

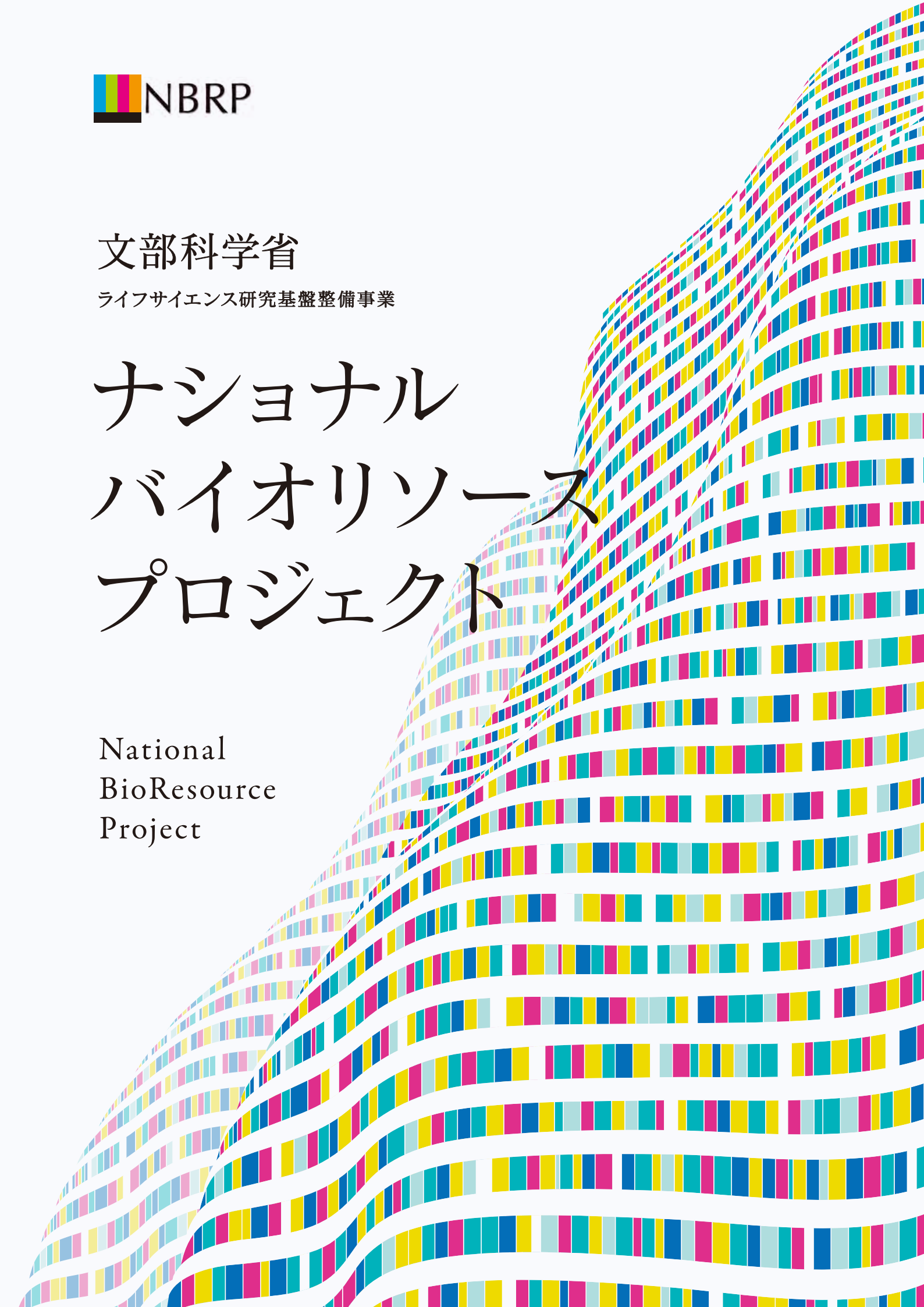


文部科学省

ライフサイエンス研究基盤整備事業

ナショナル バイオリソース プロジェクト

National
BioResource
Project



はじめに

バイオリソースは、研究開発の材料としての動物・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、このような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2002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、2022年度より第5期が開始され、新たに加齢マウスリソースときのこリソースを加えて、33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、第6期科学技術・イノベーション基本計画(2021～2025年度)においては、「データ駆動型研究の基盤となるゲノム・データをはじめとした情報基盤や生物遺伝資源等の戦略的・体系的な整備を推進する」とされています。現在、プログラムディレクター (PD) とプログラムオフィサー (PO) が中心となり、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。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が、このために凍結保存等による長期保存やバックアップ体制の整備を進めてきました。また、今回のコロナ禍では、職員の出勤抑制等によりリソースの維持が困難になる恐れが生じたので、遠隔での監視体制や飼育・品質維持の省力化を進めています。今後とも、様々な危機に対応して、着実にリソースを維持・提供できるように努めてまいりますので、本プロジェクトへの一層のご支援を賜りますようお願いいたします。

2026年4月

ナショナルバイオリソースプロジェクト
プログラムディレクター 小原 雄治
大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構
国立遺伝学研究所 特命教授

目次

はじめに.....	2
NBRPとは.....	4
リソースの入手方法、使用後の謝辞表記.....	5
NBRPのあゆみ.....	6

動物

実験動物マウス.....	7
加齢マウス.....	8
ラット.....	9
ニホンザル.....	10
ニワトリ・ウズラ.....	11
ツメガエル・イモリ.....	12
ゼブラフィッシュ.....	13
メダカ.....	14
カタユウレイボヤ.....	15
ショウジョウバエ.....	16
カイコ.....	17
線虫.....	18

植物

シロイヌナズナ/植物培養細胞・遺伝子.....	19
イネ.....	20
コムギ.....	21
オオムギ.....	22
ミヤコグサ・ダイズ.....	23
トマト.....	24
広義キク属.....	25
アサガオ.....	26

微生物

藻類.....	27
ゾウリムシ.....	28
細胞性粘菌.....	29
きのこ.....	30
酵母.....	31
一般微生物.....	32
原核生物(大腸菌・枯草菌).....	33
病原真核微生物.....	34
病原細菌.....	35
ヒト病原ウイルス.....	36

細胞・遺伝子材料

研究用ヒト臍帯血細胞.....	37
ヒト・動物細胞.....	38
遺伝子材料.....	39

情報

情報センター.....	40
GAIN/JBIF.....	41
ABS対応/広報.....	42
動物実験の外部検証促進のための人材育成等.....	43
NBRP推進体制.....	44
NBRP実施機関一覧.....	45
NBRP参画機関の全国分布図.....	47

NBRP とは

概要

文部科学省では、ライフサイエンスの総合的な推進を図る観点から、2002年度より、国が戦略的に整備することが重要なバイオリソース（研究開発の材料としての動物・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）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）」を実施しています。

第6期科学技術・イノベーション基本計画（2021～2025年度）においては、「データ駆動型研究の基盤となるゲノム・データをはじめとした情報基盤や生物遺伝資源等の戦略的・体系的な整備を推進する」とされています。本プロジェクトにおいても、引き続きリソースの収集・保存・提供等の体制整備を行うとともに、ゲノム情報等の知的基盤の更なる整備や、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た事業の推進に取り組んでまいります。

内容

NBRP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と(2) 情報センター整備プログラムの2つのプログラムを

設け、両プログラムが連携して事業を実施しています。

(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・基盤となる我が国独自の優れた生物種等について、収集・保存・提供を行う中核的拠点を整備します。また、これからのライフサイエンス研究を支えるバイオリソースの利活用を促進するため、新たな技術開発・情報整備（※バイオリソースの価値創出に向けた新たな技術開発・情報整備）を一体的に進めています。

※「バイオリソースの価値創出に向けた新たな技術開発・情報整備」：バイオリソースの利活用を促進することを目的とし、新たな解析技術やAIを含む情報科学技術等を活用することにより、研究動向や技術革新に基づく新たな展開を志向するバイオリソースの技術開発・情報整備を実施

(2) 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及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・強化します。

リソースの入手方法、使用後の謝辞表記

NBRPバイオリソースの入手方法

NBRPのバイオリソースは、研究目的であればどなたでも実費相当の手数料の負担だけで次の手順で入手することができます。一部のリソースについては営利目的での利用も可能です。

①検索

NBRPホームページの「リソース検索」ページから、目的の生物種を選択して、各リソース拠点（中核的拠点整備プログラム実施機関）が管理するホームページ（購入データベース）にアクセスします。そして、リソースリストや検索ページから目的のリソースを探します。

②発注

ウェブ発注システムから、もしくは直接の問い合わせにより、目的のリソースを注文します。注文時や注文後に生物遺伝資源提供同意書（Material Transfer Agreement, MTA）の提出が必要です。

MTA以外にも、リソース提供機関によって、次の書類の提出が必要となる場合があります。

- 提供依頼書
- 提供承諾書（寄託者による利用条件が付加されている場合）
- 遺伝子組換え生物等の受け入れ承諾書（遺伝子組換え生物の場合）

MTA等必要書類への記入が正しく確認（締結）された後、正式な発注となります。現在MTAの電子化を進めており、手続きの迅速化に努めています。

③生産・提供準備

ライフサイクルの長い生物では、注文から提供までに時間がかかります。また、系統・株の増殖能や保存状態 [動物での例：生体 / 凍結（胚 / 生殖細胞）]、季節などによって提供までの時間に大きな差が生じる場合があります。

できるだけお早めに各リソース提供機関にご相談・ご注文いただき、計画的なご利用をお願いいたします。

④受取日や受け入れ態勢の確認

受注されたリソースの提供準備が整いましたら、ご連絡をして受取日の調整や、搬送先・受け入れ準備の最終確認を行います。



⑤搬送 / ⑥受け取りと受領書の返送

⑦請求書の受領と支払い

支払い方法は、リソース提供機関や配送先（国内・外）によって、口座振込、クレジットカード払い、もしくはその両方に対応、と異なりますので、各リソース拠点が管理するホームページにてご確認ください。

その他

NBRPの各リソース拠点では、リソースの提供とともに、ホームページ上で各リソースに関する実験・飼育プロトコルの掲載や、技術研修を開催しています。新たなバイオリソースの導入を検討される際、ぜひご利用ください。

NBRPバイオリソース使用後のお願い

NBRPのバイオリソースを使用した後、ユーザーの皆様には以下の2点をお願いしています。

①成果論文等の情報提供

NBRPのリソースを利用して行った研究の成果論文等を発表する際、論文中のMaterials and Methods や謝辞欄等に必ず「利用したリソース名」と「提供元」を記載し、成果論文等の情報をリソース提供機関に通知ください。

また、成果論文等の情報は、ウェブサイト上のフォーム

から容易に登録できる「オンライン論文情報登録サイト」がありますので、そちらも併せて活用ください。

NBRPではNBRPリソースを利用して行われた研究の成果情報を用いて、成果情報とバイオリソースをリンクさせたデータベースを構築しています。このようなデータベースが整備されることで、各リソースの情報が充実し、リソースの利用における利便性の向上や利活用促進につながると期待されます。

②バイオリソースの寄託

NBRPのリソース拠点にお持ちのバイオリソースを寄託いただくことができます。NBRPにバイオリソースを寄託いただくと、当該リソースを研究コミュニティへ提供する際に必要となる作業（リソースの再生産や送付、書類手続き）をNBRPの機関が代行します。

リソースを寄託する際には、寄託したリソースの利用条件について、各種の条件（発表論文の引用や用途の制限、営利目的での利用には別途ライセンス契約締結等）を付け加えることもできます。寄託に関するご相談は、お持ちのリソースを扱っているリソース拠点までお問い合わせください。

新たに開発・収集されたバイオリソースを研究コミュニティで継続的に利用可能とすることは、我が国のライフサイエンス研究の発展にもつながります。ぜひ検討いただき、NBRPの活動に参加ください。

NBRPのあゆみ

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
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NBRPが立ち上げられる 第1期NBRP事業開始 22リソース課題 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
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リソース課題追加
2007年(平成19年)	4月	第2期NBRP事業開始 27リソース課題 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)を増設
2012年(平成24年)	4月	第3期NBRP事業開始 29リソース課題
2015年(平成27年)	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)へ移管
2017年(平成29年)	4月	第4期NBRP事業開始 30リソース課題
2021年(令和3年)	3月	中核的拠点整備プログラムの対象生物種として1リソース課題追加
	4月	NBRP事業はAMEDから再び文部科学省管轄事業へ
2022年(令和4年)	4月	第5期NBRP事業開始 33リソース課題
		ゲノム情報等整備プログラム及び基盤技術整備プログラムを中核的拠点整備プログラムに組み込み、中核拠点で一体的に実施
2025年(令和7年)	4月	NBRP事業及びNLDP(ナショナルライフサイエンスデータベースプロジェクト)事業を包含する、ライフサイエンス研究基盤整備事業を開始
		中核的拠点整備プログラムのゲノム情報等整備及び基盤技術整備を統合し、バイオリソースの価値創出に向けた新たな技術開発・情報整備を開始



概要

マウスは、遺伝的に均一な近交系が複数樹立され、それぞれのゲノム情報も公開されています。ES細胞を用いた相同組換えや、受精卵を用いたCRISPR/Cas9などのゲノム編集を利用して、個体レベルの遺伝子改変が盛んに行われており、ヒトのモデル動物として、高次生命機能解明やヒトの健康増進、病気克服のために広くライフサイエンス分野で利用されています。

リソースの系統

以下の系統を含む、遺伝子改変マウス (Tg, KO, cKO, KI マウスなど) を中心に約 10,000 系統を保有

- ヒト疾患モデルマウス …………… 約 220 系統
- Cre・Flp ドライバーマウス …………… 約 230 系統
- 蛍光・発光レポーターマウス …………… 約 1,000 系統 など

リソースの特徴

ヒト疾患モデルおよび遺伝子機能解析ツールを中心に、主に日本で開発された論文成果のある系統を収集し、海外と重複のない独自性の高いマウスリソースを保存しています。

代表機関での取り組み

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では、既存リソースの付加価値向上を目的に、ゲノム情報、表現型情報の整備と、その情報発信に取り組んでいます。

代表的な系統と研究例

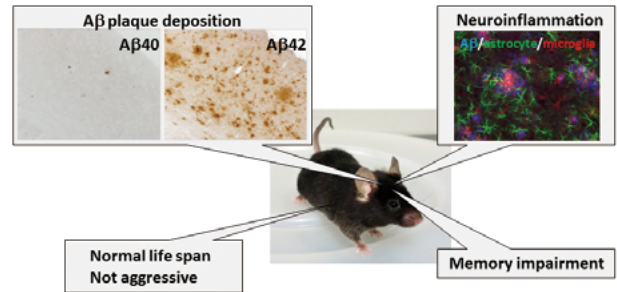
アルツハイマー病 (AD) モデル

App 遺伝子に患者で発見された 3 つの変異をもつ第 2 世代 AD モデル (RBRC06344) は、AD の予防・治療研究用標準モデルとして、国内外で利用されています。また、*App* 遺伝子とともに *Psen1* 遺伝子にも変異を加えた第 3

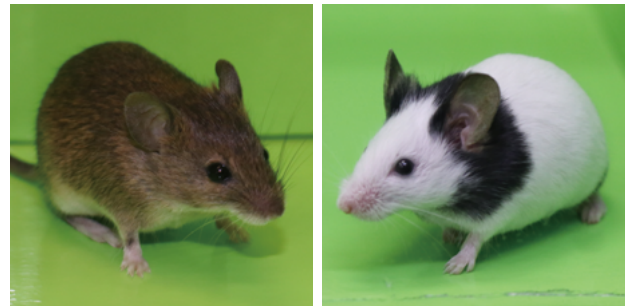
世代 AD モデル (RBRC11518) も提供可能です。

野生由来近交系マウス

日本産 MSM/MsRbrc (RBRC00209) や JF1/MsRbrc (RBRC00639) などの亜種マウスは、そのゲノム情報を整備して提供しています。標準的近交系マウスとの間に膨大なゲノム多型を有するため、ヒトにおけるゲノム機能と多様な生物学的表現型を理解する際に有用です。



患者のアミロイド病理を再現する第 2 世代 AD モデル C57BL/6-*App*^{tm3(NL-G-F)Tcs} (RBRC06344)。



日本産野生由来系統 MSM/MsRbrc (RBRC00209) (左) と日本産愛玩系統 JF1/MsRbrc (RBRC00639) (右)。

お問い合わせ

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

お問い合わせ先：animal.brc@riken.jp

ANIMALS

加齢マウス



概要

本事業で提供する加齢マウスは、長期間（約2年間）、厳重に微生物防御され統一的环境下で飼育されたマウスです。通常大学などの研究機関ではマウスを長期間にわたって飼育することが困難で、機関間の個体譲渡も原則できません。微生物統御上、安全なマウスで、多くの老化研究に使用することができます。

リソースの系統

- 標準的なマウス系統 (C57BL/6J、C57BL/6N、BALB/cA) 3系統
同じ系統でも飼育条件 (単飼、群飼) をかえて異なる環境で飼育されたマウスを供給

リソースの特徴

加齢マウスは、厳重に微生物防御され統一的环境下で長期間飼育されています。米国ではNIA (National Institute on Aging) で加齢マウスを系統的に供給していますが、我が国では唯一の加齢マウス配布機関です。

代表機関での取り組み

神戸医療産業都市推進機構動物実験飼育施設の加齢マウス供給事業は2022年よりNBRPに参画しました。標準化された加齢マウスが広く使われ、老化研究の基盤構築を目指して取り組んでいきます。

代表的な系統と研究例

C57BL/6系統加齢マウス

現代のライフサイエンスを支える実験材料として最も多く利用されてきている実験動物がマウスでその標準系統がC57BL/6です。その加齢したマウスが多くの老化研究に使用されます。しかし、加齢マウスの表現型は長期間飼育するため環境に左右される可能性があり、統一した飼育環境で飼育することが重要です。今後当事業の加齢マウスが多くの老化研究に使用されることが期待されます。



加齢マウス C57BL/6J 102週齢。

お問い合わせ

代表機関：神戸医療産業都市推進機構先端医療研究センター動物実験飼育施設

課題管理者：若菜 茂晴

お問い合わせ先：info-nbr-agedmouse@fbri.org

動物

植物

微生物

細胞・遺伝子材料

情報



概要

ラットは、遺伝と環境を厳密に制御でき、適度な大きさのため実験処置が容易で、行動や代謝系がヒトと類似していることから、様々な疾患モデルが開発され、医学、薬学、生命科学、栄養学、神経科学、遺伝学などの分野で利用されています。近年のゲノム編集技術の発展により、複雑な遺伝子改変ラットが開発され、バイオリソースとしての価値が一段と高まっています。

リソースの系統

- 提供可能系統数(近交系、遺伝子改変系統など)・・・約820系統
- 体重、血圧、血糖値など109項目の特性情報・・・約200系統
- ENUミュータジェネシスによるゲノムDNAと凍結精子
..... 約1万頭
- LE/Stm、F344/Stmを親系統とするリコンビナント近交系
..... 34系統
- F344/Stm系統のゲノムシーケンス情報

など

リソースの特徴

我が国で育種開発された高血圧や糖尿病、てんかんのヒト疾患モデルやゲノム編集で作製された重症免疫不全ラットなど、質・量ともに世界一のラットリソースセンターです。

代表機関での取り組み

京都大学では、ラット生殖工学技術の開発と普及やCreラットなどの品揃えの充実により、ラット利用者の拡大を図ります。

分担機関での取り組み

東京大学では、Creドライバーラットやレポーターラットの特性データを整備し、高品質なラットを提供します。

代表的な系統と研究例

重症免疫不全ラット

Il2rg KO (NBRP Rat No. 0883)、Rag2 KO (NBRP Rat

No. 0894)、Il2rg, Rag2ダブルKO (NBRP Rat No. 0895)の3系統を提供しています。ヒトのiPS細胞やがん細胞を移植し、*in vivo*での機能解析に利用されます。

Creドライバーラット

神経系を中心として、VGAT-cre (NBRP Rat No. 0839)、Drd2-cre (NBRP Rat No. 0843)などのラインナップが増えてきています。Creレポーターラット (NBRP Rat No. 0734)と交配することで、特定の細胞・組織を可視化することも可能です。



全身にGFPを発現するラット。この他、ルシフェラーゼや、細胞特異的蛍光など、多数のレポーターラットが利用できる。



神経細胞やCre依存的に光感受性イオンチャネルを発現するラットは、ラットの特性を生かした光遺伝学的な解析に利用される。

お問い合わせ

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 : 吉見 一人

お問い合わせ先 : <https://nbrprat.med.kyoto-u.ac.jp/contact/>



ANIMALS

ニホンザル

概要

ニホンザルはヒトとの近縁性から、神経生理、感染症・免疫、再生医療などの生命科学研究に不可欠なモデル動物として用いられるマカクザルの一種です。我が国の高次脳機能研究に大きく寄与する一方、数十万年前の分岐以来、熱帯・亜熱帯由来の病原体に接する機会が少なかったため、特異な感受性、免疫反応を示す可能性に注目した比較感染症学研究への貢献も今後期待されます。

リソースの系統

- ニホンザル……………1系統

リソースの特徴

日本固有種であり、研究用に繁殖・提供する体制を整備しているのはNBRPだけです。COVID-19パンデミックの影響で研究用マカクザル供給が不安定になる中、その価値は一層高まっています。

代表機関での取り組み

京都大学ヒト行動進化研究センターでは、繁殖個体の全ゲノムシーケンスを推進することにより、地域ごとの差異を付加したバイオリソースを目指します。

分担機関での取り組み

生理学研究所では、代表機関と協力して、事業運営の一層の効率化と安定化に貢献します。

代表的な系統と研究例

東南アジアに生息する同属他種（アカゲザル、カニクイザルなど）に比べ、強い好奇心と穏やかな気質、発達した認知・学習能力を示す特徴から、複雑なタスク習得が必要な高次脳機能、精緻運動機能の研究に適しており、認知症、パーキンソン病などの脳神経疾患の発症機序や病態の解明、機能回復法開発などに貢献しています。

最新成果例として、パーキンソン病様症状を発症させたニホンザルで症状と神経活動の関係を調べ、定説とは異なり大脳基底核の「直接路」を通る運動指令伝達が弱まることにより本質的な変化であることを明らかにした結果（南部ら、*Cerebral Cortex*、2021年）、「直接路」への介入がより効果的な治療法となる可能性が示唆されたことなどが挙げられます。



ニホンザルは一産一仔、1年おきに季節繁殖し、育成にも時間がかかるため、長期的視野に立った計画的な繁殖が必要。



野生状態に近い集団で育成されるコザルたちは、運動能力、社会的認知機能なども発達した状態で提供される。

お問い合わせ

代表機関：京都大学ヒト行動進化研究所

課題管理者：中村 克樹

お問い合わせ先：https://www.nbr-macaque.pri.kyoto-u.ac.jp/?page_id=13



概要

ニワトリ・ウズラは現存する約9,600種の鳥類を代表する実験モデルです。胚の微細手術が容易で発生過程のライブ追跡が可能な利点から発生学分野など幅広い研究分野で利用されてきました。市販のニワトリ・ウズラは産業用でヘテロ性の極めて高い個体群です。NBRPでは高度近交系など遺伝的に統御され実験結果の再現性を確保しやすい系統を提供しています。

リソースの系統

- 標準系統や変異形質・疾患モデル系統
……………ニワトリ39系統、ウズラ23系統
- ニワトリ・ウズラが属するキジ科と異なるナンベイウズラ科系統……………2種
- 遺伝子改変系統…ニワトリ3種、ウズラ1種(今後拡充予定)
- 提供形態…種卵、血液、ゲノムDNA、個体(雛、成体)など
- 始原生殖細胞株(遺伝子導入株含む)…29株(2022年度提供開始)など

リソースの特徴

ニワトリ・ウズラ資源の世界的激減の中、防疫対策から生体の輸出入は困難です。鳥類では珍しい近交系や遺伝子改変系統など他では入手できない系統を提供しています。

代表機関での取り組み

名古屋大学では、ニワトリ始原生殖細胞(PGC)株の収集・提供を開始します。ゲノム編集などに利用が期待されます。

分担機関での取り組み

広島大学では、日本鶏のリソース化を進める計画です。

して微細移植手術を施した胚の発生過程のライブイメージングなどに利用されています。

ウズラWE系統、ニワトリM/O系統

産卵が安定しており、標準系として化学物質の安全性試験や生理学、解剖学などを含めた様々な用途に広く使われています。



ライブイメージングに利用可能なレポーター発現ニワトリ・ウズラリソース。



NBRP ニワトリ・ウズラで提供している多様なニワトリリソース。

代表的な系統と研究例

レポーター発現トランスジェニック系統 (pLSi/Δ AeGFP-TG ニワトリ, PGK:H2B-chFP-TG ウズラ)

レポーター遺伝子としてEGFPを発現するニワトリ、mCherryを発現するウズラは、鳥類モデルの利点を生か

お問い合わせ

代表機関：東海国立大学機構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：西島 謙一

お問い合わせ先：abr@agr.nagoya-u.ac.jp



概要

ネットイツメガエルは世代時間が4～6ヶ月と短く、遺伝学研究に適しています。アフリカツメガエルは世代時間が1～2年とやや長いですが、胚操作が容易で発生生物学研究に適しています。両種の全ゲノム配列情報はいずれも精緻に整備されています。イベリアトゲイモリはネットイツメガエルと同様に世代時間が短く、再生研究のモデルとして注目を集めています。

リソースの系統

- ネットイツメガエル（野生型近交系、遺伝子組換え系統など）……………約90系統
- アフリカツメガエル（同上）……………約10系統
- イベリアトゲイモリ（同上）……………約10系統
- ゲノムDNA、cDNAクローン、*in situ*ハイブリダイゼーション・CRISPR/Cas9ポジコンキット……………約500種など

リソースの特徴

対象とする3種について、世界唯一かつ日本独自の野生型高度近交系統群を保存しており、国際的にも唯一無二のストックセンターとしての役割を果たしています。

代表機関での取り組み

2022年度から広島大学では、ネットイツメガエルと併用されることの多いアフリカツメガエルとイベリアトゲイモリを対象種に加えました。

分担機関での取り組み

神戸大学と早稲田大学では、貴重系統の種親と凍結精子のバックアップ保存を担当します。

はそれらと亜種レベルの遺伝的距離を持つ系統です。発生、遺伝、進化、生理学研究などに使われています。

アフリカツメガエル野生型近交系 (J)

発生・進化研究に汎用されています。

イベリアトゲイモリ野生型近交系 (Y, T)

再生研究に汎用されています。



ネットイツメガエル（左から野生型のメスとオス）。



アフリカツメガエル（上段左から、野生型のメスとオス）とイベリアトゲイモリ（下段、野生型）。

代表的な系統と研究例

ネットイツメガエル野生型近交系 (NA, NH, NBH, IC)

NAは最初の全ゲノム配列解析に用いられたNigerianの直系系統です。NHとNBHはNigerianの派生系統で、IC

お問い合わせ

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

お問い合わせ先：nbrpfrog@hiroshima-u.ac.jp



概要

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などの理由から、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。

リソースの系統

- 野生由来…………… 1系統
- 変異体…………… 約400系統
- トランスジェニック…………… 約1,800系統など

リソースの特徴

本プロジェクトで開発された効率的な精子凍結保存法を用い、日本独自に開発された系統を国内のみならず世界に向けて供給しています。

代表機関での取り組み

理化学研究所脳神経科学研究センターでは、国内で作られた系統の収集・保存・提供を行なっています。国際的認知度とユーザー利便性の向上のため、データベースの充実も図ります。

分担機関での取り組み

国立遺伝学研究所と基礎生物学研究所ではそれぞれ、遺伝子・エンハンサートラップ系統、神経系細胞操作作用系統の保存と提供を行なっています。

代表的な系統と研究例

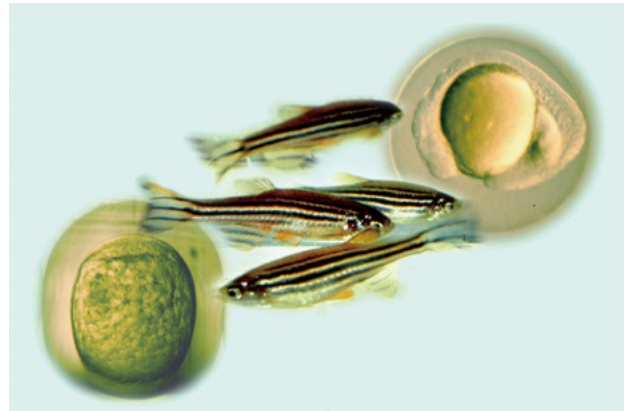
dao:cre-mCherry; vglut2a:loxP-DsRed-loxP-GFP (理化学研究所)

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

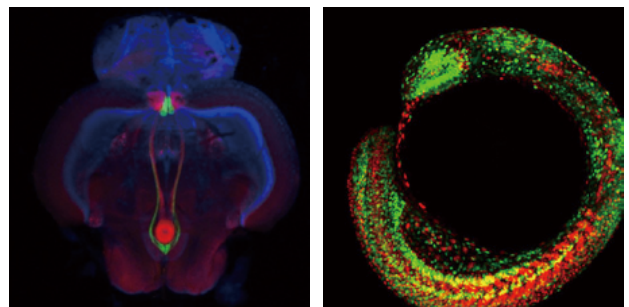
ることができます。

Fucci Fish (提供者：宮脇敦史博士)

宮脇敦史博士（理研）によって考案されたFucci法によって、G1期の細胞の核がオレンジにS/G2/M期の細胞の核が緑に蛍光を発するゼブラフィッシュ系統。細胞分裂状態を蛍光色の変化で観察できます。



ゼブラフィッシュの成魚と受精卵、受精後16時間胚。



手綱核操作作用系統の脳(左)とFucci Fishの胚(右)。

お問い合わせ

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

お問い合わせ先：hitoshi.okamoto@riken.jp



ANIMALS

メダカ

動物

植物

微生物

細胞・遺伝子材料

情報

概要

メダカは、世代時間が約3か月と短く、小型で飼育も容易です。またゲノムサイズは約800Mbpで、高精度な全ゲノム配列やゲノムアノテーションも整備されています。メダカは生息温度域や生息塩分濃度域が広いという生理学的な特性もあります。さらに、東南アジアを中心に様々な環境に適応した近縁種も利用できます。初期胚の操作に必須な孵化酵素も提供しています。

リソースの系統

- 標準系統及び日本産、中国産、韓国産野生由来系統
..... 約100系統
- 突然変異系統及び遺伝子導入系統..... 約730系統
- 近縁種..... 約10系統
- ゲノムリソース (cDNA, BAC, Fosmid クローン)
..... 約73万クローン
- 孵化酵素

リソースの特徴

NBRP Medakaは世界規模で展開する唯一のメダカ生物遺伝資源センターです。生体リソース、ゲノムリソース、孵化酵素に加え様々なリソースのデータベースを提供しています。

代表機関での取り組み

基礎生物学研究所と宇都宮大学は東北大学と協力して野生由来系統のゲノム塩基配列を決定をします。また PacBio Hi-Fi reads を用いてより精度の高いリファレンスゲノムを構築します。

分担機関での取り組み

メダカ生命情報及びオミクスデータの統合に向けて、国立遺伝学研究所を中心に、利便性の高いウェブツールの開発に取り組んでいます。

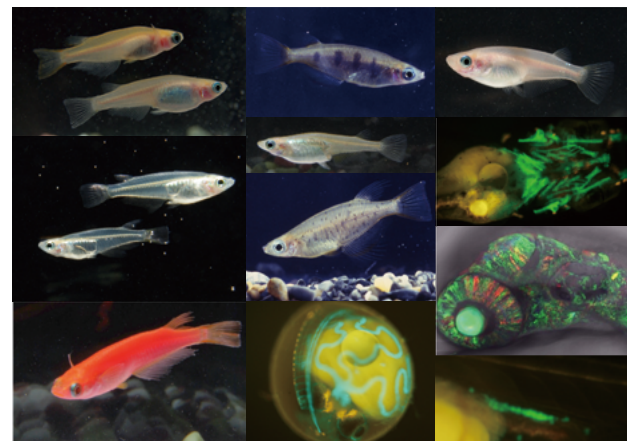
代表的な系統と研究例

メダカ近交系 HdrR-II1

山本時男博士により樹立された d-rR/Nagoya に由来する近交系で、約100代を越える兄妹交配により現在も維持されています。本系統はメダカゲノムのリファレンス配列の決定に用いられ、ゲノム注釈も HdrR-II1 ゲノム配列が基準とされます。この系統は、分子系統学的な姉妹群として HNI-II 系統 (新潟の野生メダカに由来する近交系) と外群として HSOK 系統 (韓国東部の東草市で採集された野生メダカに由来する近交系) を持ち、両系統のゲノム塩基配列も公開されています。

OK-Cab 系統

米国 Carolina Biological Supply から提供されていたメダカに由来する系統で繁殖力と環境適応力が強いいため、ゲノム編集や遺伝子導入による遺伝子改変系統作成に多用されます。



NBRP Medaka から提供している様々なメダカ系統 多様な研究に用いられている標準系統やリファレンスゲノム配列決定に利用された近交系 HdrR-II1、近縁種、遺伝子導入系統など多様なリソースを提供している。

お問い合わせ

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：東島 眞一

お問い合わせ先：nbrp.medaka@bioresource.jp

カタユウレイボヤ



概要

カタユウレイボヤは海産動物で、世代時間が3か月と短く、遺伝子組換え系統が作製されていること、全ゲノム配列の精密解読が進んでいることなどの特徴があります。単純な体制を持ち幼生は3,000足らずの細胞から構成され、発生や神経生理学のモデルとして利用されています。ホヤは脊椎動物の姉妹群であり、脊椎動物の進化メカニズムの解明に欠かせません。

リソースの系統

- 遺伝子変異系統や形質転換系統……………約150系統
- 野生型（自然集団より作出したクローズドコロニー集団）……………2系統
- 発現ベクター（レポーターコンストラクトなど）…約400種など

リソースの特徴

野生型をクローズドコロニーとして管理しほぼ周年利用できる体制や、遺伝子組換え系統の体系的な提供体制を整備した、世界で唯一のホヤ遺伝学的リソースの配布機関です。

代表機関での取り組み

筑波大学下田臨海実験センターでは、神経生理学など、単純な体制を持つホヤの利点を生かした研究に資する系統を整備しています。

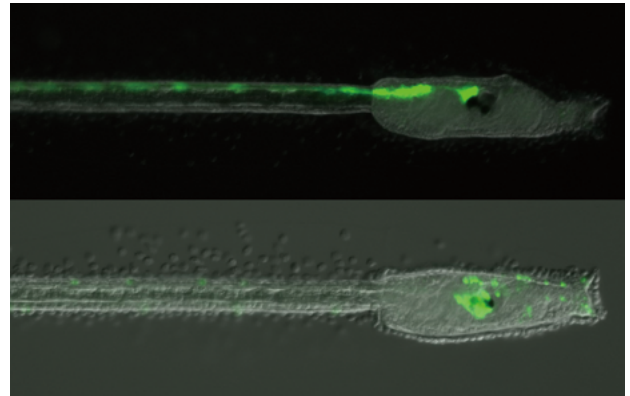
分担機関での取り組み

京都大学（理学研究科および舞鶴水産実験所）と東京大学三崎臨海実験所では、野生型集団の提供体制維持とゲノム管理による高品質化を図っています。

神経細胞のマーカー系統を多数揃えています。これらを用いて、神経分化を制御する転写因子や光などへの応答を示す神経細胞の同定、変態や脳の再生時の細胞追跡など様々な研究が行われました。

野生型

日本の自然集団の子孫をクローズドコロニー集団として増やし、実験用の標準系統として提供しています。正常発生率が高く実験に利用しやすく、ゲノム配列を解読して公開しているため多型を把握できます。



神経細胞トランスジェニックラインの幼生 上はアセチルコリン陽性神経、下はグルタミン酸陽性神経で蛍光タンパク質を発現する。



カタユウレイボヤ野生型 NBRP によって海中養殖された個体群。

代表的な系統と研究例

神経細胞マーカー系統 (Tg [MiCiVACHTK] 5 など)

カタユウレイボヤは少数の神経細胞を使い、様々な生理学的応答を示します。幼生のコネクトームも記載されており、神経機能解明に適した材料です。本リソースでは

お問い合わせ

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

お問い合わせ先：sasakura@shimoda.tsukuba.ac.jp



概要

ショウジョウバエは、世代時間が2週間程度と短く、小型で増殖が容易、全ゲノム配列の精密解読が進んでいることなどの特徴があります。基本的な生物の仕組みのみならずヒトとの類似点から医学においてもモデル動物として活用されてきました。ショウジョウバエは、伝統的に我が国が強みを持つリソースであり、様々な分野で幅広く活用されています。

リソースの系統

- RNAi 系統……………約 14,000 系統
- FlyCas9 系統……………約 30 系統
- 基本系統……………約 3,700 系統
- NP 系統……………約 4,200 系統
- 近縁種地域集団・突然変異系統……………約 1,500 系統
など

リソースの特徴

FlyCas9 やノックアウト系統などの独自リソースを開発しています。アジアで唯一の総合的ショウジョウバエリソース機関です。近縁種系統群については世界最大級の規模を誇ります。

代表機関での取り組み

国立遺伝学研究所では、特に国際的な認知度とユーザーの利便性の向上を目指し、データベースの改修に取り組んでいます。世界唯一の体系的ゲノム編集系統群を提供しています。

分担機関での取り組み

京都工芸繊維大学は基盤的系統の他、ヒト ORF 系統の提供を行っています。また、始原生殖細胞 (PGC) の凍結保存を実施しています。杏林大学は近縁種系統群の世界的スピーシーズストックセンターとしての活動を展開しています。

代表的な系統と研究例

FlyCas9 系統群 (CAS-0001 ~ CAS-0004)

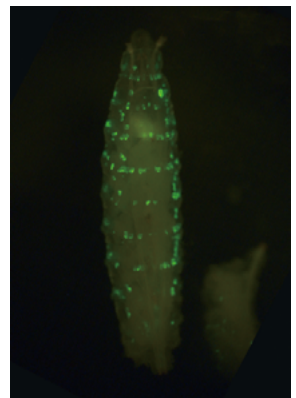
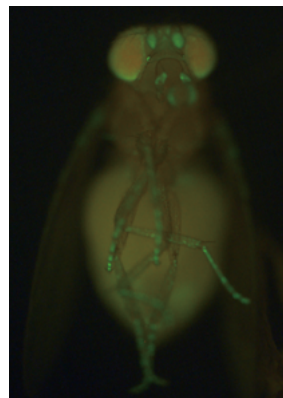
本系統と guide RNA 系統を掛け合わせることで簡便かつ高効率で遺伝子ノックアウトハエを作製することが可能です。遺伝子ノックアウトハエを用いたスクリーニングも行われており、基礎生物学の発展に貢献しています。

NP 系統群

我が国の NP コンソーシアムによって作出された GAL4 エンハンサートラップ挿入系統群です。GAL4/UAS システムによる組織特異的発現やノックダウンはショウジョウバエ研究に欠かせないツールであり、国内外で使用されています。



ショウジョウバエ。



組織特異的 EGFP 発現系統 (左: 成虫, 右: 幼虫)。

お問い合わせ

代表機関：情報・システム研究機構国立遺伝学研究所
遺伝メカニズム研究系無脊椎動物遺伝研究室

課題管理者：齋藤 都暁

お問い合わせ先：saitok@nig.ac.jp



概要

カイコは、1世代が約50日、飼育が簡単でゲノム編集も可能です。1匹の雌は500の卵を一晩で産み、遺伝的に均一な材料が揃います。日本の養蚕の歴史の中で培われたもので、我国が世界をリードするリソースです。NBRPでは、世界一多様なカイコ突然変異を揃えています。卵巣、精子を用いた凍結保存技術も確立しているため、凍結保存も可能です。技術サポートもしていますのでご利用ください。

リソースの系統

- 遺伝子変異系統（自然突然変異が大半）…… 約500系統
- 野生種クワコとのコンソミック、コンジェニック系統…… 約200系統
- ゲノム改変系統…… 約150系統
- 野蚕…… 11種類
- 培養細胞株…… 5株など

リソースの特徴

世界一多様なカイコのミュータントを保有しています。その大半は自然突然変異であり、生命の多様性と自然、偶然の関わりを探れる宝物を保有しています。

代表機関での取り組み

九州大学では、利用者の多い代表的な系統のゲノム情報を整備すると共に培養細胞の整備を充実し、実験材料としての付加価値をより高度化します。

分担機関での取り組み

信州大学では、カイコに近縁な野蚕リソースの安定した分譲体制を整備します。

代表的な系統と研究例

カイコp50系統、クワコとカイコとのコンソミック系統

p50はカイコゲノム情報の標準系統で病気に強く広くユー

ザーに使われています。カイコは家畜化された昆虫ですがその祖先種はクワコです。祖先種クワコの染色体を染色体ごとにセットでp50系統へ置換したコンソミック系統は家畜化を探る系統としてユーザー増加が見込まれます。

カイコ系統 (NB1、NB2、NB3)

この3種類は飼育が簡単で初心者にも好適です。NB2は幼虫の外観で雌雄が簡単に識別できます。NB3は大型で、注射で薬物や病原菌の接種も可能であり薬学、医学分野での利用が多くなっています。



カイコの繭の多様性 繭の多様性の中でも繭形の変異は幼虫の営繭行動の違いによるもので、行動解析にも有効なリソースであるが全く未解析である。



カイコ幼虫の変異体 日本では養蚕業が発達したため、年間400億匹も飼育された時代があり、多数の個性的な自然突然変異が発見された。

お問い合わせ

代表機関：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

課題管理者：藤井 告

お問い合わせ先：t.fujii@agr.kyushu-u.ac.jp



概要

線虫は世代時間が20℃で約3日程度と短く、小型で大腸菌を餌として飼育が容易です。全体細胞が1000程度であり、細胞系譜が完成しており、電子顕微鏡連続切片による形態の詳細も記載されています。さらに、多細胞動物として初めて全ゲノム解読が完了しています。遺伝解析に適しており、変異体の表現型の記載により遺伝子の機能を理解するために有用な生物です。

リソースの系統

- 遺伝子変異系統……………約13,400系統
- 高性能バランサ系統……………69系統
- Creトランスジェニック株……………43株
など

リソースの特徴

日本で得られた全遺伝子数の半数近い数の欠失変異体を保有しています。使用時に異数体を発生しない日本初の高性能蛍光バランサを保有しています。

代表機関での取り組み

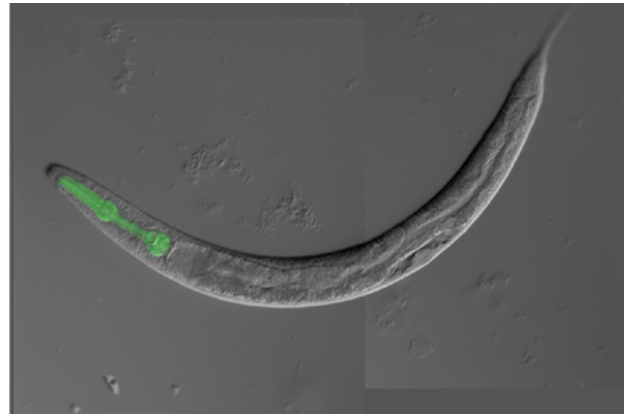
東京女子医科大学では、保有する欠失変異体、高性能蛍光バランサ、Creトランスジェニック株の提供を継続します。

代表的な系統と研究例

線虫欠失変異体 (*lrk-1(tm1898)*)

線虫 *lrk-1* 遺伝子はヒト家族性パーキンソン病遺伝子のオースログであり、この遺伝子を欠く変異体 (*lrk-1(tm1898)*) は、パーキンソン病の病態解析に有用なモデルとなっています。特に、プロテインキナーゼとしての作用がどのように病態に影響を与えるかを知ることが今後の治療法の開発に有用な情報となると考えられます。また、線虫の遺伝子の4割程度はヒト遺伝子のオースログであるため、線虫の遺伝子機能解析を行うことで、線

虫をヒトの疾患モデルとして使用できます。



線虫 Balancer *tmC6[dpy-2(tm1189)]* 咽頭の蛍光シグナルを指標にバランサの存在を確認できる。



欠失変異体 *egl-26(tm1244)* 産卵異常表現型 : 子宮内に発生の進んだ embryo や L1 幼虫が観察される。

お問い合わせ

代表機関 : 東京女子医科大学医学部

課題管理者 : 吉名 佐和子

お問い合わせ先 : yoshina@twmu.ac.jp

シロイヌナズナ／ 植物培養細胞・遺伝子



概要

シロイヌナズナはモデル植物の代表として様々な研究に使われています。小型で生活環が3か月と短く、室内環境で栽培でき、形質転換も簡便で1個体より数千粒の種子を採取可能、全ゲノム配列が精密解読されているなど、研究上の利点が多くあります。また、植物培養細胞は我が国が強みを持つリソースとして細胞生物学から有用物質の生産まで幅広く活用されています。

リソースの系統

- 個別のシロイヌナズナ変異系統・形質転換系統
..... 508系統
- 国内外のシロイヌナズナ野生系統..... 1,018系統
- シロイヌナズナ遺伝子破壊系統.....約2万系統
- シロイヌナズナcDNAクローン.....約24万系統
- 植物培養細胞株..... 80系統
など

リソースの特徴

アジアで唯一のシロイヌナズナリソース機関として日本産リソースを国内外に提供するとともに、植物培養細胞を国際研究コミュニティに配布する世界で唯一の機関です。

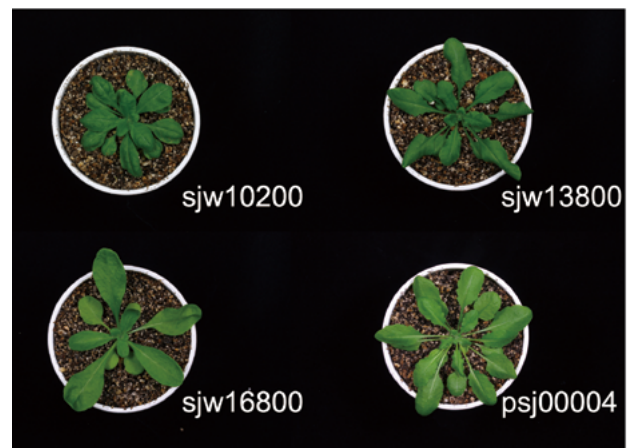
代表機関での取り組み

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では、日本産野生系統を対象に、全ゲノム配列情報に加え自動表現型解析システムを用いた表現型情報を収集します。

代表的な系統と研究例

多様な環境に自生するシロイヌナズナ野生株は表現型と遺伝型に多型が存在します。そこで保存する国内外の系統を個別に提供するとともに、SSRデータに基づき選抜した100系統を野生系統セット (psw00001) として提供しています。セットに含まれる系統を標準系統 (Col, Ler) と交配したF2雑種種子集団も整備しており、量的

形質の迅速な解析に貢献します。更にスクリーニング用として50系統の種子を混合した種子プールを提供しており、スクリーニングで単離した個体を対象とした系統解析サービスも利用できます。これらのリソースを活用することにより、量的形質に関する新規遺伝子の効率的な探索・単離が期待できます。



多様な形態を示す日本産シロイヌナズナ。



付加情報を整備する日本産シロイヌナズナの分布。

お問い合わせ

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：川勝 泰二

お問い合わせ先：plant.brc@riken.jp



PLANTS

イネ

概要

イネは地球上の多くの人口を養うカロリー源として人類に不可欠であり、人類の歴史と共に進化してきた植物です。野生祖先種を含むイネ属遺伝資源は育種だけでなく、遺伝学、生物学などの基礎研究に至るまで多様な分野で活用されています。NBRPイネでは野生イネ系統や栽培イネ背景の突然変異系統を提供しています。

リソースの系統

- 野生イネ系統……………約 1,700 系統
- MNU 変異系統 (金南風、TC65、キタアケ、ゆきひかり由来)
- 染色体部分置換系統
(*Oryza glaberrima*・*O. meridionalis*・*O. glumaepatula*・*O. sativa indica*・*O. sativa japonica* 由来の染色体を栽培イネに導入)

など

リソースの特徴

世界的に見ても最もコレクションが充実した野生イネ系統を保有・提供している機関の1つです。野生イネは開発や環境変化により生息域が減少しており、貴重な遺伝資源です。

代表機関での取り組み

国立遺伝学研究所は野生イネ系統を提供し、野生イネデータベースにて遺伝子・ゲノム情報を公開しています。

分担機関での取り組み

九州大学は栽培イネの突然変異系統や野生イネの染色体部分置換系統などの実験系統を提供しています。

代表的な系統と研究例

野生イネ系統

イネ属21種を網羅する約1,700系統を提供しており、一部の系統は形質転換も可能です。野生イネ系統から育種に利用できる有用な遺伝子を探る研究や、多様な環境に適応した野生イネのゲノム進化の研究などに利用

されています。*O. rufipogon*などの近縁野生イネ系統はイネの栽培化過程に関する研究にも利用されています。

MNU 突然変異系統

MNUを用いた受精卵処理によって栽培イネ品種である金南風・TC65・キタアケ・ゆきひかりなどを遺伝的背景とする突然変異系統を提供しています。イネの形態形成や生理機能に関する基礎研究や、耐病性や米粒品質の改良など農業的にも重要な形質に関する研究にも利用されています。



野生イネ系統の多様な穂の形態。系統によって穂の大きさと枝分かれの数や長さが異なっている。



イネ MNU 変異体に見られた葉形態のバリエーション。

お問い合わせ

代表機関：情報・システム研究機構国立遺伝学研究所
ゲノム・進化研究系植物遺伝研究室

課題管理者：佐藤 豊

お問い合わせ先：yusato@nig.ac.jp



PLANTS

コムギ

概要

世界三大穀物の一つであるコムギには、二倍体 ($2n = 14$; 一粒系コムギ)、四倍体 ($2n = 28$; 二粒系コムギ)、六倍体 ($2n = 42$; 普通系コムギ) があり、ゲノム構造が複雑であるが、全ゲノム配列情報の利用と形質転換が可能となり、コムギ科学研究の新たなステージを迎えています^{1), 2), 3)}。コムギは基礎科学から世界の食糧問題まで寄与できるリソースです。

リソースの系統

- 在来品種・品種……………約 10,800 系統
- 野生種……………約 4,800 系統
- 実験系統……………約 1,600 系統
- 六倍体コムギNAM集団……………約 4,900 系統
など

リソースの特徴

世界のほとんどのジーンバンクが栽培品種中心のコレクションである中、我々は在来品種、近縁野生種および実験系統のリソースを多数揃えています。

代表機関での取り組み

京都大学では、コムギの進化に主要な役割をはたしたタルホコムギと四倍体コムギの大規模交配集団の整備を進めています。

代表的な系統と研究例

「農林 61 号」(LPGKU2305)

コムギは西洋とアジアで遺伝的に大きく分化しており⁴⁾、世界のコムギ育種にアジアの遺伝資源はあまり活用されてこなかったことから⁵⁾、未利用のアレルを保有する可能性が高いです。本系統はアジアを代表するコムギ品種で、ゲ

1) International Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC), *Science* 361: eaar7191, 2018

2) Abe et al. 2019

3) Sato et al. 2021

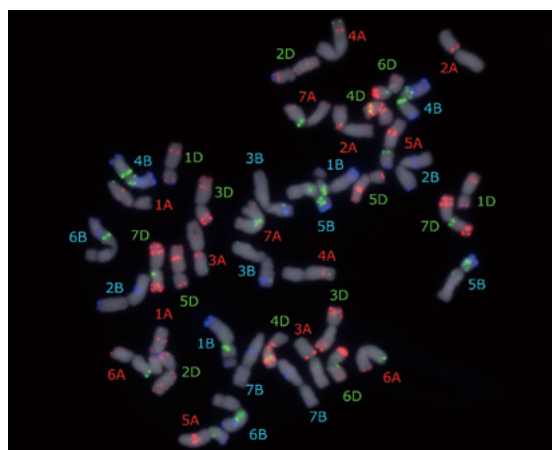
4) Balfourier et al. 2019

5) Walkowiak et al. 2020

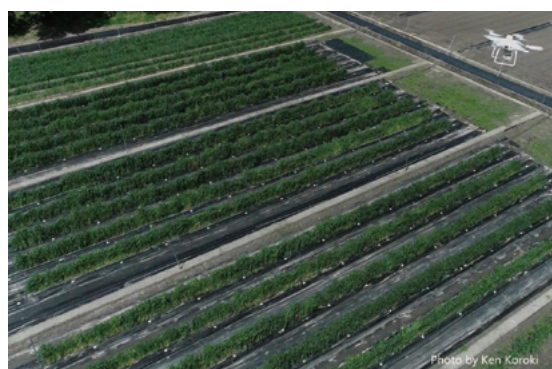
ノム配列が決定され、農業形質の遺伝子単離などに利用されています。我々は、本系統とアジアのコムギ24系統の交配から作出した実験系統群を整備しています。

形質転換の標準品種「Fielder」(LPGKU2330)

コムギは形質転換が容易ではありません。本系統は形質転換の成功実績がある品種の一つです。ゲノム配列が決定され、ゲノム情報と逆遺伝学的手法を組み合わせた研究を行えるようになってきました。



アジアを代表するパンコムギ品種「農林 61 号」の ND-FISH。



パンコムギ品種「農林 61 号」を固定親とした普通系コムギ NAM 集団の栽培。

お問い合わせ

代表機関：京都大学大学院農学研究科

課題管理者：吉田 健太郎

お問い合わせ先：nbrpkmg.ku@gmail.com



PLANTS

オオムギ

概要

オオムギは醸造、食用、飼料などに利用され、熱帯を除く穀物最大の広域適応性と、乾燥・塩類・湿害など環境変動への耐性をもつ多様な野生種や栽培種が存在します。また、栽培種は二倍体であるため、変異検出が容易であり、ゲノムの精密解読も完了していることから、有用遺伝子の同定をはじめとした植物科学と実用をつなぐモデル植物として活用されています。

リソースの系統

- 世界各地から収集した栽培および野生系統
..... 約 11,000 系統
- 実験系統 約 9,000 系統
- 形質転換系統 3 系統
- 完全長 cDNA クローン (令和 4 年度導入予定分を含む)
..... 約 22 万種
- 系統 DNA 約 3,300 種
など

リソースの特徴

独自に収集・開発したオオムギ系統を保有し、世界で五指に数えられる東アジアのオオムギリソース拠点です。代表的な系統のゲノム配列情報も公開しています。

代表機関での取り組み

岡山大学では、リソースの品質確保および付加価値向上のために、高純度な系統 DNA、系統の特性やゲノム情報を追加します。

代表的な系統と研究例

オオムギ系統「はるな二条」(J247)

我が国を代表するオオムギ品種として、BAC ライブラリ、完全長 cDNA、分子遺伝地図などのリソースの親系統に使用されてきました。染色体スケールのゲノムアセンブリも公開されており、遺伝子単離や有用形質の遺

伝解析に活用されています。

オオムギ標準系統 (274 系統)

NBRP の保存系統から収集地域の確実な系統を選定したコアコレクションで、一塩基多型のデータもウェブサイトから公開しています。世界のオオムギの変異を代表するコレクションとして、特に遺伝子の分子系統樹解析やゲノムワイド関連解析などに使用されています。



種子保存庫で保存中のオオムギ系統種子。



オオムギ保存系統の穂の多様性。

お問い合わせ

代表機関 : 岡山大学資源植物科学研究所
大麦・野生植物資源研究センター

課題管理者 : 久野 裕

お問い合わせ先 : barley@okayama-u.ac.jp

ミヤコグサ・ダイズ



概要

ミヤコグサは、日本に自生する野生のマメ科植物で、世代期間が短く(約3ヶ月)、ゲノム情報が解読されていることから、モデルマメ科植物として基礎研究分野で広く利用されています。一方、ダイズは種子にタンパク質や脂質の他、イソフラボンやサポニンなどの機能性成分も多く含むことから、世界的にも食用や飼料の他、搾油用の工芸作物として広く利用されています。

リソースの系統

- ミヤコグサ実験系統……………3系統
- 日本国内の野生系統(ミヤコグサ・ダイズ)…約1,000系統
- 組換え自殖系統やタグライン(ミヤコグサ・ダイズ)……………約1,600系統
- DNAリソース(ミヤコグサ・ダイズ及び根粒菌を含む)……………約24万種
- ミヤコグサ根粒菌STM変異株……………約7,000系統など(全て分譲対象)

リソースの特徴

ミヤコグサとダイズ両種の野生種や根粒菌などの独自リソースを保有しています。アジアで唯一のミヤコグサリソース機関であり、世界で唯一のミヤコグサおよびダイズ根粒菌STM株の配布機関です。

代表機関での取り組み

宮崎大学では、ミヤコグサLORE1タグラインおよび根粒菌STM変異株の収集とツルマメコアコレクションの整備に取り組めます。

分担機関での取り組み

東北大学では、LORE1タグラインコア系統の選抜と根粒菌STM変異株の変異挿入位置などの情報整備に取り組めます。

代表的な系統と研究例

ミヤコグサ実験系統(Miyakojima MG-20、Gifu B-129)

これまで、植物と微生物の共生関連遺伝子が多く単離され、その遺伝子数は飽和に達してきています。このような中で、近年本課題から提供されたリソースを用いて、新たな共生関連遺伝子が単離され、国際的にも高い評価が得られています(Nat Commun 9:499 2018、PLoS Genet 15(1): e1007966 2019)。

ミヤコグサ野生系統(MG系統)

日本に自生するミヤコグサ野生系統のゲノム解析と、環境の異なる地域での栽培実験により、ミヤコグサが約2万年前に九州に定着し、その後、日本全土に分布域を広げたことが分かりました。更に、北日本地域への適応には、越冬性と開花調節に関わる遺伝子が鍵になったことが明らかになりました(Nat Commun 11:253 2020)。



宮崎県宮崎市に流れる河川の河口付近に自生するミヤコグサ野生種。堤防などの開けた日当たりの良い場所に自生しています。



色々なダイズの種子。日本には品種や在来種を含め5,000種以上のダイズが存在し、野生ダイズのツルマメも全国に自生しています。

お問い合わせ

代表機関：宮崎大学地域資源創成学部

課題管理者：橋口 正嗣

お問い合わせ先：legume@brc.miyazaki-u.ac.jp



PLANTS

トマト

概要

トマトは世界で最も多く生産されている果菜類であり、トマトが持つ遺伝子機能や栽培特性、果実成分などは学術的な興味だけではなく産業利用としても注目を集めています。加えてトマトの特徴である「果実の発達」や「光周期性を持たない花成制御」などは従来のモデル植物が持ち合わせていない特徴であり、基礎生物学的な問いに答える新しいモデル植物としても有用です。

リソースの系統

- 栽培品種・野生種およびそれらの交配系統…約100系統
- マイクロトム個別変異体系統……………約2,700系統
- 変異処理済み種子バルクセット……………約5,500系統分
- T-DNA挿入系統……………約500系統
- 完全長を含むcDNAクローン……………約27万種など

リソースの特徴

矮性トマト品種マイクロトムを実験系モデル品種と位置づけ、マイクロトムを親系統とした大規模変異体系統およびT-DNA挿入系統を世界で唯一配布しています。

代表機関での取り組み

筑波大学では、より多くのユーザーに興味をもってもらえるように、個別変異体をもつ詳細な表現型などの情報取得を行います。また、リソースの高付加価値化をもたらすデータベースの強化を行います。

代表的な系統と研究例

矮性トマト品種マイクロトム (TOMJPF00001)

一般的なトマト品種を栽培するには太陽光利用型の温室が必要ですが、マイクロトムは蛍光灯下でライフサイクルを回すことができるうえ、小型で世代時間が短いことから実験植物としての特性を備えています。この品種は果実発達や代謝制御、ホルモン応答やストレス耐性など様々な研究に広く利用されています。

マイクロトム個別変異体系統 (TOMJPE/M/W シリーズ)

個別変異体リソースはNBRP-Tomatoが世界で唯一配布しているため、国内外での利用があります。例えばジベレリンの情報伝達が変化した*pro-2*変異体 (TOMJPE2753-1)は果実の発達研究に利用されています。



マイクロトム栽培風景 マイクロトムは一般品種 (右奥) に比べて個体サイズが小さく、高密度での栽培が可能となっている。



個別変異体表現型 左上から時計回りに花色・果実形態・草姿・果実形態・花序形成・葉形態・葉色・斑入りの各変異体を示す。

お問い合わせ

代表機関：筑波大学生命環境系／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

お問い合わせ先：requestomato@t-pirc.tsukuba.ac.jp

広義キク属



概要

栽培ギクをはじめとしたキク属植物には、モデル植物にはない興味深い特徴がありますが、自家不和合性・高次同質倍数体が多く、遺伝学的研究には不向きです。本プロジェクトは、全ゲノム塩基配列が解読された二倍体野生種・キクタニギクの純系系統をプラットフォームとした、我が国独自のリソースの開発を通して、多様なキク属種の分子遺伝学研究に貢献しています。

リソースの系統

- 日本原産種を中心とした広義キク属系統（野生系統）
..... 約500系統
- キクタニギク純系系統・変異体・種間交雑後代などの実験系統
..... 約100系統
- キクタニギク BAC クローン
..... 約10万クローン
など

リソースの特徴

世界最大規模のキク属野生種のコレクションを広く公開している世界で唯一の機関であり、独自に開発されたキク属モデル系統や変異体など実験系統の提供も行っています。

代表機関での取り組み

広島大学では、Gojo-0をプラットフォームとして変異体などの個体リソース・遺伝子発現情報などの情報リソースを充実させます。

分担機関での取り組み

高知大学では、野生系統などの個体リソースの収集と定期的なバックアップを行っています。

培ギクを含め自家不和合性かつ高次同質倍数体が多く、遺伝学的な解析には不向きです。一方、Gojo-0は二倍体で自家和合性であることから、潜性突然変異体の単離を含め、遺伝学的な解析にも利用可能です。Gojo-0は染色体レベルでの全ゲノム塩基配列決定も行われているほか、遺伝子発現データや多型データを集積されており、栽培ギクのリファレンス系統・キク属のモデル系統として利用されています。



キクタニギクの野生型と shiboridama 変異体 キク属モデル系統 Gojo-0 (左) と shiboridama 変異体 (右) の草姿と頭状花序。



イワインテン (*C. rupestre*) 無舌状花型 (大きな花弁をもつ小花がない) の二倍体キク属種。日本の高地に自生している。

代表的な系統と研究例

Gojo-0系統

日本原産二倍体種キクタニギク (*C. seticuspe*) の自家和合性変異体を自殖により純系化した系統。キク属には栽

お問い合わせ

代表機関： 広島大学大学院統合生命科学研究科附属植物
遺伝子保管実験施設

課題管理者： 草場 信

お問い合わせ先： akusaba@hiroshima-u.ac.jp



PLANTS

アサガオ

概要

アサガオには多様な変異体が保存されており、内在のトランスポゾンによる新規変異の誘発も可能です。世代時間も3か月以内と短く、日長条件によってサイズが可変で、屋内の低照度でも育成可能です。短日性植物という特性だけでなく、つる性、一日花などの特性を生かした研究も増えています。系統間で均一なゲノムを持つため、変異の原因遺伝子の同定も容易です。

リソースの系統

- アサガオ変異系統・野生型系統……………約 3,000 系統
- 近縁種系統……………約 450 系統
- cDNA クローン (完全長クローンを含む) …… 約 6 万種
- BAC クローン……………約 12 万種
- 花卉特異的発現ベクター

など

リソースの特徴

江戸時代に起源をもつアサガオ変異系統や世界各地の野生型系統、近縁種の変異・野生型系統、各種 DNA リソースを保有する世界で唯一の配布機関です。

代表機関での取り組み

九州大学では、利用者の拡大を目指し、リソースの詳細情報の公開や優れた点の広報を行っていきます。

分担機関での取り組み

基礎生物学研究所では、変異系統のゲノム配列などを取り込むことで、ゲノム情報のデータベースを充実させます。

ランスポゾンの転移も抑制されているためゲノム配列の均質性も保たれています。

ムラサキ (Violet)

植物生理学分野をはじめとする様々な分野の研究において、標準系統として広く用いられているため、提供数の最も多い系統です。大型の器官を持ち、鋭敏な日長感受性を示します。



アサガオの標準系統。東京古型標準型 (TKS、左)、ムラサキ (Violet、右)。



ゲノム解読が行われた系統の一部。配列比較によって、これらの系統が保持する様々な変異の原因遺伝子が明らかになっている。

代表的な系統と研究例

東京古型標準型 (TKS)

国立遺伝学研究所の竹中要博士が、野生型系統を選抜し、自殖を繰り返した系統です。リファレンスゲノムの解読にも用いられ、本プロジェクトで提供している DNA リソースなどはこの系統から作製されています。内在のト

お問い合わせ

代表機関 : 九州大学大学院理学研究院生物科学部門

課題管理者 : 仁田坂 英二

お問い合わせ先 : asagao@kyushu-u.org



概要

藻類は、進化系統的に多様なグループで構成され、海洋、沿岸、陸水、極限環境を含む様々な水界の基礎生産者として重要です。国立環境研究所では21門77綱に及ぶ多様な藻類及び原生動物の系統を、神戸大学では海藻類の主要分類群を保存、提供しています。光合成研究のモデル生物として、また環境研究やバイオマス利用、医薬品開発などの幅広い分野で活用されています。

リソースの系統

- 微細藻類及び藻類に近縁な原生動物……………約2,800株
- 車軸藻などの淡水産大型藻類……………約300株
- 紅藻、褐藻、緑藻からなる海藻株……………約1,100株
など

リソースの特徴

国立環境研究所では多様な分類群を網羅しつつ、クラミドモナスなどの標準系統も保有しています。大部分が日本産リソースです。神戸大学は世界唯一の海藻専門の保存機関です。

代表機関での取り組み

国立環境研究所と神戸大学では、凍結保存への移行、国際的データベースやSNSによる情報発信などに取り組んでいます。

分担機関での取り組み

北海道大学では重要リソースのバックアップを行なっています。

代表的な系統と研究例

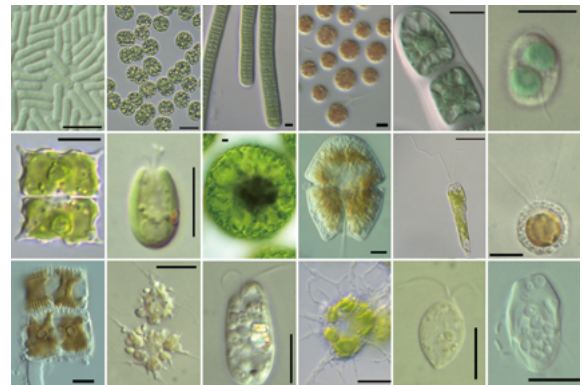
代表的な系統例

クラミドモナス (NIES-2235)、クロレラ (NIES-227)、ユーグレナ (NIES-48)、スピルリナ (NIES-39)、シオミドロ (KU-1372) といった安定的に優れた増殖能をもつリソースは、実験的取り扱いも容易なことから、長年にわたり

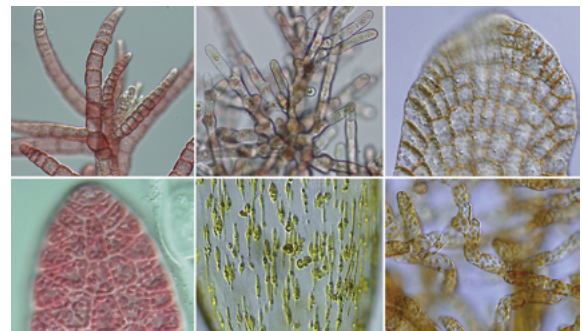
様々な研究に使われてきました。またアオコや赤潮研究、生態毒性試験、バイオマス研究などの特定の分野で長年にわたって利用され続けている系統が維持されています。

近年よく利用され始めた系統

全ゲノム解読をきっかけに、広く利用され始めたリソースとして、陸上植物と共通の植物ホルモンをもつ *Klebsormidium* (NIES-2285) や温泉藻の *Cyanidioschyzon* (NIES-4696) などがあります。最近では、藻類リソースはバイオマス研究だけでなく、計測機器開発、医薬品開発などの応用分野での利用も増えています。



微細藻類 国立環境研究所で保存・提供されている多様な微細藻リソースの光学顕微鏡写真（スケールバーはいずれも10 μm）。



海藻類 神戸大学で保存・提供されている多様な海藻リソースの光学顕微鏡写真。

お問い合わせ

代表機関：国立環境研究所生物多様性領域

課題管理者：田辺 雄彦

お問い合わせ先：tanabe.yuuhiko@nies.go.jp



MICROBES

ゾウリムシ

概要

ゾウリムシ属 (*Paramecium*) は単細胞の中で大型であり、培養や顕微操作が容易なことから、真核細胞のモデル的生物として様々な基礎研究（細胞内共生、病原体の自然宿主、老化、運動、分裂、性的細胞認識、学習、水質浄化など）に利用されています。また、複数種で大核（栄養核）のゲノム配列も解読され、様々な遺伝学的アプローチが進展しています。

リソースの系統

- 野外採取可能33種のうち24種
- 標準株……………3種、6株
- 利用推奨株……………24種、63株
- *P. caudatum* のシンジェンと接合型の代表株……15株など

リソースの特徴

アジアで唯一のゾウリムシリソース機関であり、世界最大規模の24種および*P. caudatum* のシンジェンと接合型の保存・提供を実施しています。

代表機関での取り組み

山口大学では、リソース維持のために、計画的な収集、子孫作成、および凍結保存方法の開発・改善に取り組んでいます。

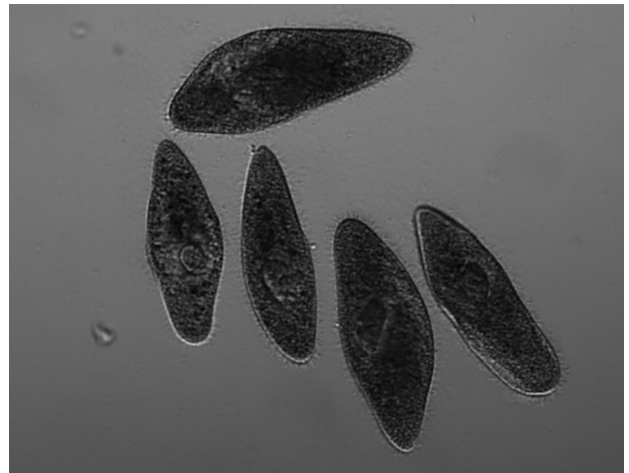
代表的な系統と研究例

P. caudatum dKNZ-12E (PC122029A)

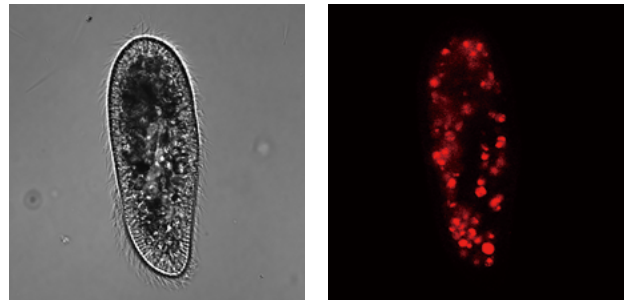
増殖性や食食能が安定していることから代表的なゾウリムシ株です。同じシンジェンの接合型O株dKNZ-12O (PC121031A) とともに、接合に関する研究に用いられています。また、細胞内寄生菌であるレジオネラの自然宿主モデルとして活用されています。

P. bursaria Yad1g1N (PB031010B)

P. bursaria (ミドリゾウリムシ) は細胞内に共生クロレラを共生させます（二次共生：真核細胞同士の細胞内共生）。クロレラ共生株Yad1g1Nとクロレラを除去した株を用いた発現遺伝子の比較解析により、二次共生に関与する遺伝子が複数明らかになりました。



標準的なゾウリムシ (*Paramecium caudatum*)。



ミドリゾウリムシ (*Paramecium bursaria*)
共生するクロレラが自家蛍光により赤色顆粒として認められる。

お問い合わせ

代表機関：山口大学共同獣医学部NBRPゾウリムシ研究室

課題管理者：度会 雅久

お問い合わせ先：watarai@yamaguchi-u.ac.jp



概要

細胞性粘菌は、バクテリアを餌として増殖する真核単細胞土壌アメーバであり、飢餓になると集合して多細胞化し、胞子塊と柄から成る子実体を形成します。これまで、細胞学・発生学・数理生物学などのモデル生物として活用され、新たな新規創薬資源としても注目されています。ゲノム編集による遺伝子改変株の作製も容易で、多彩な発現ベクターも完備されています。

リソースの系統

- 遺伝子変異系統や形質転換系統……………約 1,600 系統
- 世界各地から収集した野生株……………約 450 系統
- 遺伝子破壊ベクター、発現ベクターなど……………約 980 点など

リソースの特徴

世界で唯一ゲノム編集ベクターやゲノム編集株を保存・提供しています。細胞性粘菌リソースセンターは世界で 2 拠点しかなく、アジアで唯一の機関です。

代表機関での取り組み

筑波大学では、国際的な認知度と利便性の向上とユーザー数の増加を目指し、リソースの拡充とトレーニングコースの充実を図ります。

代表的な系統と研究例

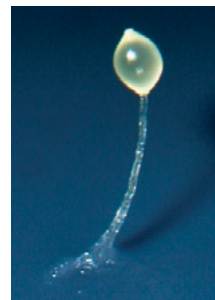
キイロタマホコリカビ (*Dictyostelium discoideum*)

AX2、KAX3、AX4 株

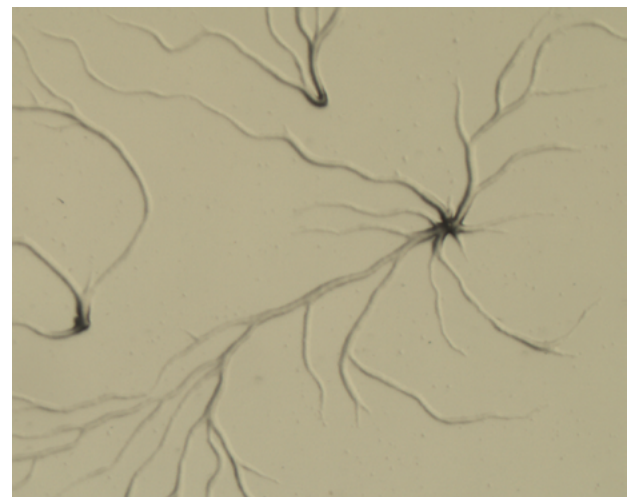
世界的な細胞性粘菌研究の標準種はキイロタマホコリカビ (*Dictyostelium discoideum*) であり、細胞性粘菌を用いたほとんどの実験はこの種を利用しています。標準株である AX2、KAX3、AX4 株は、全ゲノム解析が終了しているバクテリアを用いないで純粋培養できる株であり、ゲノムレベルでの遺伝子の機能解析の研究がなされています。

ゲノム編集ベクター (pTM ベクターシリーズ)

細胞性粘菌は半数体であるため、ゲノム改変による遺伝子機能の解析が容易です。また、遺伝子導入効率も高いことから、目的のゲノム編集株の作製も容易です。このベクターを利用して、様々な遺伝子の分子機能に関する研究が行われています。



細胞性粘菌 (*Dictyostelium discoideum*) 子実体 飢餓状態に置かれて 24 時間で子実体形成を完了する。



集合期の細胞性粘菌 (*Dictyostelium discoideum*) 飢餓状態に置かれて約 10 時間で細胞は集合体を形成する。

お問い合わせ

代表機関：筑波大学生命環境系

課題管理者：桑山 秀一

お問い合わせ先：kuwayama.hidekazu.fu@u.tsukuba.ac.jp



MICROBES

きのこ

概要

きのこは人工栽培による食品としての利用はもちろん、漢方薬を含む医薬としての利用、分解酵素活性を利用した汚染土壌の修復など、幅広い分野での活用が進められる生物群です。今後、食用新品種、医薬品、農薬などの開発素材として有望な生物資源であり、よく知られている「カビ」とは、異なった生理活性が期待できます。

リソースの系統

- 主に日本各地から収集された野生のきのこ（木材腐朽性、菌根性、食用きのこ、毒きのこを含む）の培養株
..... 586属1,768種8,579菌株
- 品質管理済みで分譲対象株
..... 384属900種2,125菌株（2024年3月現在）

菌株の詳細は、TUFC菌株カタログ (<https://fungusdb.muses.tottori-u.ac.jp/catalog/search>) にて公開中

など

リソースの特徴

木材腐朽性のハラタケ類、コウヤクタケ類、サルノコシカケ類、キクラゲ類のほか、分離・培養が困難な菌根性きのこ類の希少菌株を保有する世界最大級のきのこリソースです。

代表機関での取り組み

鳥取大学では、リソースの認知度とユーザーの利便性向上を目指し、広報活動と菌株データベースの改修に取り組んでいます。

代表的な系統と研究例

本リソースには、シイタケやマツタケのような食用きのこの野生株やリグニン・セルロース分解能から産業利用が期待される有用種、生態的重要種・希少種、そして分類学的に重要なタイプ株までを含み、基礎研究から応用研究に利用される多種多様なきのこコレクションであり、これらを利用した医療分野や農業分野での特許出願

や論文発表がされています。

木材腐朽菌のマツオウジ菌株 (TUFC 31432)

抽出物からは、美白成分としての活用が期待されるチロシナーゼ阻害物質が単離されました(特許第7054153号)。

シワタケ (TUFC 11737)

レタスなどの作物の根の生育を促進する植物成長調節剤として期待される物質(特許7053030号)が単離されています。

サルノコシカケ類のホウロクタケ (TUFC 31876)

ピロリ菌とカンピロバクター菌の生育阻害活性物質(特願2019-208982)が単離されています。



菌糸体の凍結乾燥サンプルの調製。



オオワライタケの人工栽培。

お問い合わせ

代表機関：鳥取大学農学部附属菌類きのこ遺伝資源研究センター

課題管理者：一柳 剛

お問い合わせ先：fmrc-collection@mail.muses.tottori-u.ac.jp



概要

酵母は、産業利用と生命科学の両面で多用される重要なモデル微生物で、高度な遺伝学・生化学・分子生物学的実験手法が適用でき、細胞周期やオートファジーなどの生命現象の分子基盤解明、薬剤作用標的の同定など、基礎から応用研究まで広く用いられています。また、充実したデータベースと多様なゲノムワイドリソースを有し、酵母を用いた研究はポストゲノム研究においても先導的役割を担っています。

リソースの系統

- 分裂酵母野生株、変異株など……………約18,000株
- 分裂酵母プラスミド・ゲノム・cDNA…約60,000クローン
- 出芽酵母野生株、変異株など……………約20,000株
- 出芽酵母プラスミド・ゲノム……………約7,000クローンなど

リソースの特徴

分裂酵母を分譲する機関としては、大規模なリソースを有する世界で唯一のリソース機関です。出芽酵母を分譲する機関としては、日本人研究者による独創性の高い材料を特徴とする世界でも指折りのリソース機関です。

代表機関での取り組み

大阪公立大学では、ユーザーの声をくみ上げ、ユーザーが必要とするリソースを収集、提供します。

代表的な系統と研究例

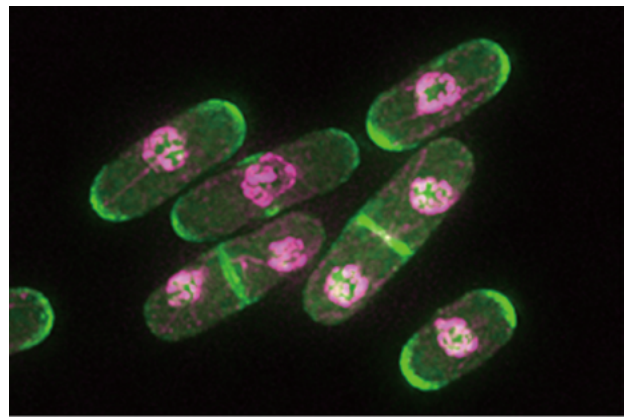
分裂酵母GFP融合菌株ライブラリー

分裂酵母の約1,000の遺伝子についてGFPの融合タンパク質として発現可能な菌株のセットです。研究対象のタンパク質の局在を見ることはその解析に極めて重要であり、本ライブラリーの需要も多くあります。

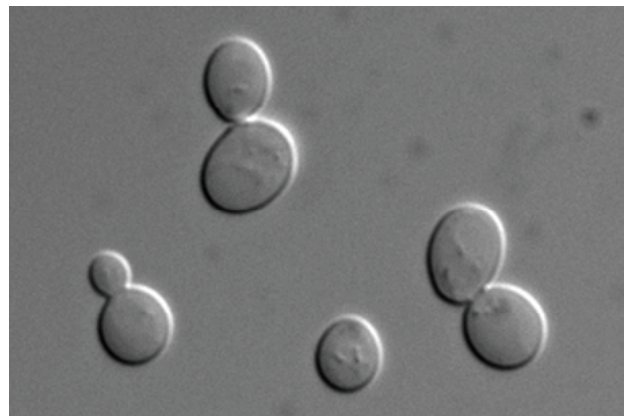
オーキシシン誘導デグロンシステム(約100リソース)

日本人研究者によって開発された、植物由来の分解標識

を用いて狙ったタンパク質を細胞内で必要な時のみ素早く分解除去することができるプロテインノックダウンシステムです。独自性が高く類似する利用価値の高いシステムが存在しないことから需要が非常に高く、生命に必須なノックアウトできない必須遺伝子の機能解析や創薬研究などで利用されています。



分裂酵母 *Schizosaccharomyces pombe* の蛍光顕微鏡画像（広島大学湯川格史先生提供）。



出芽酵母 *Saccharomyces cerevisiae* の微分干涉像。

お問い合わせ

代表機関：大阪公立大学大学院理学研究科酵母遺伝資源センター

課題管理者：中村 太郎

お問い合わせ先： contactus-yeast@shigen.info



MICROBES

一般微生物

概要

NBRP一般微生物では、細菌・アーキア・真菌（糸状菌と酵母）の多種多様な微生物株を整備しています。品質管理に留意して、信頼性の確保に努めつつ、論文発表に用いられた微生物株など質的に優れたリソースの整備を進め、微生物学のみならず、環境や健康に関連した幅広い分野の数多くの研究に利活用されています。

リソースの系統

- 細菌 約22,000株
- アーキア 約1,100株
- 真菌 約9,100株
- このうち基準株（含タイプ由来株） 約10,500株 など

リソースの特徴

微生物の種の標準で性状などが詳しく調べられた基準株の保有数で世界最高水準にあり、毎年続々と報告される新種微生物の寄託を海外からも多く受け入れています。

代表機関での取り組み

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では、信頼のおける品質に加え、ゲノム情報や関連付随情報の充実による付加価値の向上に取り組んでいます。

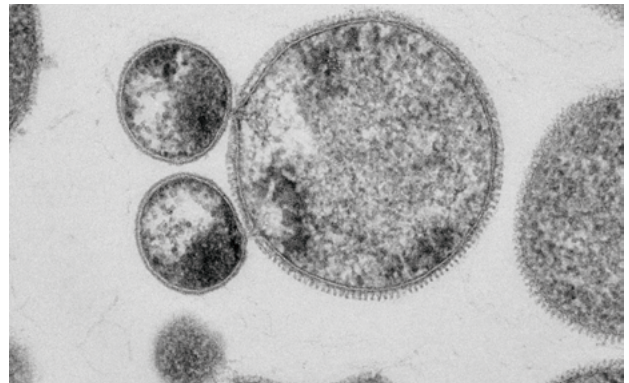
代表的な系統と研究例

アーキア・極限環境微生物株

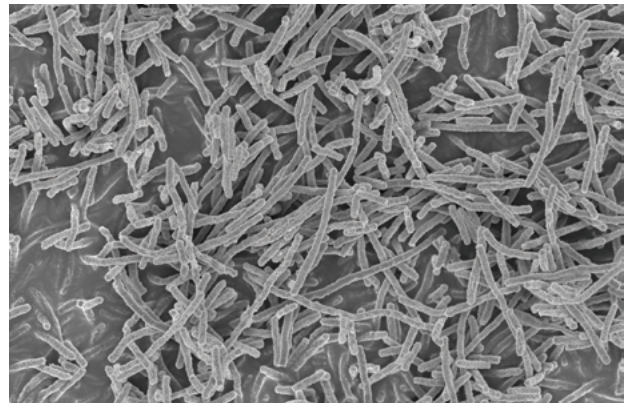
様々な地球環境に生息し、生命進化や特殊な代謝の研究、好熱酵素などの応用研究に数多く利用されているアーキア・極限環境微生物は、他機関では対応が困難な煩雑な培養条件を必要とする難培養微生物が多く、世界最高レベルの保有数となっています。

人・動物常在微生物株

人の健康に大きく影響する腸内や口腔内、皮膚の細菌、および、乳酸菌やビフィズス菌は、免疫機能の制御から疾病予防、肥満、美容にまで盛んに研究が行われています。嫌気性細菌が多く含まれ、他機関からは入手できないリソースも多く整備しており、数多くの研究成果に貢献しています。



宿主アーキア *Metallosphaera sedula* JCM 33617 株（中央、大きな細胞）の細胞表面に付着するナノアーキア *Nanobdella aerobiophila* JCM 33616（左、2つの小さな細胞）。



Legionella pneumophila subsp. *pneumophila* JCM 7571（人の肺からの分離株）。

お問い合わせ

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

お問い合わせ先：inquiry.jcm@riken.jp

動物

植物

微生物

細胞・遺伝子材料

情報

原核生物 (大腸菌・枯草菌)



概要

大腸菌と枯草菌は、グラム陰性バクテリアとグラム陽性バクテリアをそれぞれ代表するモデル生物として多くの研究に使われ、膨大な生物学的知識・手法の蓄積があります。これと共に作り出されたリソースは極めて重要であり、特に全遺伝子破壊株コレクションは実質的に国際標準のリソースとして基礎研究から医学、産業応用の分野で利用されています。

リソースの系統

- 栄養要求性変異株
- 全遺伝子変異株コレクション (大腸菌 KEIO コレクション、枯草菌 BKE コレクション)
- 広域遺伝子欠損変異株コレクション (KHK コレクション)
- 大腸菌遺伝子クローンコレクション (ASKA クローン)
- 遺伝子発現ベクタープラスミド (467 種類)

など

リソースの特徴

大腸菌 K12 株、枯草菌 168 株というどちらも実験標準株に由来するリソースを収集、保存、分譲しています。約 4,000 株から成る全遺伝子変異株コレクションの一括分譲を実施している唯一のリソースセンターです。

代表機関での取り組み

国立遺伝学研究所では、リソースの収集、保存、分譲を行い、さらに変異株の全ゲノムシーケンス解析に基づいた遺伝子型の特定を実施しています。

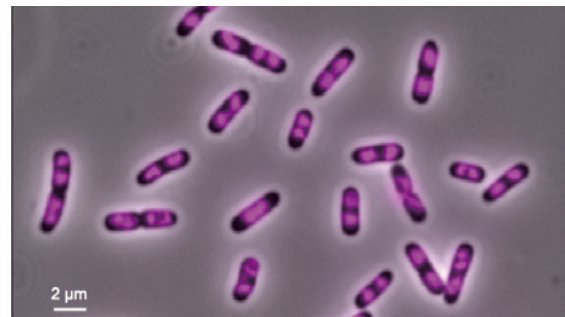
分担機関での取り組み

九州大学では、リソースのバックアップ機関として、緊急時のリソースの安全維持を支えています。

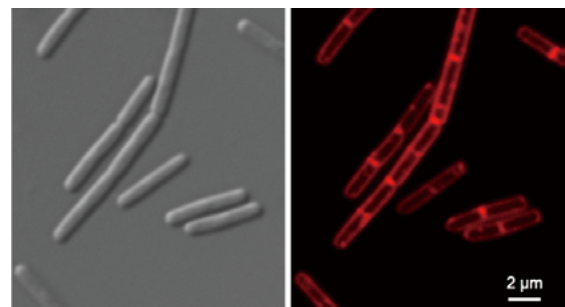
DNA クローニング手法の主流となっています。iVEC 株は、簡便かつ安価にシームレスクローニングを行うことができる大腸菌株であり、原核生物のみならずライフサイエンス分野へ幅広く貢献する系統です。

大腸菌 KEIO コレクション、枯草菌 BKE コレクション

大腸菌と枯草菌の一遺伝子破壊変異体のコレクションです。約 4,000 変異体の全株セットを一括分譲しており、網羅的スクリーニングを可能にしています。これらリソースは遺伝子機能の解析という目的のみならず、有用物質の収量を向上させるなどの産業応用を見据えた研究にも利用されています。



大腸菌 DAPI で染色した核様体 (マゼンタ) 蛍光像と位相差像の重ね合わせ。



枯草菌 左：微分干渉像、右：FM4-64 で染色した細胞壁の蛍光像。

代表的な系統と研究例

iVEC 株 (ME9806)

制限酵素によらないシームレスクローニングが近年の

お問い合わせ

代表機関：情報・システム研究機構国立遺伝学研究所
遺伝形質研究系微生物機能研究室

課題管理者：仁木 宏典

お問い合わせ先：genkaku@nig.ac.jp



概要

主要な病原真菌や病原放線菌の基準株や臨床株は、新規薬剤の評価だけでなく、薬剤耐性機序の解明、有用物質の探索まで幅広く活用されています。また、病原原虫は40種以上の培養株を保有し、新規薬剤の評価、寄生のメカニズムに関する研究、感染動物モデルの確立、臨床検査における陽性コントロールなどに活用されています。

リソースの系統

- 5年以内に臨床検体から分離された真菌、高度病原真菌その他主要な病原真菌……………約16,000株
- *Nocardia*を中心とする病原放線菌の基準株、臨床株……………約2,800株
- 主としてヒトに感染する原虫……………約380株
など

リソースの特徴

病原真菌・放線菌の臨床株は国際的なリソース機関の中でも質・量ともに随一であり、病原原虫も40種以上を有し、特にクルーズトリパノソーマは世界有数の株数を誇ります。

代表機関での取り組み

千葉大学は、医療機関と連携して臨床菌株を集め、薬剤耐性などの基本情報とともに提供します。

分担機関での取り組み

長崎大学では、遺伝子組換え原虫や抗原虫抗体を産生するハイブリドーマなど研究に有用なツールを充実させます。

代表的な系統と研究例

アゾール薬耐性 *Aspergillus fumigatus*、テルビナフィン耐性白癬菌

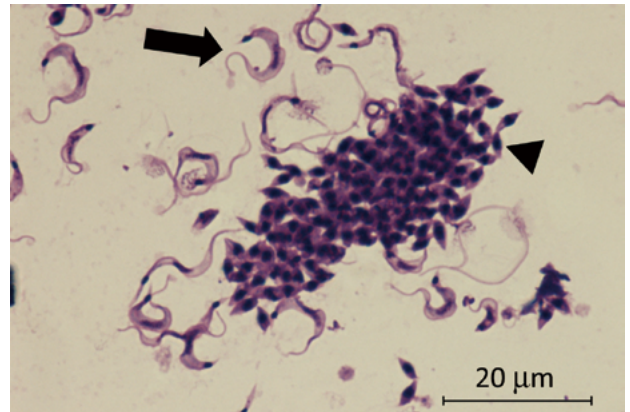
近年、医真菌分野では薬剤耐性菌の出現が大きな問題となっています。臨床分離の耐性株、感受性株の比較より、耐性に関わる遺伝子、耐性機構の解明などに活用されています。

クルーズトリパノソーマ *Trypanosoma cruzi* ルシフェラーゼ発現株 (Tc143 - Tc147)

本原虫はシャーガス病の病原体で宿主細胞内に寄生します。細胞内寄生時はその検出が困難ですが、本株を用いることで虫体探索を可能とします。由来の異なる5つの株より作出されたルシフェラーゼ発現株を提供できます。



Aspergillus fumigatus 代表的な真菌による感染症原因菌。



Trypanosoma cruzi シャーガス病の病原原虫。In vitro 培養後に固定し、ギムザ染色した錐鞭毛期(矢印)と無鞭毛期(矢頭)。

お問い合わせ

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

お問い合わせ先：bioresource@ml.chiba-u.jp,
protozoa@tm.nagasaki-u.ac.jp



概要

時に生命を脅かし、その後の人生のQOLの大きな低下を招くこともある感染症と人類の闘いに終わりはありません。しかしながら、病態の解明、治療薬・診断薬の開発、また、生物としての病原菌の研究を行う際に大学の研究者や企業が病原細菌を手に入れるのは容易ではありません。本リソースでは、多種多様な病原細菌を保全し、研究資源として提供しています。

リソースの系統

- 日和見感染を引き起こす病原細菌、バイオセーフティーレベル3 (BSL3) の病原細菌、感染症法に基づく2種、3種および4種病原体など、病原細菌の類縁とされる被病原細菌……………約6,700菌株 (分譲対象)
- 腸炎ビブリオ、コレラ菌、腸管出血性大腸菌など、人に腸管感染症を引き起こす病原細菌、約12,000菌株……………1,286菌株 (分譲対象) など

リソースの特徴

特定病原体から希少感染症の病原体までを含む約350属の菌群を網羅し、腸管感染症、呼吸器感染症、日和見病原体の在来野生株も多数保有する国内で唯一のリソースです。

代表機関での取り組み

岐阜大学では、認知度とユーザーの利便性の向上を目指し、ホームページの一新、カタログデータベースの改修に取り組んでいます。

分担機関での取り組み

大阪大学では、保有菌株のゲノム情報取得に取り組んでいます。

代表的な系統と研究例

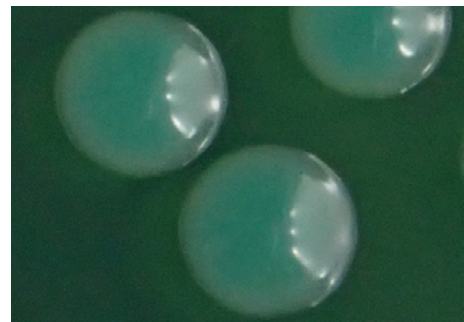
ヒト腸管病原細菌

特に日本における集団食中毒事例から分離された腸炎ビ

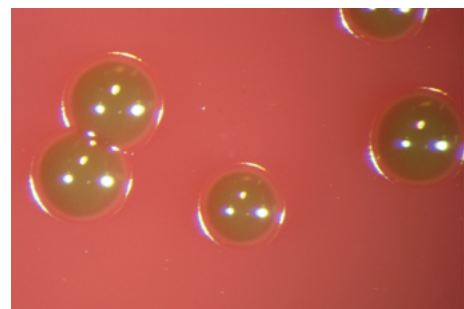
ブリオや腸管出血性大腸菌が、病原性発現機構の研究や、病原体検出のための遺伝子マーカーや抗原解析の目的で頻繁に分譲依頼があり利用されています。また、その研究成果としてハイインパクトな論文が発表されています。

レジオネラ、抗酸菌などの呼吸器病原体、腸管感染症病原体

診断手法の研究、診断薬・同定キットの開発時に手法の性能試験、検証のためにターゲットとなる菌種と鑑別対象となる菌種およびその類縁菌種が利用されています。特に多数の病原体が関与し、迅速な診断が求められる感染症では、手法の性能を確定する上で必須です。



Vibrio parahaemolyticus (腸炎ビブリオ) 魚介類の摂食を介した食中毒を引き起こす。



Porphyromonas gingivalis 歯周病原因菌の1つ。様々な慢性疾患との関連も示唆されている。

お問い合わせ

代表機関：東海国立大学機構岐阜大学高等研究院微生物遺伝資源保存センター

課題管理者：田中 香お里

お問い合わせ先：g_cmr@t.gifu-u.ac.jp

ヒト病原ウイルス



概要

ヒトに病原性をもつウイルスは数百種とされています。21世紀に入ってからも新興感染症の病原体として新たなウイルスが次々に同定されています。同種のウイルスでも、感染する動物種・臓器・組織・細胞に関する特異性や病原性、抗原性など性状の異なる株が多数存在しており、多種多様なウイルス株がウイルス感染症の克服のための研究に用いられています。

リソースの系統

- ウイルス種……………31種
- ウイルス株(変異株を含む)……………1,642株
- cDNAクローン……………27種
など

リソースの特徴

私たちのセンターでは、世界でも有数のインフルエンザウイルス、単純ヘルペスウイルスのリソース(変異株を含むウイルス株)を保有しています。わが国で唯一、系統的にウイルスリソースを整備しています。

代表機関での取り組み

長崎大学では、ウイルスリソースとデータベースの更なる充実と提供数増加のための周知・広報活動の積極的な展開を図ります。

分担機関での取り組み

分担機関である北海道大学、東京大学、大阪大学、理化学研究所ではリソースの充実と提供数増を目指します。

代表的な系統と研究例

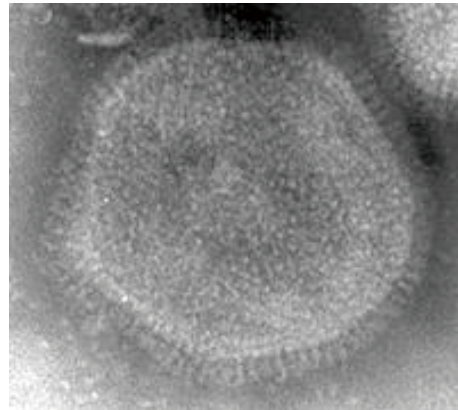
新型コロナウイルス(SARS-CoV-2)株

現在も世界的な流行(パンデミック)を起こしているウイルスであり、臨床検体から独自に分離したウイルス株を保有しています。また、それらの多くは全ゲノム配列も決定しています。疫学解析、増殖機構解析、病原性解

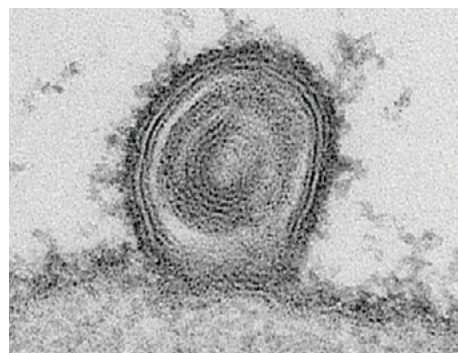
析、診断法の開発など様々な研究が行われています。

A型インフルエンザウイルス株

毎年、世界各地で季節性の流行を起こすウイルスであり、様々な動物を宿主とする最も有名な人獣共通感染症の病原体です。十から数十年おきに新型ウイルスが出現し世界的な流行を起こします。疫学解析、宿主特異性解析、増殖機構解析、病原性解析、免疫学的解析、診断法の開発など様々な研究が行われています。



A型インフルエンザウイルスの電子顕微鏡写真
ウイルス粒子表面にはHAとNAという2種類の糖タンパク質が存在する。



単純ヘルペスウイルス電子顕微鏡写真
感染細胞から子孫ウイルスが出芽する様子。

お問い合わせ

代表機関：長崎大学高度感染症研究センター

課題管理者：安田 二郎

お問い合わせ先：virus-r@tm.nagasaki-u.ac.jp



概要

研究用ヒト臍帯血バイオリソース事業は、「生命科学・医学研究の発展」を目指した研究のため、品質の確保された研究用ヒト臍帯血試料を研究者に提供することを目的としています。本臍帯血は、最も未分化な造血幹細胞を豊富に含み、再生医療・創薬研究・免疫学研究・感染症研究・遺伝学研究・iPS細胞樹立など幅広く医学研究や生物学研究に利用されています。

リソースの系統

- 有核細胞 (HCB) ……有核細胞 3×10^8 個以上/バッグ
- 単核細胞 (CBF) …… <小容量> 1×10^7 個以上/チューブ×4本セット
- 単核細胞 (CBF) …… <大容量> 1×10^8 個以上/バッグ
- CD34 陽性細胞 (CD34) …… 1×10^5 個以上/チューブなど

リソースの特徴

研究用のヒト臍帯血からは、生きた細胞のみならず、そこからDNA、RNA、蛋白質、miRNA、エクソソームやミトコンドリアも抽出可能です。ヒト臍帯血には、胎児由来の最も若いヒト体性幹細胞も含まれます。

代表機関での取り組み

東京大学医科学研究所附属病院では、産婦人科から入手した臍帯血を調製・凍結した後、理化学研究所バイオリソース研究センターへ送付しています。

分担機関での取り組み

理化学研究所バイオリソース研究センターは、凍結臍帯血細胞試料を管理し、希望する研究者に提供しています。

代表的な系統と研究例

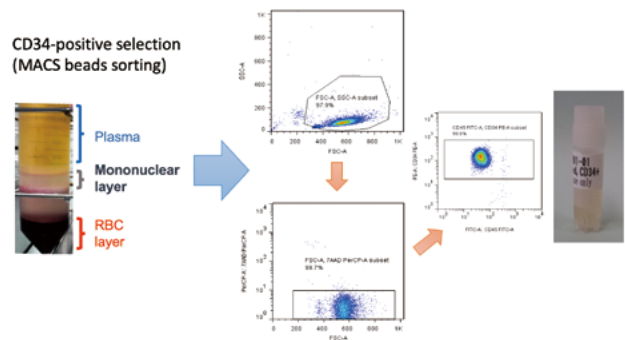
CD34 陽性細胞 (CD34)

CD34 試料は、新鮮臍帯血から単核球を分離後に磁気

ビーズ (MACS) 法で純化した細胞で、純度は90%以上を規格としています。本細胞は、造血幹細胞移植・血液分化の研究・再生医療研究・iPS細胞のソースとしての利用が多く、CRISPR-Cas9を用いた遺伝子導入も可能です。また免疫不全マウスにCD34を移植し、ヒト化マウスの造血系・免疫系モデルを構築し、ウイルス感染における病態解析、白血病や腫瘍に対する治療法の開発などにも利用されています。

単核細胞 (CBF)

単核細胞は、研究者が最も実験に利用しやすい細胞の一つです。T/B細胞、マクロファージ、NK細胞、Tregや肥満細胞、樹状細胞などの免疫細胞そのもの研究のみならず、種々の条件におけるRNAなどの核酸、ミトコンドリアやエクソソームの抽出、ゲノムやプロテオミクスを用いた研究も可能です。



ヒト臍帯血 CD34 陽性細胞 (CD34)
CD34 細胞は、新鮮臍帯血をフィコール処理して単核球を濃縮し、抗CD34抗体磁気ビーズ法によって分離した細胞です。

お問い合わせ

代表機関：東京大学医科学研究所附属病院セルプロセッシング・輸血部細胞リソースセンター

課題管理者：長村 登紀子

お問い合わせ先：cellqa.brc@riken.jp

CELLS
DNA MATERIALS

ヒト・動物細胞

概要

培養細胞、特に不死化細胞は増幅して使用する事が可能であり、多くの研究者が共有して研究に使用できます。また、培養細胞は凍結保存が可能であり、必要に応じて使用することが可能です。基礎生物学研究にも医学研究にも幅広く利用されています。細胞を蛋白質の生産工場として利用することもありますし、細胞を人間に移植する再生医療の研究も盛んになっています。

リソースの系統

- ヒト細胞株 (がん細胞株など) ……約4,600株
- 動物細胞株 (マウス、ラットなど) ……約3,800株
- ヒト・動物ES細胞株 ……約4,200株
- ヒト・動物iPS細胞株 ……約1,500株
- ヒト疾患特異的iPS細胞株 ……約4,200株
など

リソースの特徴

iPS細胞作製技術は日本で開発された技術であり、iPS細胞活用研究は国家プロジェクトとして推進され、ヒト疾患特異的iPS細胞株バンクは世界最大級になっています。

代表機関での取り組み

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では、様々な患者さんから血液細胞を収集して提供する「患者血液細胞バンク」を開始します。

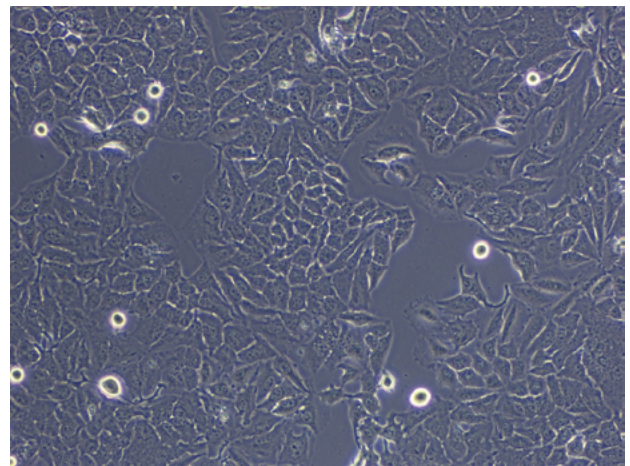
代表的な系統と研究例

疾患特異的iPS細胞

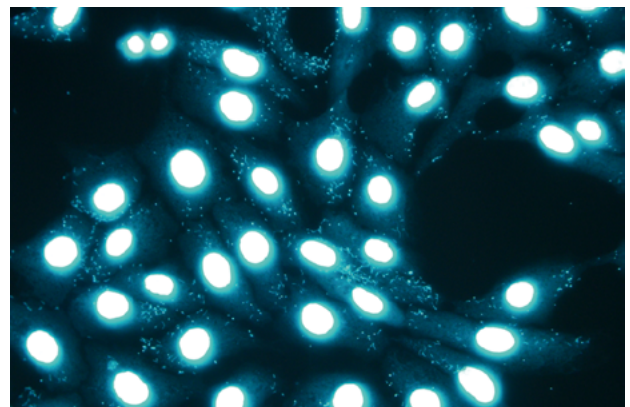
例えば、脳の変性疾患において脳細胞を取り出して研究に使用することは不可能です。この場合、患者さんから血液を採取し、血液細胞からiPS細胞を作製し、そのiPS細胞から脳細胞を分化誘導することで、疾患モデル細胞を取得することができるようになりました。疾患の原因究明や発症機構の解明、創薬研究分野にイノベーションをもたらしています。

ヒトがん細胞株

1952年に樹立された子宮頸がん細胞株HeLaは今でも多くの研究に利用されています。その後樹立された様々ながん細胞株も、きわめて基本的な研究材料として、がん研究分野のみでなく、様々な基礎研究・医学研究そして応用研究に汎用されています。



HeLa細胞 1952年に発表の世界初のヒトがん細胞株(子宮頸がん)。70年を経た現在でも多数の研究に汎用されている。



マイコプラズマ検査 DNA染色で、DNAの存在する核のみでなく細胞質も点状に発光しており、マイコプラズマ感染を意味する。

お問い合わせ

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 和昭

お問い合わせ先：cellbank.brc@riken.jp



概要

プラスミドベクター、発現ベクター、レポーターベクター、網羅的cDNA並びにゲノムDNAのクローンセットなどの遺伝子材料は、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本的な研究から、診断・治療法の開発や創薬、物質生産などの応用研究まで、幅広い分野で必要とされています。

リソースの系統

- イメージングやゲノム編集などのリサーチツール
.....約3,400種
- ヒトcDNA & ゲノムDNAクローン 約60万種
- マウスcDNA & ゲノムDNAクローン 約35万種
- 動物由来cDNA & ゲノムDNAクローン 約103万種
- 理研BRCの微生物及びマウス系統由来のゲノムDNA
など

リソースの特徴

研究者が開発した遺伝子材料を積極的に収集・保存・提供するアジアで唯一の機関です。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も取り扱っています。

代表機関での取り組み

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では、研究手法の変化に対応し、新しいリソースを迅速に収集・提供する体制の構築に取り組んでいます。

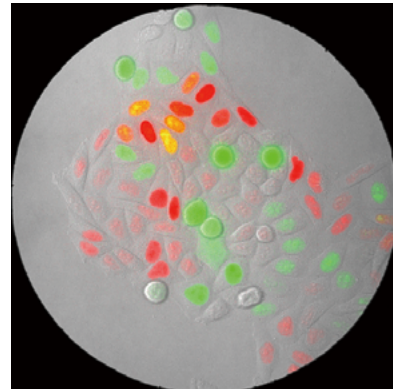
代表的な系統と研究例

イメージングリソース (蛍光・発光)

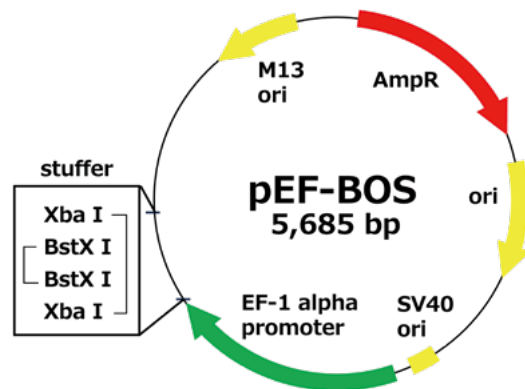
様々な生物由来の蛍光タンパク質や発光酵素およびそれらを元に開発された高輝度や多色の改変型のイメージングリソースを収集しています。細胞周期やオルガネラの挙動などの生命現象を生きのまま映像として可視化でき、外界からの刺激への応答などの研究に役立ちます。

組換えレンチウイルスベクター作製用プラスミド

故三好浩之博士が開発したプラスミド並びにそれらを改変したプラスミドを多数収集しています。これらのプラスミドを用いると、培養細胞や動物個体に効率よく遺伝子を導入することができるため、本プラスミドは、癌や動物の発生の研究に使われています。提供したプラスミドを用い、420報を超える論文が発表されています。



Fucciを導入した細胞 Fucciは、生きのままの細胞で使用でき、細胞周期のG1期を赤色、G1/S移行期を黄色、S/G2/M期を緑色で観察できます。(画像提供: 理研 CBS 沢野朝子先生)



pEF-BOSの概略 提供可能なプラスミドベクターの一つ、pEF-BOSは哺乳動物細胞の種類によらず強発現可能な遺伝子発現ベクターです。

お問い合わせ

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: 三輪 佳宏

お問い合わせ先: dnabank.brc@riken.jp



INFORMATION

情報センター

概要

リソースを利用するには、まず、どこにどのようなリソースがあるのか知る必要があります。NBRP情報センターでは、NBRPリソースに関する情報をインターネットを通じ全世界の利用者に提供しています。リソースの検索サイトや注文システムの開発の他、ゲノム情報や文献データベースの整備にも取り組み、NBRPリソースの総合データベースを目指しています。

提供している情報

- リソースのデータベース・ウェブサイト ……25生物種
- ゲノム情報を公開している生物 ……約10種
- 総合検索サービス ……約650万件
- 成果論文データベース (RRC) ……約5万件
など

特徴的な活動

リソース機関と協力し、オープンデータ、オープンアクセスを基本に、どなたでも簡単に情報にアクセスし、必要なリソースが入手できるよう工夫しています。

代表機関での取り組み

国立遺伝学研究所では、生物種の区別なく情報が利用できるように、データベースのRDF化による情報の標準化に取り組んでいます。

代表的なデータベースや活動

成果論文データベース RRC (Research Resource Circulation)

リソースが利用されて発表された論文、並びに特許のデータベースで、2007年に開発を開始、NBRP第4期までに論文約48,000件、特許約1,300件が収録されています。利用者からの登録を受け付けていますので、リソースを利用して成果を発表された際には、ぜひ論文のご登録をお願いいたします。

ゲノム情報の公開

リソースセンターと連携しゲノムブラウザの公開や配列検索サービスの提供を行っています。NBRPゲノム情報等整備プログラムの成果を中心に、メダカ、ツメガエル、マウス、ウズラ、イネ、コムギ、オオムギ、アサガオ、ミヤコグサ、大腸菌などを公開しています。今後さらに多くのリソースでゲノムの解読が予定されています。



成果論文データベース (RRC) リソースが利用された論文を集めたデータベース。NBRPリソースが世界中で様々な研究に役立っていることが分かる。



情報センターサーバシステム 約650万のリソース情報を提供、月平均10万利用者、100万以上のアクセスがある [NBRP第4期(2017年-2021年)の集計値]。

お問い合わせ

代表機関: 情報・システム研究機構国立遺伝学研究所
情報研究系システム情報研究室

課題管理者: 川本 祥子

お問い合わせ先: <https://forms.gle/RrkuPn9xd91ynCzo8>

INFORMATION

大型類人猿情報ネットワーク (GAIN)



概要

日本国内で飼育される類人猿（チンパンジー、ボノボ、ゴリラ、オランウータン、テナガザル類）の全個体を対象にしたデータベースを構築・運営しています。ヒトに最も近縁な類人猿は学術的に貴重であると同時に、全種が絶滅危惧種であり、さまざまな配慮が必要です。経歴・家系・ゲノムなどの情報とともに非侵襲的試料（死体由来など）の利用可能情報を収集・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っています。

- 全国の動物園などで飼育される類人猿の個体情報調査
- 全個体情報リアルタイムデータベースの管理・公開
- 登録研究者への非侵襲的試料の利用可能情報の提供
- 試料の収集・配布時の各種手続きのサポート

など



お問い合わせ

分担機関：京都大学野生動物研究センター

課題管理者：平田 聡

お問い合わせ先：gain-core@wrc.kyoto-u.ac.jp

ウェブサイト：<https://gbif.jp/>

INFORMATION

日本生物多様性情報イニシアチブ (JBIF)



概要

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。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。日本生物多様性情報イニシアチブ（旧GBIF日本ノード）は、世界と生物多様性情報を共有し、誰でも自由に閲覧し利用できるよう、日本国内の生物多様性情報を集約し国内外に発信する活動を行っています。

- JBIF・GBIFサイトなどを通じた標本・観察情報の公開
- 生物多様性情報の利活用促進のための情報発信・普及
- 自然史系博物館や生態系観測ネットワークなどとの連携
- 種名情報の整備・発信やDNAバーコーディングの普及

など



お問い合わせ

分担機関：国立科学博物館

課題管理者：神保 宇嗣

お問い合わせ先：<https://gbif.jp/contact/>



INFORMATION

ABS 対応

概要

海外の研究試料を入手・利用する際には、関連する各国の国内法令などを遵守することが必要です。生物多様性条約に基づき、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 年に発効しました。

我々はこれらの遺伝資源を取り巻く国際状況に対応するため、以下の活動を行っています。

- ABS相談窓口などにおける相談への助言および支援
- ABSに関する情報や事例の公開、教材や啓発資料の作成および提供
- ABSおよび関連制度に関する講習会の開催
- 生物多様性条約関連の国際会議などへの参加

など



お問い合わせ

代表機関：情報・システム研究機構国立遺伝学研究所
ABS支援室

課題管理者：鈴木 睦昭

お問い合わせ先：abs@nig.ac.jp

ウェブサイト：<https://nbrp.jp/>



INFORMATION

広報

概要

NBRPのリソース拠点とユーザーとなるライフサイエンスの研究者、学生などの若年層をはじめとする一般社会とを結ぶ窓口としての役割を担っています。そのため、NBRPの活動を広く一般に周知・普及するためのアウトリーチ的な広報活動とNBRPで収集・保存・提供しているバイオリソースについて、ライフサイエンスの研究者の利活用を促すための広報活動を行なっています。

- 学会展示会への出展
- NBRPホームページの運営
- NBRPポスター/パンフレットの制作
- シンポジウムなどのイベント企画や運営

など



お問い合わせ

代表機関：情報・システム研究機構国立遺伝学研究所
NBRP 広報室

課題管理者：高祖 歩美

お問い合わせ先：<https://forms.gle/RrkuPn9xd91ynCzo8>

動物実験の外部検証促進のための 人材育成等



概要

文部科学省などが定める「動物実験等の実施に関する基本指針」では、研究機関に対して動物実験の外部検証を通して社会的透明性を確保する事を求めています。そのため動物実験外部検証制度の強化と普及を目的とした「動物実験の外部検証促進のための人材育成等」の事業を実施し、検証制度の大幅補強と外部検証実施率の向上に努めるとともに、教育教材の開発を行っています。

外部検証に関する実績

- 外部検証員育成数：22名(2015年) ⇒ 101名(2020年)
- 外部検証実施総数：111機関(2015年) ⇒ 237機関(2020年、文部科学省管轄外14機関を含む)
- 外部検証随行者数：延べ108名

特徴的な活動

2020年度までに動物実験を実施する延べ704機関(1,286名)に外部検証説明会を開催し、141機関の個別相談にも応じるなど受検機関の支援も行なっています。

代表機関での取り組み

日本実験動物学会では、質的に補償された専門人材の持続的育成と、動物実験実施機関を支援する教育教材の充実に努めます。

日本語、英語、中国語の言語で無償配布するなど、機関内の動物委員会活動や教育訓練活動の支援も行なっています。



個別相談の様子。



英語版の教育動画の冒頭。

活動の詳細

外部検証専門員の育成には実践に即した現場対応型の育成プログラムを準備しています。動物実験実施と実験動物管理に精通する専門員候補者には、本プログラムの教育教材による教育講習と複数のシミュレーション教材を用いた書面模擬調査と訪問模擬調査をそれぞれ2度実施し、作成した報告書を評価し、一定成績を収めた者のみ仮資格が付与されます。その後、外部検証の現場随行経験を積んだ者が検証専門員に正式認定されます。また外部受検機関に対しては検証実施のための上記支援に加えて、教育動画「動物実験は機関管理されています」を

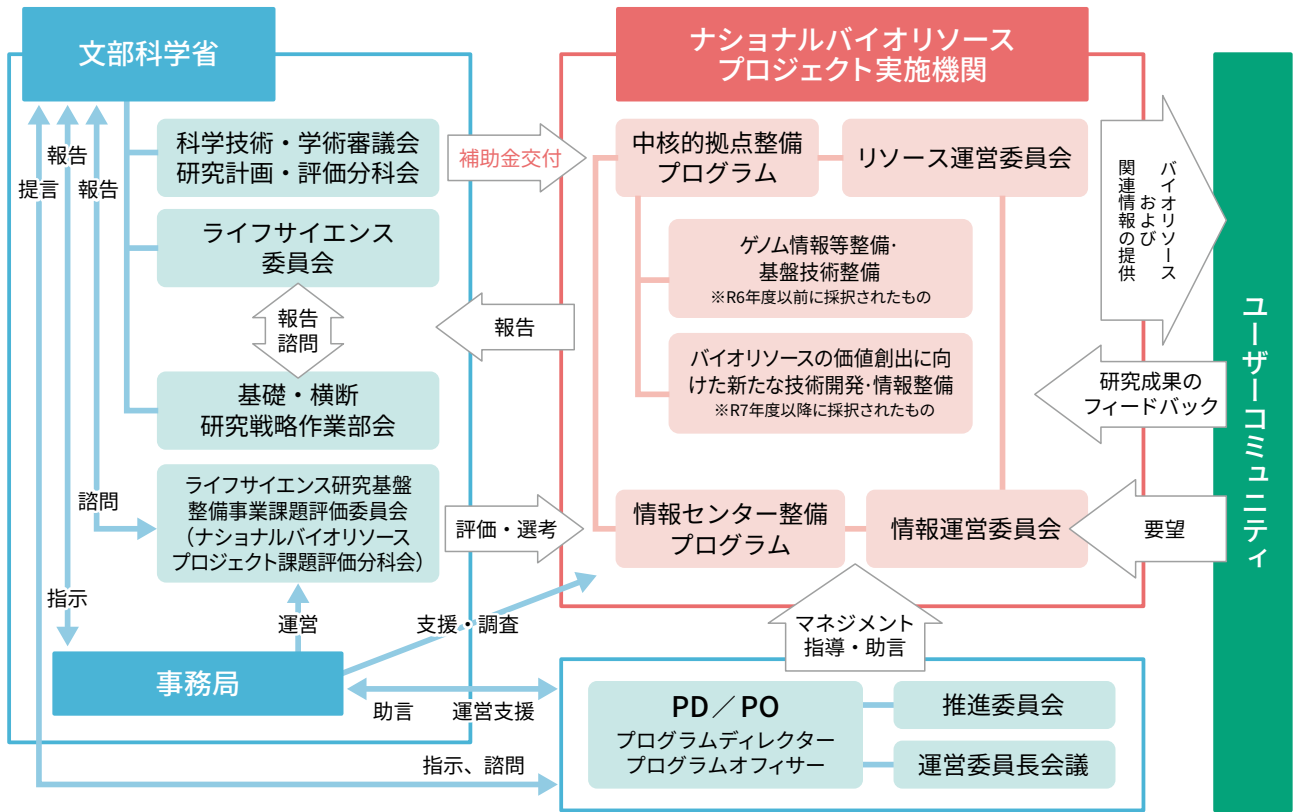
お問い合わせ

代表機関：日本実験動物学会

課題管理者：越本 知大

お問い合わせ先：jinzaiikusei@jalas.jp

NBRP 推進体制



NBRP プログラムディレクター (PD)

事業の運営や各プログラムの連携協力・推進等の調整を行います。

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 国立遺伝学研究所 特命教授

NBRP プログラムオフィサー (PO)

PDを補佐して個々の課題の運営推進を行います。

氏名	所属
小幡 裕一	理化学研究所 名誉研究員
田畑 哲之	かずさ DNA 研究所 理事長
林 哲也	九州大学 名誉教授

NBRP 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（機構・大学名）	実施機関（センター・施設・学部名等）
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
加齢マウス	○	若菜 茂晴	神戸医療産業都市推進機構	先端医療研究センター動物実験飼育施設
ラット	○ B	吉見 一人 真下 知士 吉木 淳	京都大学 東京大学 理化学研究所	大学院医学研究科附属動物実験施設 医科学研究所実験動物研究施設 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 磯田 昌岐	京都大学 自然科学研究機構	ヒト行動進化研究所 生理学研究所
ニワトリ・ウズラ	○	西島 謙一 堀内 浩幸	東海国立大学機構名古屋大学 広島大学	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 大学院統合生命科学研究科
ツメガエル・イモリ	○	荻野 肇 加藤 尚志 越智 陽城	広島大学 早稲田大学 神戸大学	両生類研究センター 教育・総合科学学術院 大学院理学研究科
ゼブラフィッシュ	○	岡本 仁 浅川 和秀 東島 真一	理化学研究所 情報・システム研究機構 自然科学研究機構	脳神経科学研究センター 国立遺伝学研究所遺伝形質研究系 基礎生物学研究所
メダカ	○ B	東島 真一 松田 勝 工樂 樹洋 竹花 佑介 橋口 正嗣	自然科学研究機構 宇都宮大学 情報・システム研究機構 長浜バイオ大学 宮崎大学	基礎生物学研究所 バイオサイエンス教育研究センター 国立遺伝学研究所ゲノム・進化研究系 バイオサイエンス学部 地域資源創成学部
カタユウレイボヤ	○	笹倉 靖徳 佐藤 ゆたか 三浦 徹	筑波大学 京都大学 東京大学	下田臨海実験センター 大学院理学研究科 大学院理学系研究科附属臨海実験所
ショウジョウバエ	○	齋藤 都暁 杉江 淳 栗崎 健	情報・システム研究機構 京都工芸繊維大学 杏林大学	国立遺伝学研究所遺伝メカニズム研究系 応用生物学系 医学部
カイコ	○	藤井 告 塩見 邦博	九州大学 信州大学	大学院農学研究院附属遺伝子資源開発研究センター 繊維学部
線虫	○	吉名 佐和子	東京女子医科大学	医学部
シロイヌナズナ	○	川勝 泰二	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
イネ	○	佐藤 豊 久保 貴彦	情報・システム研究機構 九州大学	国立遺伝学研究所ゲノム・進化研究系 大学院農学研究院
コムギ	○	吉田 健太郎	京都大学	大学院農学研究科
オオムギ	○	久野 裕	岡山大学	資源植物科学研究所
ミヤコグサ・ダイズ	○	橋口 正嗣 佐藤 修正	宮崎大学 東北大学	地域資源創成学部 大学院生命科学研究科
トマト	○	江面 浩	筑波大学	生命環境系
広義キク属	○	草場 信 中野 道治	広島大学 高知大学	大学院統合生命科学研究科附属植物遺伝子保管実験施設 教育研究部自然科学系農学部
アサガオ	○	仁田坂 英二 星野 敦	九州大学 自然科学研究機構	大学院理学研究院 基礎生物学研究所

バイオリソース名	*	課題管理者	実施機関（機構・大学名）	実施機関（センター・施設・学部名等）
藻類	○	田辺 雄彦	国立環境研究所	生物多様性領域
		上井 進也	神戸大学	内海域環境教育研究センター
	B	小亀 一弘	北海道大学	大学院理学研究院
ゾウリムシ	○	度会 雅久	山口大学	共同獣医学部
細胞性粘菌	○	桑山 秀一	筑波大学	生命環境系
きのこ	○	一柳 剛	鳥取大学	農学部附属菌類きのこ遺伝資源研究センター
酵母	○	中村 太郎	大阪公立大学	大学院理学研究科
		杉山 峰崇	広島工業大学	環境学部
	B	北村 憲司	広島大学	コアファシリティマネジメントセンター
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
原核生物（大腸菌・枯草菌）	○	仁木 宏典	情報・システム研究機構	国立遺伝学研究所遺伝形質研究系
	B	片山 勉	九州大学	大学院薬学研究院
病原真核微生物	○	矢口 貴志	千葉大学	真菌医学研究センター
		金子 聡	長崎大学	熱帯医学研究所
病原細菌	○	田中 香お里	東海国立大学機構岐阜大学	高等研究院微生物遺伝資源保存センター
		飯田 哲也	大阪大学	微生物病研究所
	B	富田 治芳	群馬大学	大学院医学系研究科
ヒト病原ウイルス	○	安田 二郎	長崎大学	高度感染症研究センター／熱帯医学研究所
		松野 啓太	北海道大学	人獣共通感染症国際共同研究所
		川口 寧	東京大学	医科学研究所
		小林 剛	大阪大学	微生物病研究所
		三輪 佳宏	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
研究用ヒト臍帯血細胞	○	長村 登紀子	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
		中村 和昭	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
ヒト・動物細胞	○	中村 和昭	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
遺伝子材料	○	三輪 佳宏	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

* ○：代表機関、無印：分担機関、B：バックアップ機関（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を示します）。

情報センター整備プログラム

課題名	**	課題名（細目）	課題管理者	実施機関（機構・大学名）	実施機関（センター・施設・学部名等）
情報	○	情報センター	川本 祥子	情報・システム研究機構	国立遺伝学研究所情報研究系
		GAIN	平田 聡	京都大学	野生動物研究センター
		JBIF	神保 宇嗣	国立科学博物館	標本資料センター
			今藤 夏子	国立環境研究所	生物多様性領域
		ABS 対応	鈴木 睦昭	情報・システム研究機構	国立遺伝学研究所 ABS 支援室
			江口 克之	東京都立大学	大学院理学研究科
石川 綾子	東海国立大学機構		学術研究・産学官連携推進本部 学術連携リスクマネジメント統括室		
	狩野 幹人	三重大学	研究・社会連携統括本部		
	玉置 雅紀	国立環境研究所	生物多様性領域		
広報		高祖 歩美	情報・システム研究機構	国立遺伝学研究所 NBRP 広報室	
外部検証促進のための人材育成等	○		越本 知大	日本実験動物学会	

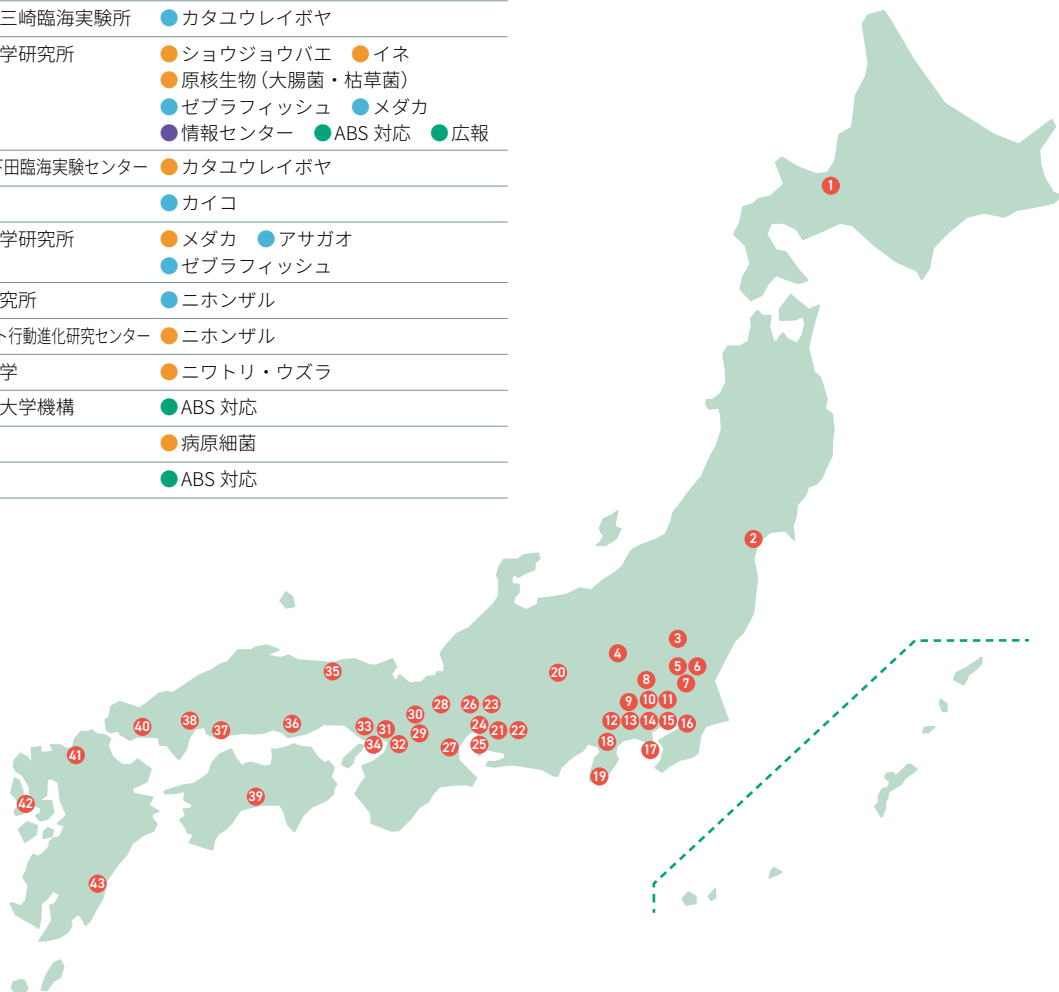
** ○：代表機関、無印：分担機関、分担課題

NBRP 参画機関の全国分布図 (第5期 NBRP)

中核的拠点整備プログラム：●代表機関 ●分担機関
 情報センター整備プログラム：●代表機関 ●分担機関 / 分担課題

1 北海道大学	●藻類 ●ヒト病原ウイルス
2 東北大学	●ミヤコグサ・ダイズ
3 宇都宮大学	●メダカ
4 群馬大学	●病原細菌
5 筑波大学	●トマト ●細胞性粘菌
6 国立環境研究所	●藻類 ●ABS 対応 ●JBIF
7 理化学研究所 BRC	●実験動物マウス ●シロイヌナズナ / 植物培養細胞・遺伝子 ●一般微生物 ●ヒト・動物細胞 ●遺伝子材料 ●ラット ●ヒト病原ウイルス ●研究用ヒト臍帯血細胞
8 理化学研究所 CBS	●ゼブラフィッシュ
9 東京都立大学	●ABS 対応
10 東京大学	●研究用ヒト臍帯血細胞 ●ラット ●ヒト病原ウイルス
11 早稲田大学	●ツメガエル・イモリ
12 杏林大学	●ショウジョウバエ
13 東京女子医科大学	●線虫
14 日本実験動物学会	●外部検証促進のための人材育成等
15 国立科学博物館	●JBIF
16 千葉大学	●病原真核微生物
17 東京大学三崎臨海実験所	●カタユウレイボヤ
18 国立遺伝学研究所	●ショウジョウバエ ●イネ ●原核生物 (大腸菌・枯草菌) ●ゼブラフィッシュ ●メダカ ●情報センター ●ABS 対応 ●広報
19 筑波大学下田臨海実験センター	●カタユウレイボヤ
20 信州大学	●カイコ
21 基礎生物学研究所	●メダカ ●アサガオ ●ゼブラフィッシュ
22 生理学研究所	●ニホンザル
23 京都大学ヒト行動進化研究センター	●ニホンザル
24 名古屋大学	●ニワトリ・ウズラ
25 東海国立大学機構	●ABS 対応
26 岐阜大学	●病原細菌
27 三重大学	●ABS 対応

28 長浜バイオ大学	●メダカ
29 京都大学	●ラット ●コムギ ●カタユウレイボヤ ●GAIN
30 京都工芸繊維大学	●ショウジョウバエ
31 大阪公立大学	●酵母
32 大阪大学	●病原細菌 ●ヒト病原ウイルス
33 神戸大学	●ツメガエル・イモリ ●藻類
34 神戸医療産業都市推進機構	●加齢マウス
35 鳥取大学	●きのこ
36 岡山大学	●オオムギ
37 広島大学	●ツメガエル・イモリ ●広義キク属 ●ニワトリ・ウズラ ●酵母
38 広島工業大学	●酵母
39 高知大学	●広義キク属
40 山口大学	●ゾウリムシ
41 九州大学	●カイコ ●アサガオ ●イネ ●原核生物 (大腸菌・枯草菌)
42 長崎大学	●ヒト病原ウイルス ●病原真核微生物
43 宮崎大学	●ミヤコグサ・ダイズ ●メダカ



連絡先／本事業の制度に関すること

文部科学省
研究振興局 ライフサイエンス課

〒100-8959 東京都千代田区霞ヶ関 3-2-2
Tel : 03-5253-4111 (代表)

連絡先／本事業の運営に関すること

国立遺伝学研究所
LSI事務局

〒411-8540 静岡県三島市谷田 1111
Tel : 055-981-6809
E-mail : lsi-office@nig.ac.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 : <https://nbrp.jp/>