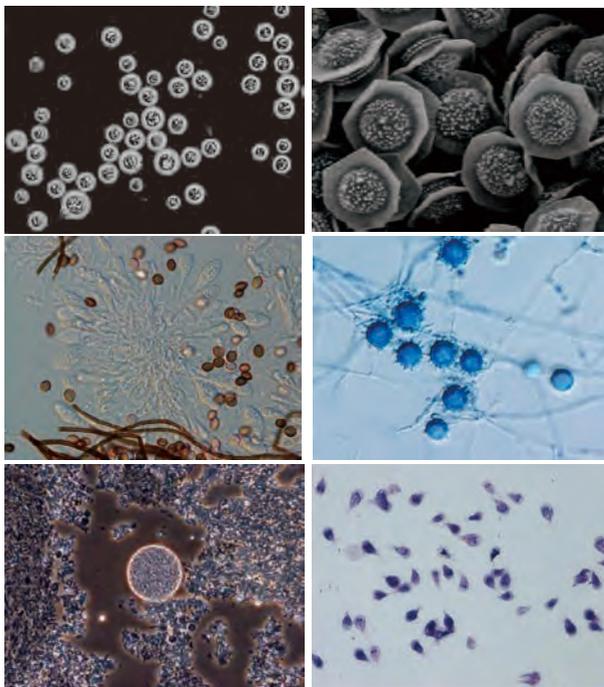
## 中核的拠点整備プログラム 病原真核微生物

代表機関：千葉大学 真菌医学研究センター  
課題管理者：矢口 貴志 FAX：043-226-2486  
お問い合わせ：千葉大学 bioresource@ml.chiba-u.jp  
長崎大学 protozoa@tm.nagasaki-u.ac.jp  
URL：https://pathogenic-microbes.nbrp.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医学研究センター（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

新鮮な臨床由来の真菌及び放射菌、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  
URL：https://pathogenic-bacteria.nbrp.jp/



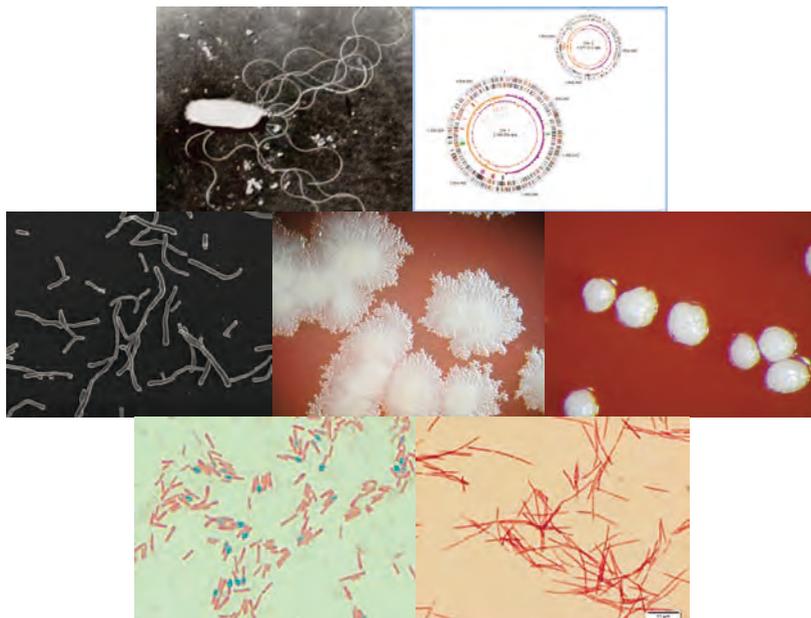
### 概要・実施体制

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られることや、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ラ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付属病院 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研究センター 細胞材料開発室  
 FAX：029-836-9130 お問い合わせ：cellbank@brc.riken.jp  
 URL：https://cell.brc.riken.jp/

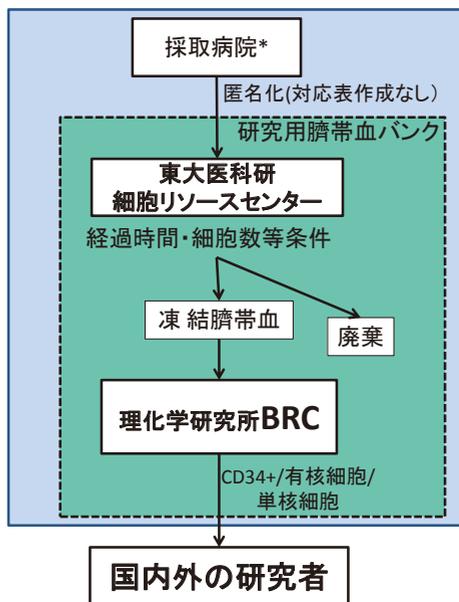


### 概要・実施体制

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研究センターを通じて、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： $1 \times 10^7$ 個以上/チューブまたは $1 \times 10^8$ 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： $3 \times 10^8$ 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： $1 \times 10^5$ 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-1/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研究センター 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：https://cell.brc.riken.jp



### 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う、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)。

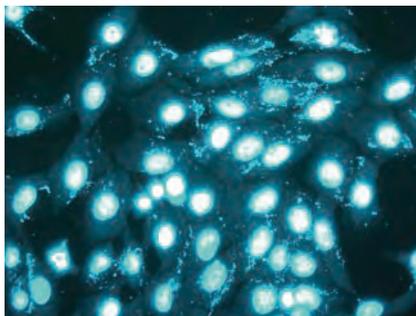


図1. 細胞のDNA染色。マイコプラズマ感染により、細胞の核のみならず、細胞質も染まっている。

### 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、ウサギ)
- 疾患特異的iPS細胞(ヒト)

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://cell.brc.riken.jp/>

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。



図2. ISO9001 認証

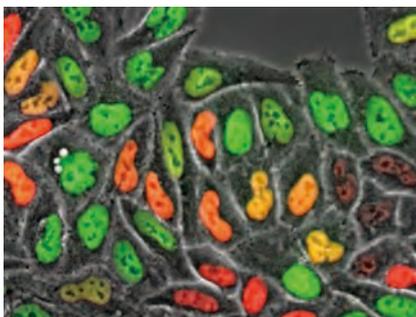


図3. 細胞周期マーカーを発現したHeLa細胞(HeLa/Fucci)



## 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研究センター 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：https://dna.brc.riken.jp/



### 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/ $\beta$ -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 (GAIN)

分担機関：京都大学 高等研究院・霊長類研究所  
 課題管理者：松沢 哲郎 FAX：0568-62-2428  
 お問い合わせ：gain@pri.kyoto-u.ac.jp  
 URL：https://shigen.nig.ac.jp/gain/



### 概要・実施体制

人間の本性を理解するうえで大型類人猿の研究は極めて重要です。生物学上も、法令上も、ヒト科は現在4属（ヒト科ヒト属、ヒト科チンパンジー属、ヒト科ゴリラ属、ヒト科オランウータン属）に分類されています。人間を知るには、他のヒト科3属の理解が必須です。一方、彼らは絶滅危惧種です。国際的な商取引は、いわゆるワシントン条約によって禁止されています。したがって、日本にいるチンパンジー、ゴリラ、オランウータンは、種の保存上も学術上もたいへん貴重な存在です。

「大型類人猿情報ネットワーク」GAIN (Great Ape Information Network) 事業では、動物園などの個体を含め、日本にいる大型類人猿等の貴重な絶滅危惧種について、全個体の経歴・家系・ゲノム・行動等の情報と、その他の資料等を収集管理し、全国の研究者の共同利用に供して学術研究の発展を図るとともに、彼らの福祉と保全を進める活動を行います。



GAINホームページ  
<https://shigen.nig.ac.jp/gain/>



## 情報センター整備プログラム 情報 (GBIF 日本ノード)

分担機関①：国立科学博物館 標本資料センター 課題管理者：細矢 剛  
 分担機関②：東京大学 大学院総合文化研究科 課題管理者：伊藤 元己  
 お問い合わせ：http://gbif.jp/v2/contact/  
 URL：http://gbif.jp



### 概要・実施体制

地球上には、多様な生物が互いに関わり合って生態系を構成しています。私たち人間が地球上で生活する上で、衣食住から経済活動に至るまで、様々な面で生物多様性の恩恵を受けています。将来にわたって生物多様性を保つためには、その仕組みを知り、保全していくことが必要です。

GBIF (Global Biodiversity Information Facility) は、世界の生物多様性情報を共有し、誰でも自由に閲覧できる仕組みをつくるため、(1)研究や政策決定などの目的に使用する生物多様性情報基盤の整備、(2)生物多様性情報の集積と提供、(3)情報集積・解析ツールの開発、(4)生物多様性情報に関する活動の支援と能力開発を行っています。GBIF日本ノード (JBIF) は、日本国内の生物多様性に関するデータ活用の促進と世界への発信を行います。国立科学博物館では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、東京大学では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を担当しています。



JBIFホームページ <http://gbif.jp>



## 情報センター整備プログラム 情報 (ABS対応)

代表機関：情報・システム研究機構国立遺伝学研究所  
 担当窓口：産学連携・知的財産室 ABS学術対策チーム 鈴木 睦昭  
 分担機関①：九州大学 有体物管理センター 課題管理者：深見 克哉  
 分担機関②：首都大学東京 牧野標本館 課題管理者：村上 哲明  
 分担機関③：筑波大学 遺伝子実験センター 課題管理者：渡邊 和男  
 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/)



### 概要・実施体制

#### ●名古屋議定書の締結 (海外からの生物サンプル入手・利用に関する法令順守)

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。遺伝資源の提供国と利用国で利益を分け合うことに実効性を与えるため、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。各国の関連法令の整備も進み、それらの国の遺伝資源の利用に際し、提供者との契約 (相互合意MAT) と相手国政府の許可 (事前同意PIC) が必要となります。しかし、提供国ごとにABSに関連した法規制の適用範囲や施行・整備状況が異なること、遺伝資源の定義と適用範囲が不明確であることなどから、研究者個人では解決できない事案の発生が想定されます。

#### ●支援・啓発実施体制

わが国では、NBRP情報センター整備プログラムの一環として、国立遺伝学研究所が中心となり、九州大学、筑波大学、首都大学東京が協力して、提供国の許可 (PIC) 及び提供者との契約 (MAT) の手続きを支援する体制整備を行なっています。分担機関である九州大学有体物管理センターでは、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、筑波大学遺伝子実験センターでは、育種学及び園芸工学分野の遺伝資源とそれに関連するシードバンクの役割を考慮した遺伝資源取得支援、首都大学東京牧野標本館では、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工学分野での遺伝資源取得・利用に対する支援活動を担当しています。代表機関である国立遺伝学研究所では、産学連携・知的財産室ABS学術対策チームが、我が国のABS対策の総合窓口として、海外からの遺伝資源取得に関する大学・研究機関の支援を行っています。また、ホームページを開設し、ABS情報データベースや総合検索サイト、関連資料の掲載を行うと同時に、無料出張セミナーやメールや電話による相談も受け付けています (上記のお問い合わせ情報をご利用ください)。さらに大学体制構築WGとして、東京海洋大学、三重大学、長崎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。

#### ●海外遺伝資源に関する国際活動

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



ABS学術対策チーム ホームページ



代表機関：日本実験動物学会  
課題管理者：越本 知大 FAX：03-3814-3990  
お問い合わせ：saegusa@jalas.jp  
URL：http://www.m-kenshou.org/

### 概要・実施体制

動物実験は生命科学発展の基盤として不可欠ですが、社会的な合意に基づき適切に実施することが必須です。文部科学省の「研究機関における動物実験等の実施に関する基本指針」では、このための具体的な仕組として、実施機関の情報公開と第三者による外部検証の実施を求めています。国立大学法人動物実験施設協議会と公私立大学実験動物施設協議会は合同で専門委員会を設立し、動物実験の外部検証を行ってきました。しかし外部検証専門員には高度な専門知識や経験が要求され、その数は慢性的に不足しています。我が国における動物実験の透明性を確保し、社会的説明責任を果たすことは、NBRPが展開する動物リソースの利用拡大や適正な活用を進めるためにも重要で、そのためには外部検証の実施体制を強化する必要があります。本プロジェクトの目的は、大学等で実施する動物実験の適正性を、外部の視点で客観的に検証できる専門員を大幅に育成し、動物実験の透明性と適正性を社会に示す仕組みとしての外部検証の機能を強化することにあります。そのため、外部検証に関する説明会と外部検証促進のために専門人材を育成するワークショップを継続的に開催し、外部検証の認知とその人材育成を進めています。

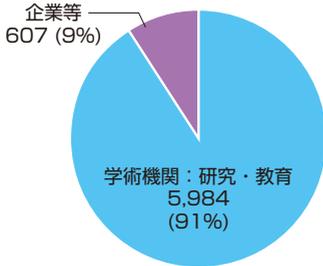


外部検証人材の育成ワークショップ(左)  
と外部検証に関する説明会(右)の光景

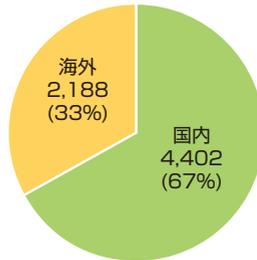
## NBRP活動成果について

過去3年間（FY2015～FY2017）におけるバイオリソースの寄託者は年平均**507人**、利用者は年平均**6,591人**に及び、多くの研究・教育及び企業関係者の皆様にNBRPをご利用いただきました。現在の活動状況とその成果につきまして、以下に示します。

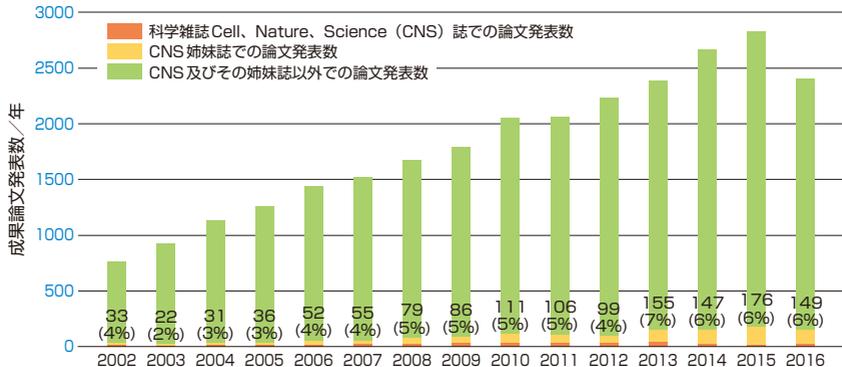
### ●機関別平均年間利用者数の割合（過去3年）



### ●国内外での平均年間利用者数の割合（過去3年）

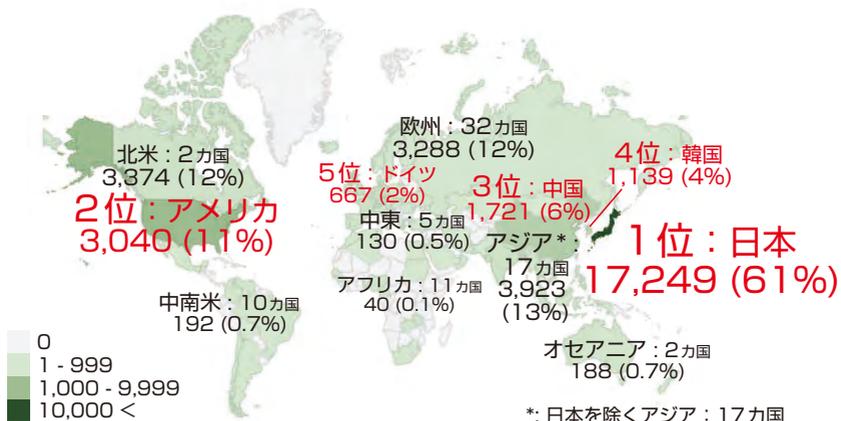


### ●NBRP発足から現在に至るまでのNBRPリソースを用いた成果論文発表数の推移



棒グラフ内の数値はCNS及びその姉妹誌での発表論文数を示します。  
 カッコ内の数値はその年の全発表論文数に対するCNS及びその姉妹誌での発表論文数の割合を示します。

### ●NBRPリソースを用いた成果論文著者（ファースト・オーサー）の世界分布（2018年8月現在）



## NBRPリソースを使った研究成果フィードバックについて

NBRPではNBRPリソースを利用し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。その結果、各リソース情報の充実による利活用促進と研究成果との好循環につながることを期待しています。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://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://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（下図）。

### 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。

NBRP ポータルサイト

各リソースポータルサイト



# 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（viページ）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。

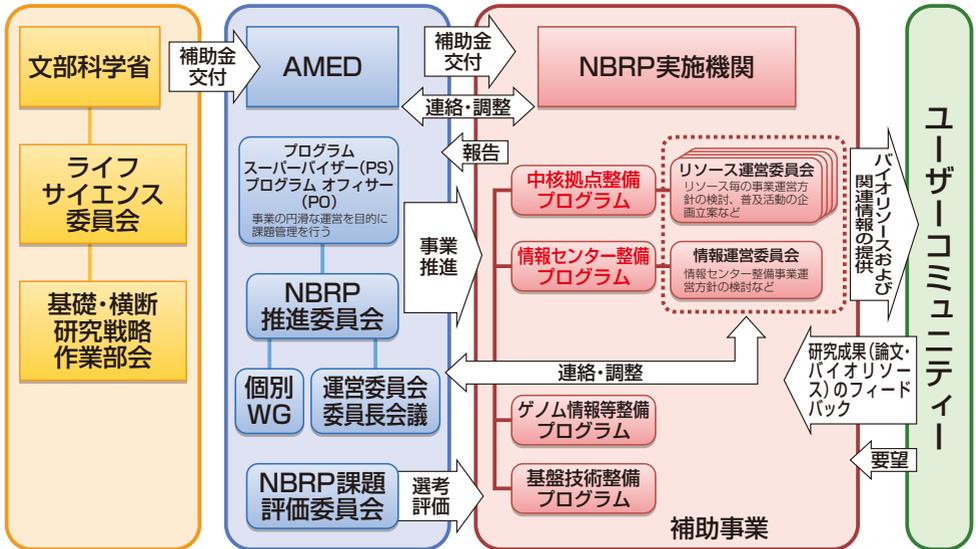
## (3) 基盤技術整備プログラム

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プログラムスーパーバイザー

氏名	所属
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

## NBRPプログラムオフィサー

氏名	所属
小幡 裕一	国立研究開発法人理化学研究所 バイオリソース研究センター センター長
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

## 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 バイオリソース研究センター 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 BDR | ●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       | ●ネッタイツメガエル ●広義キク属 |
| 6 筑波大学          | ●トマト ●細胞性粘菌                        | 34 山口大学       | ●酵母               |
| 7 環境研究所         | ●藻類                                | 35 愛媛大学       | ●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<br>●等実験植物 ●一般微生物 | 36 九州大学       | ●ショウジョウバエ         |
| 9 理化学研究所 CBS    | ●ヒト・動物細胞 ●遺伝子材料                    | 37 長崎大学       | ●カイコ ●アサガオ        |
| 10 杏林大学         | ●ラット ●研究用ヒト臍帯血細胞                   | 38 宮崎大学       | ●病原真核微生物          |
| 11 東京大学         | ●ゼブラフィッシュ                          |               | ●ミヤコグサ・ダイズ ●メダカ   |
| 12 東京女子医科大学     | ●ショウジョウバエ                          |               |                   |
| 13 千葉大学         | ●研究用ヒト臍帯血細胞 ●カイコ                   |               |                   |
| 14 明治大学         | ●線虫                                |               |                   |
| 15 東京大学三崎臨海     | ●病原真核微生物                           |               |                   |
| 16 遺伝学研究所       | ●トマト                               |               |                   |
| 17 筑波大学下田臨海     | ●カタユウレイボヤ                          |               |                   |
| 18 信州大学         | ●ショウジョウバエ ●イネ                      |               |                   |
| 19 基礎生物学研究所     | ●原核生物                              |               |                   |
| 20 生理学研究所       | ●ゼブラフィッシュ                          |               |                   |
| 21 岡崎統合バイオサイエンス | ●カタユウレイボヤ                          |               |                   |
| 22 名古屋大学        | ●カイコ                               |               |                   |
| 23 京都大学霊長類研     | ●メダカ ●アサガオ                         |               |                   |
| 24 岐阜大学         | ●ニホンザル                             |               |                   |
| 25 京都大学         | ●ゼブラフィッシュ                          |               |                   |
| 26 京都工芸繊維大学     | ●エフトリ・ウスラ                          |               |                   |
| 27 大阪大学         | ●ニホンザル                             |               |                   |
| 28 大阪市立大学       | ●病原細菌                              |               |                   |
|                 | ●ラット ●コムギ                          |               |                   |
|                 | ●カタユウレイボヤ                          |               |                   |
|                 | ●ショウジョウバエ                          |               |                   |
|                 | ●ラット ●酵母 ●病原細菌                     |               |                   |
|                 | ●酵母                                |               |                   |



## NBRPで整備するバイオリソースと代表機関

バイオリソース名 (代表機関)	第1期 2002～2006	第2期 2007～2011	第3期 2012～2016	第4期 2017～2021
実験動物マウス（理研BRC）	○	○	○	○
マウス・ミュータジェネシス（理研GSC）	○			
ラット（京都大学）	○	○	○	○
ニホンザル（生理研）	○	○	○	
ニホンザル（京都大学）				○
ニワトリ・ウズラ（名古屋大学）			○	○
ネッタイツメガエル（広島大学）	○	○	○	○
ゼブラフィッシュ（理研CBS：旧理研BSI～FY2017）	○	○	○	○
メダカ（名古屋大学）	○			
メダカ（基生研）		○	○	○
カタコウレイボヤ・ニッポンウミシダ（筑波大学）		○		
カタコウレイボヤ（筑波大学）			○	○
ショウジョウバエ（京都工芸繊維大学）	○	○		
ショウジョウバエ（遺伝研）			○	○
カイコ（九州大学）	○	○	○	○
線虫（東京女子医大）	○	○	○	○
シロイヌナズナ／植物培養細胞・遺伝子（理研BRC）	○	○	○	
シロイヌナズナ等実験植物／植物培養細胞・遺伝子（理研BRC）				○
イネ（遺伝研）	○	○	○	○
コムギ（京都大学）	○	○	○	○
オオムギ（岡山大学）	○	○	○	○
ミヤコグサ・ダイズ（宮崎大学）	○	○	○	○
トマト（筑波大学）		○	○	○
広義キク属（広島大学）	○	○	○	○
アサガオ（九州大学）	○	○	○	○
藻類（環境研）	○	○	○	○
ゾウリムシ（山口大学）			○	○
細胞性粘菌（筑波大学）		○	○	
細胞性粘菌（理研BDR：旧理研QBiC～FY2017）				○
酵母（大阪市立大学）	○	○	○	○
大腸菌（遺伝研）	○			
原核生物（大腸菌・枯草菌）（遺伝研）		○	○	○
一般微生物（理研BRC）		○	○	○
病原微生物（千葉大学）	○	○	○	
病原真核微生物（千葉大学）				○
病原細菌（岐阜大学）				○
研究用ヒト臍帯血幹細胞（東海大学FY2012・13→東京大学FY2014～）			○	
研究用ヒト臍帯血細胞				○
ヒトES細胞（京都大学）	○	○		
ヒト・動物細胞（理研BRC）	○	○	○	○
DNA（動物・微生物）（理研BRC）	○			
遺伝子材料（理研BRC）		○	○	○
バイオリソース総数	24	27	29	30

## 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研究センターが開設される
2002年(平成14年)	4月 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 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 12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 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 4月 12月	第2期NBRP事業開始 27リソース 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 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 8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 「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 10月	「NBRPにおける実費徴収の基本的な考え方」が通知される Asian Network of Research Resource Centers 第2回会議(つくば)
2011年(平成23年)	6月 8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 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 4月 11月	NBRP発足10周年記念公開成果報告会(品川)を開催 第3期NBRP事業開始 29リソース 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 12月	Asian Network of Research Resource Centers 第5回会議(葉山) 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 4月	第3期NBRP中間年度公開成果報告会(品川)を開催 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 9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 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: <https://amed.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://nbrp.jp/>

