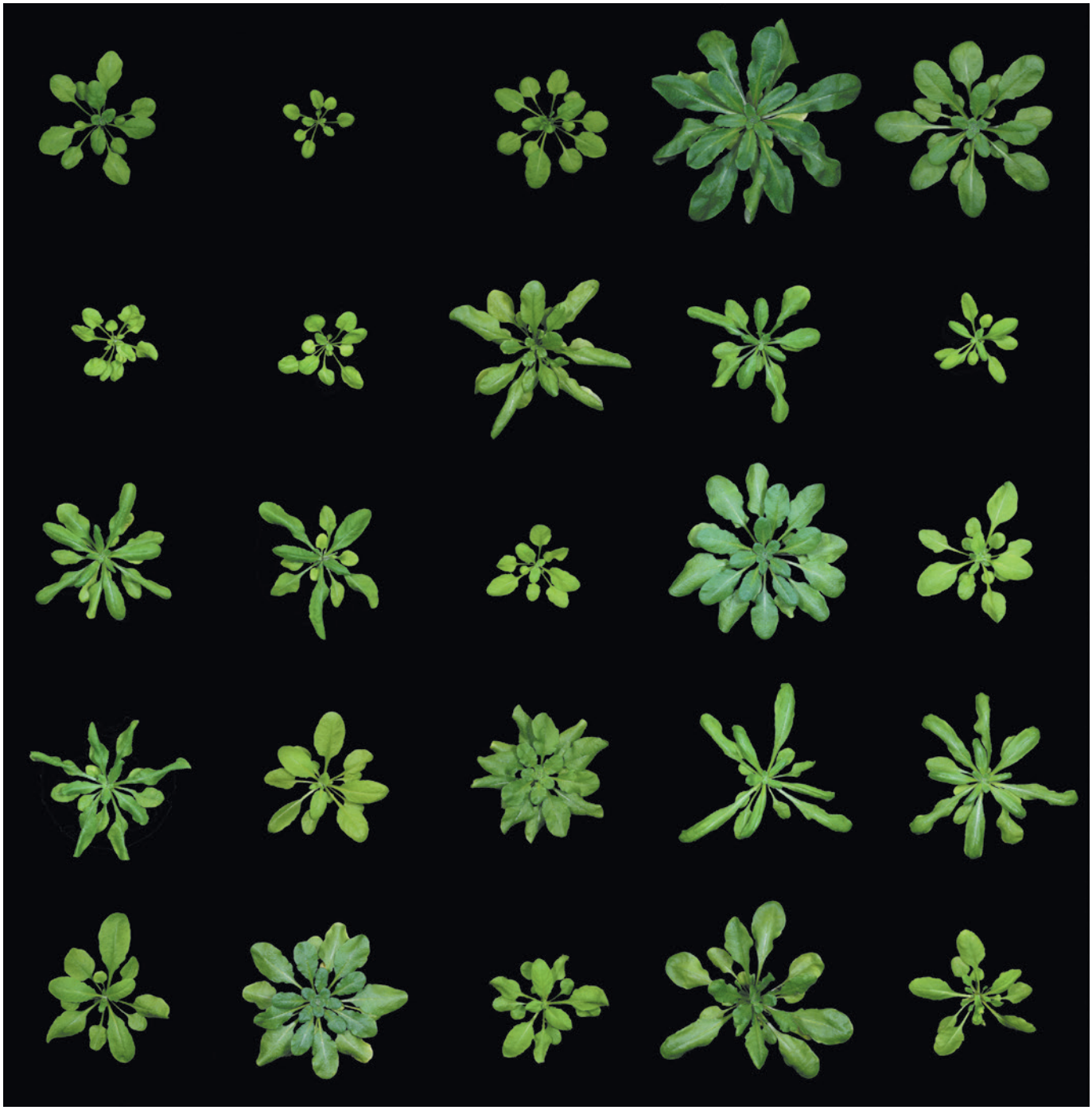
理化学研究所
バイオリソース研究センター
RIKEN BioResource Research Center



RIKEN BRC

Annual Report FY2025

理研 BRCは

最先端の研究基盤の一つとして

21世紀のライフサイエンスの

発展と人類の福祉向上に

貢献します

RIKEN BRC,
as one of the world leading scientific infrastructures,
contributes to advancement of
life science and human welfare
in the 21st century.



バイオリソース研究センターとは？

今やバイオリソースは生命科学の発展には欠くことのできない「知の礎」です。
これまでの科学と技術の「知の結晶」であり、そして、これからの新たな発見へと導く「知の源」。
過去と未来をつなぎ、無限の可能性を秘めた研究用生物材料、それがバイオリソースです。

生物という特性が故に、一度失えば二度と手に入れることはできない、まさに「財産」なのです。

この貴重なバイオリソースを研究コミュニティより「収集」すること、
特性を調べ、同時にクオリティを高め「保存」すること、
そして再び国内外の研究コミュニティに「提供」すること。
この一連のサイクルでライフサイエンスの発展に繋げることが、私たちのミッションです。

「健康」「環境」「食物」……。
まさに今、世界は「持続可能な地球」であり続けるために解決すべきさまざまな課題に直面しています。

こうした課題を解決するために、研究コミュニティからの信頼を集め、
時代を経てもクオリティの高いバイオリソースを継続的に提供すること。
そして、研究の新たなトレンドを創り出すバイオリソースを整備すること。
それが私たちに与えられた使命なのです。

「実験動物」「実験植物」「ヒト・動物細胞」「遺伝子」「微生物」。
そしてこうしたバイオリソースに関する情報・技術を携えて、
バイオリソース研究センターは世界の科学の発展のために挑戦しつづけます。

What is BIORESOURCE RESEARCH CENTER ?

Bioresources are today a foundation of knowledge,
indispensable to the development of life sciences.
They are a product of knowledge yielded from science and technologies cultivated to date,
and a source of knowledge that will lead us to new discoveries.
Bioresources are experimental biological materials
that connect the past and future and offer infinite possibilities.

The very fact that they are living matter
never to be regained once they are lost makes bioresources a truly precious asset.

We collect these precious bioresources from research communities,
investigate their characteristics and store them in a state of high quality,
and offer them back to domestic and foreign research communities.
Our ultimate goal, pursued through the above process,
is to promote life sciences by facilitating the use of bioresources.

Today, the world is confronted by a host of issues that must be addressed
to maintain global sustainability—issues related to health, the environment,
and food, just to name a few.

As our contribution to resolving these issues,
we hope to acquire the trust of research communities and continually offer
quality bioresources that remain unaltered through time.
Eventually, we hope to provide bioresources that will initiate new trends in research.
This is the mission we have adopted.

Empowered with bioresource information and technologies on experimental animals and plants,
human and animal cells, genes, and microbes,
the BioResource Research Center will continue to embrace diverse challenges
for the global advancement of science.

RIKEN BRC

組織 [ORGANIZATION]

2025年4月1日時点
At April 1, 2025

理化学研究所
RIKEN

●理事長 五神 真
President
Makoto GONOKAMI, Ph.D.

バイオリソース研究センター
RIKEN BioResource Research Center

○センター長 城石 俊彦
Director Toshihiko SHIROISHI, Ph.D.

- 副センター長 Deputy Director
  - ○小倉 淳郎 Atsuo OGURA, D.V.M., Ph.D.
  - ○吉木 淳 Atsushi YOSHIKI, Ph.D.
  - ○大熊 盛也 Moriya OHKUMA, Ph.D.
- コーディネーター Coordinator
  - ○桝屋 啓志（兼務） Hiroshi MASUYA, Ph.D. (concurrent)
  - ○田村 勝（兼務） Masaru TAMURA, Ph.D. (concurrent)
  - ○三輪 佳宏（兼務） Yoshihiro MIWA, Ph.D. (concurrent)
- センター長室 Office of the Center Director
  - ○城石俊彦（兼務） Toshihiko SHIROISHI, Ph.D. (concurrent)
- アドバイザリー・カウンシル Advisory Council
- リソース検討委員会 Resource Committees
- レビュー委員会 Review Committees

バイオリソース整備事業 Bioresource infrastructure Program

- 実験動物開発室 Experimental Animal Division
  - ●室長 吉木 淳（兼務） Director Atsushi YOSHIKI, Ph.D. (concurrent)
- 実験植物開発室 Experimental Plant Division
  - ●室長 川勝 泰二 Director Taiji KAWAKATSU, Ph.D.
- 細胞材料開発室 Cell Engineering Division
  - ●室長 中村 和昭 Director Kazuaki NAKAMURA, Ph.D.
- 遺伝子材料開発室 Gene Engineering Division
  - ●室長 三輪 佳宏 Director Yoshihiro MIWA, Ph.D.
- 微生物材料開発室 Microbe Division (RIKEN BRC JCM)
  - ●室長 大熊 盛也（兼務） Director Moriya OHKUMA, Ph.D. (concurrent)
- 統合情報開発室 Integrated Bioresource Information Division
  - ●室長 桝屋 啓志 Director Hiroshi MASUYA, Ph.D.
- 品質管理支援ユニット Support Unit for Quality Management
  - ●ユニットリーダー 小林正智 Unit Leader Masatomo KOBAYASHI, Ph.D.

基盤技術研究開発事業 Key Technology Development Program

- 統合発生工学研究開発室 Integrative Developmental Engineering Division
  - ●室長 井上 貴美子 Director Kimiko INOUE, Ph.D.
- マウス表現型研究開発室 Mouse Phenomics Division
  - ●室長 田村 勝 Directer Masaru TAMURA, Ph.D.

バイオリソース関連研究事業 Bioresource Frontier Program

- iPS 創薬基盤開発チーム iPSC-based Drug Doscovery and Development Team
  - ●チームディレクター 井上 治久 Team Director Haruhisa INOUE, M.D, Ph.D.
- iPS 細胞高次特性解析研究チーム iPS Cell Advanced Characterization Research Team
  - ●チームディレクター 城石 俊彦 Team Director Toshihiko SHIROISHI, Ph.D.
- 次世代ヒト疾患モデル研究開発チーム Next Generation Human Disease Model Team
  - ●チームディレクター 天野 孝紀 Team Director Takanori AMANO, Ph.D.
- 遺伝子発現エピゲノム研究チーム Transcriptome-Epigenome Research Team
  - ●チームディレクター 久保 直樹 Team Director Naoki KUBO, M.D., Ph.D.
- ゲノム可塑性発生制御研究チーム Developmental Genome Plasticity Research Team
  - ●チームディレクター 坂下 陽彦 Team Director Akihiko SAKASHITA, Ph.D.
- 創薬標的遺伝子改変動物基盤ユニット Drug Discovery Genetically Modified Animal Platform Unit
  - ●ユニットリーダー 天野 孝紀（兼務） Unit Leader Takanori AMANO, Ph.D. (concurrent)

連携研究グループ Research Collaborative Group

- 平井連携研究グループ（CSRS 質量分析・顕微鏡解析ユニット） Hirai Research Collaborative Group (Mass Spectrometry and Microscopy Unit)
  - ●チームディレクター 平井 優美 Team Director Masami HIRAI, Ph.D.
- 市橋連携研究グループ（ホロビオント・レジリエンス研究チーム） Ichihashi Research Collaborative Group (Holobiont and Resilience Research Team)
  - ●チームディレクター 市橋 泰範 Team Director Yasunori ICHIHASHI, Ph.D.

生命科学研究推進部
Life Science Research Promotion Division

人事統括本部
Human Resources Group

- 人材戦略部 Human Resources Strategy Division
  - - 人事課
  - - 研究人事課
  - - 研究人材育成課
  - - ダイバーシティ推進課
- 人事労務部 Personnel and Employee Relations Division
  - - 労務課
  - - 健康支援課

経理・調達本部
Fiscal Services and Procurement Group

- 経理部 Fiscal Services Division
  - 筑波会計課 Tsukuba Accounting Section
- 調達部 Procurement Division
  - 筑波調達課 Tsukuba Procurement Section

安全・地区統括本部
Safety and Campus Operations Group

- 安全管理部 Safety Management Division
  - 筑波安全管理課 Tsukuba Safety Section
- 筑波事業部 Tsukuba Operations Division
  - 総務課 General Administration Section
  - 施設課 Facilities Section

情報統合本部
RIKEN Information R&D and Strategy Headquarters (R-IH)

- 情報セキュリティ・システム部 Information Security & Systems Division

目次 [CONTENTS]

RIKEN BRC Annual Report FY2025

事業・成果

Activities in RIKEN BioResource Research Center

センター長挨拶 Greetings 4
世界の中の理研 BRC BRC on the global stage 6
バイオリソースの提供 Distribution of Research Materials 8
実験動物開発室 Experimental Animal Division 10
実験植物開発室 Experimental Plant Division 14
細胞材料開発室 Cell Engineering Division 18
遺伝子材料開発室 Gene Engineering Division 22
微生物材料開発室 Microbe Division (RIKEN BRC JCM) 26
統合情報開発室 Integrated Bioresource Information Division 30
品質管理支援ユニット Support Unit for Quality Management 34
統合発生工学研究開発室 Integrative Developmental Engineering Division 36
マウス表現型研究開発室 Mouse Phenomics Division 38
iPS 創薬基盤開発チーム iPSC-based Drug Discovery and Development Team 40
iPS 細胞高次特性解析研究チーム iPS Cell Advanced Characterization Research Team 42
次世代ヒト疾患モデル研究チーム Next Generation Human Disease Model Research Team 44
遺伝子発現エピゲノム研究チーム Transcriptome-Epigenome Research Team 46
ゲノム可塑性発生制御研究チーム Developmental Genome Plasticity Research Team 48
BRC センター長室 BRC Director's Office 50
平井連携研究グループ（質量分析・顕微鏡解析ユニット） Hirai Research Collaborative Group (Mass Spectrometry and Microscopy Unit) 52
市橋連携研究グループ（ホロビオント・レジリエンス研究チーム） Ichihashi Research Collaborative Group (Holobiont and Resilience Research Team) 54
研究発表 Publications 56
受賞 Awards 82

適切な運営に向けた取り組み

Initiatives for the Better Management of RIKEN BioResource Research Center

広報活動 Publicity Activities 84
人材育成の取り組み Efforts to Foster Personnel 88
安全管理の取り組み Initiatives in the Area of Safety Management 93
予算と人員 Budget ＆ Personnel Organization 97
評価 Evaluations 99

表紙写真について Cover Photo 102

センター長挨拶

Greetings



バイオリソース研究センター センター長
Director of BioResource Research Center
城石 俊彦（理博）
Toshihiko SHIROISHI, Ph.D.

バイオリソースは、生命科学やイノベーションに必要不可欠な研究材料です。2001 年 1 月、理化学研究所（理研）は、我が国のバイオリソース事業の中核拠点として筑波研究所にバイオリソースセンター（BRC）を設立しました。センター設立以来、利用者人口の大きなバイオリソースである実験動物マウス、実験植物、ヒト及び動物由来の培養細胞株、遺伝子材料、微生物、ならびにこれらのバイオリソースの関連情報の整備に焦点をあてて事業を実施してきました。これまで、研究コミュニティの多大なご支援を得て、理研 BRC は、我が国で開発された独自のバイオリソースを中心に整備し、実験結果の再現性を担保する高品質なバイオリソースを提供することを使命として活動を続けてきました。また、マウスリソースの安定的かつ効率的な保存・繁殖や網羅的表現型解析による付加価値向上を目的とする基盤技術の研究開発を実施してきました。さらに、社会ニーズや研究ニーズに応えるための新規バイオリソースの開発やバイオリソースの利活用を促進するためのバイオリソース関連の研究開発を進めてきました。今日、理研 BRC が整備する 5 種類のバイオリソースの保存数は各々が世界の三大拠点の一つにまで成長し、理研 BRC は公的バイオリソースセンターの一つとして世界的にも広く認知される存在になっています。

現代社会は、少子化問題や老化・感染症・難病等の健康・医療問題、「グローバルコモンズ」と呼ばれる人類が共有する地球規模の環境資源を脅かすような諸問題など、さまざまな困難に直面しています。これらの課題を解決するために役立つ最先端のバイオリソースの整備と提供は理研 BRC の重大な責務です。幸い、生命科学の幅広い分野では、ゲノム科学の進展や革新的なゲノム編集技術の出現によって、新しいバイオリソースが次々と開発され理研 BRC に寄託されています。その上で、理研 BRC から提供されたこれらのリソースを利用して研究コミュニティで新たに開発される二次的バイオリソースが今後ますます増加していくものと予想されます。理研 BRC は、このような先端的な二次的バイオリソースを積極的に収集し、それらを再び研究コミュニティに提供していきたいと考えています。これにより、バイオリソースは質を高めながら、研究コミュニティと理研 BRC の間で循環していくことになります。私達はこれを「バイオリソース循環」と呼んでいます。したがって、私達の重要な使命は、バイオリソース循環を駆動して生命科学とイノベーションを活性化することです。理研 BRC のもう一つの課題は、バイオリソースに特性情報を付加することです。最近の計測技術の進歩により、ゲノム配列、単細胞レベルでの遺伝子発現、画像イメージなどの高解像で大容量の特性情報を比較的容易に取得することが出来るようになりました。理研 BRC は、それらの特性情報の整備によりバイオリソースの付加価値向上を図って参ります。ここ数年の間に急速に進歩してきた生成 AI は全ての科学分野で目覚ましい変革を生み出しています。バイオリソースに関するビッグデータは生成 AI を用いた研究には無くてはならないものです。そのためには、良質な大規模データが必要であり、その元になるのが高品質なバイオリソースです。このため、理研 BRC への期待と責務はますます大きなものになっています。

設立以来、理研 BRC は「信頼性」、「継続性」、「先導性」の三つを事業推進の信条として事業を推進してきました。今後も、これらの信条を守って、AI 時代をリードする世界でトップレベルのバイオリソースに関する研究基盤をめざします。それにより、学術の進展と産業の振興に引き続き貢献したいと考えています。これまでの皆様の変わらないお力添えに深く感謝申し上げるとともに、引き続きご支援賜りますようお願い申し上げます。

Bioresources are research materials essential for life science and innovation. In January 2001, RIKEN founded BioResource Center (BRC) at the Tsukuba Research Institute as a core organization for the bioresource infrastructure in Japan. Since its foundation, RIKEN BRC has been focusing on the bioresources that are widely used in the research community. Specifically, these include experimental mouse strains, experimental plants, cultured cell lines of human and animal origin, genetic materials (DNA clones), microorganisms and relevant information associated with these bioresources. RIKEN BRC has become a unique facility that collects bioresources developed primarily in Japan and provides them to researchers worldwide with the generous support of the research community. In addition to these services, RIKEN BRC has conducted "Key technology development projects" to ensure the stable and efficient storage and reproduction of mouse resources, and to add high value to the mouse resources through comprehensive phenotypic analysis. Furthermore, RIKEN BRC has been engaged in "Bioresource Frontier Programs" to develop new bioresources to meet social and research needs and to promote the utilization of bioresources. Today, RIKEN BRC is recognized as one of the three leading repositories worldwide in each of the five bioresource categories it maintains.

Modern society faces a variety of challenges, including declining birthrates, health and medical issues such as aging, infectious diseases, and intractable diseases, as well as climate change and other problems that threaten the "Global commons," which are the planetary environmental resources shared by all humans. It is a critical responsibility of RIKEN BRC to collect, preserve and provide state-of-the-art bioresources that can help solve these challenges. Across the life sciences, advances in genomics and the emergence of innovative genome editing technologies have made it increasingly easy to develop new bioresources. These bioresources are currently deposited at RIKEN BRC. As a result of such advancements, we expect that secondary bioresources newly developed by the research community using bioresources provided by RIKEN BRC will increase in the future. RIKEN BRC intends to actively collect such advanced secondary bioresources and make them available to the research community again. In this way, bioresources will circulate between the research community and RIKEN BRC while improving their quality. We call this "Bioresource Circulation". Therefore, our key mission is to drive the "Bioresource circulation" to advance life science research and innovation. Another challenge for RIKEN BRC is to add characterization information to bioresources. Recent advances in measurement technologies have made it relatively easy to obtain high-resolution and large-volume characterization information such as genome sequences, gene expression even at single cell level, and bioimages. By providing the information, RIKEN BRC will add high value to the bioresources. In recent years, generative AI has advanced rapidly and is driving transformative changes across all scientific disciplines. Big data related to bioresources is indispensable for life science research utilizing generative AI. Such efforts require large volumes of high-quality data, which in turn depend on high-quality bioresources as their foundation. Accordingly, the expectations for, and responsibilities of, RIKEN BRC are becoming increasingly significant.

Since its foundation, RIKEN BRC has promoted its projects based on the three principles of "Trust," "Sustainability," and "Leadership." We will continue to uphold these principles and strive to establish a world-leading research infrastructure for bioresources that drives progress in the AI era. Through these efforts, we aim to make sustained contributions to the advancement of science and the promotion of industry. We would like to express our deepest gratitude to the research community for its tremendous support for RIKEN BRC's activities over the years. We look forward to your continued support for the operation of RIKEN BRC.

世界の中のバイオリソース研究センター（BRC）

BRC on the global stage

研究開発に必要とされるバイオリソースの種類と量は、一国、一機関の収容能力を凌駕しているため、整備に関する国際協調（国際競争）が必要になっている。BRC は、バイオリソースにおける国際的な共同活動を積極的に行なっている。
As varieties and quantities of bioresources needed for R&D have far exceeded the capacity of a single biorepository or even a single country, international cooperation and competition are urgently needed. RIKEN BRC is proactively promoting international collaboration in the field of bioresources.

●AMMRA

アジアマウス突然変異開発リソース連盟（Asian Mouse Mutagenesis and Resource Association; AMMRA）は、変異マウス開発とマウスリソース利活用の促進を目的として 2006 年に設立され、日本、中国、韓国、台湾、オーストラリアの主要機関が参加している。BRC は設立メンバーとして第 8 回（2013 年つくば）、第 10 回（2016 年箱根）会議をアジアマウス表現型解析コンソーシアム（Asian Mouse Phenotyping Consortium; AMPC）との合同会議として主催した。2025 年 9 月には、第 15 回 AMMRA & AMPC Meeting を川崎市キングスカイフロントにおいて主催し、アジア太平洋地域およびフランスから 60 名を超える研究者が参加した。マウス遺伝学、表現型解析、バイオリソース基盤の将来展望について活発な議論と情報交換が行われ、国際連携のさらなる強化に貢献した。
The Asian Mouse Mutagenesis & Resource Association (AMMRA), founded in 2006, promotes mutant mouse development and resource sharing among major institutions in Japan, China, Korea, Taiwan, and Australia. As a founding member, RIKEN BRC hosted the 8th (2013, Tsukuba) and 10th (2016, Hakone) meetings jointly with the Asian Mouse Phenotyping Consortium (AMPC). In September 2025, RIKEN BRC organized the 15th AMMRA & AMPC Meeting in Kawasaki, Japan, bringing together more than 60 researchers from the Asia-Pacific region and France. The meeting provided a forum for active discussion on mouse genetics, phenotyping, and bioresource infrastructure, further strengthening international collaboration among member institutions.

●ANRRC

アジア研究資源センターネットワーク（Asian Network of Research Resource Centers; ANRRC）は、21 世紀における持続可能な生物遺伝資源の利用と新規のリソース開発の促進、科学技術イノベーションの促進、アジア地域の科学の発展と欧米に対するアジアの相対的地位の向上、そして究極的には人類の繁栄への貢献を目的として 2009 年 9 月に設立された。
2025 年時点で 14 の国と地域から 113 の機関が参加しており、BRC は第 2 回大会（2010 年）で憲章の制定に大きく貢献するなど ANRRC において中心的な役割を果たしている。また、2012 年から 2016 年まで小幡裕一前センター長が、2021 年から 2024 年まで城石俊彦センター長が議長を務めた。2022 年には第 13 回大会を BRC がホストとなって開催（オンライン形式）し、2025 年には第 16 回大会をタイがホストとなりバンコクで開催され、動物・植物・微生物リソースやそれらの付加情報における先進技術やバイオものづくりを通した産業応用について発表や議論が行われた。
Asian Network of Research Resource Centers (ANRRC) was established in September 2009, for facilitating sustainable use and development of bioresources in the 21st century, with the aim of promoting science, technology, and innovation in Asian regions, improving relative positions of Asian countries against those of European countries and the USA, and thus contributing to prosperity of humankind. As of 2025 year-end, 113 institutions from 14 countries and regions have joined the ANRRC, where RIKEN BRC is playing a pivotal role. At the 2nd International Meeting held in Tsukuba in 2010, RIKEN BRC made a significant contribution to the effort of declaration of the ANRRC Charter. Furthermore, Dr. Obata, the former Director of RIKEN BRC, was appointed as the ANRRC president from 2012 to 2016, and Dr. Shiroishi, current Director of RIKEN BRC, was appointed as the ANRRC president from 2021 to 2024. In 2022, RIKEN BRC hosted the 13th International Meeting (online format). In 2025, Thailand Bioresource Research Center (TBRC), Thailand, hosted the 16th International Meeting in Bangkok, focusing on advanced technologies of animal, plant, and microbial resources and related information, and industrial applications through biomanufacturing.

●IMPC

国際マウス表現型解析コンソーシアム（International Mouse Phenotyping Consortium; IMPC）は、国際的な協力・分担によりマウス表現型解析を進め、「哺乳類遺伝子機能百科事典」の構築を目指して 2011 年に設立された。BRC は設立当初から参画し、シンポジウム開催などを通じて活動を推進してきた。IMPC の成果は遺伝子機能の解明、疾患理解の深化、創薬研究や副作用予測に大きく貢献している。2025 年度には、BRC の久保直樹チームディレクターが次期 IMPC の重点課題として「非コードゲノム機能の解明」を提案し、関連する国際ワーキンググループの設立を主導した。2025 年現在、IMPC には 15 の国・地域から 25 機関が参加している。
The International Mouse Phenotyping Consortium (IMPC), established in 2011, is a global initiative to systematically characterize mouse gene function and build an encyclopedia of mammalian genome function. RIKEN BRC has participated since its inception and has contributed through scientific leadership and symposium organization. IMPC resources and data have advanced our understanding of gene function and



図 1　MASC の参加研究機関
Fig. 1 MASC members

disease mechanisms, supporting drug discovery, safety assessment, and translational research. In FY2025, Dr. Naoki Kubo of RIKEN BRC proposed exploration of the non-coding genome as a major objective of the next phase of IMPC and led the establishment of an international working group to advance this initiative. As of 2025, the IMPC consists of 25 organizations across 15 countries and regions.

●MASC

先端的な植物科学に関わる国際連携は、1990 年代に米国、欧州、日本、豪州の研究者らによって設立された Multinational Arabidopsis Steering Committee（MASC）により推進されている。MASC は、BRC、米国 ABRC、英国 NASC などの主要なリソース配布機関およびデータベース機関に加え、30 カ国の研究者代表によって構成されており、BRC 実験植物開発室からは川勝泰二室長および井内聖専任研究員が参画している。2025 年度には、第 35 回国際シロイヌナズナ研究会議がベルギーで開催された。

International collaboration in advanced plant science is promoted by the Multinational Arabidopsis Steering Committee (MASC). MASC consists of major resource distribution and database centers, including RIKEN BRC in Japan, ABRC in USA, and NASC in UK, as well as representative researchers from 30 countries. From RIKEN BRC, Taiji Kawakatsu and Satoshi Iuchi participate as members. In 2025, the 35th International Conference on Arabidopsis Research (ICAR2025) was held in Belgium.

●ICLAC

International Cell Line Authentication Committee（ICLAC）は、誤認細胞の使用を研究コミュニティから排除することを目的に、BRC、米国 ATCC、英国 ECACC、ドイツ DSMZ などの世界 11 ヶ国の主要細胞バンク機関が参画し、2012 年に発足した国際組織である。誤認または交差汚染が判明した細胞株の情報を集約した「Register of Misidentified Cell Lines」を公開・管理しており、現在は 593 の細胞株が登録されている。

The International Cell Line Authentication Committee (ICLAC) began operating in 2012 with the aim of eliminating misidentified cell lines from the scientific community. The Committee includes major cell banks from around the world, such as the RIKEN Cell Bank in Japan, the ATCC in USA, the ECACC in UK and the DSMZ in Germany. The ICLAC website publishes a list of misidentified cell lines.

●ISCI and ISCBI

International Stem Cell Forum（ISCF）は、幹細胞研究の国際的な連携と発展を目的として、2003 年に設立された国際組織である。日本、米国、英国、ドイツなど 11 か国の主要研究機関が参画し、多能性幹細胞に関する研究の標準化と品質向上を推進している。ISCF 傘下において、多能性幹細胞の培養技術、分化誘導、遺伝的安定性、表現型解析などに関する国際的な標準化を目的とした International Stem Cell Initiative（ISCI）が設立され、また、多能性幹細胞のバンキング事業の標準化と倫理的・遺伝的情報の整備を目的とした International Stem Cell Bank Initiative（ISCBI）が設立された。BRC は ISCI 及び ISCBI にその発足当初から参画している。

To promote progress in stem cell research through international cooperation, the International Stem Cell Forum (ISCF) was established in 2003 with participation from 11 member countries. Under ISCF leadership, the International Stem Cell Initiative (ISCI) and the International Stem Cell Bank Initiative (ISCBI) were created to standardize culture methods and related technologies within the field. RIKEN BRC is an active participant in both ISCI and ISCBI, contributing significantly to advancements in stem cell research.

●WFCC and WDCM

WFCC（World Federation for Culture Collections）は、微生物株・培養細胞を対象とする生物資源センター・カルチャーコレクションを支援する国際的ネットワークとして機能しており、また附設の WDCM（World Data Center for Microorganisms）は、微生物リソースセンターやその保有微生物株に関する情報を公開している。微生物材料開発室（JCM）は、様々なデータの提供や意見交換・交流により、WDCM の設立以来密接な連携を実施してきた。また、原核生物基準株のゲノム解析を実施する WDCM を中心とした国際連携においても、JCM は最も多数の微生物株を提供して貢献した。

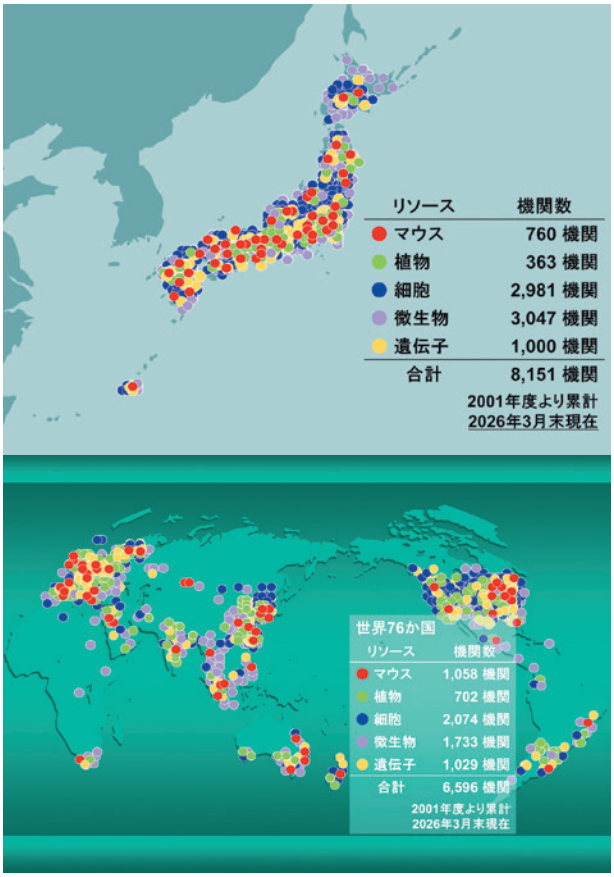
The WFCC (World Federation for Culture Collections) has been acting as a network organization to promote and support resource centers of microorganisms and cultured cells. A data center of WFCC, WDCM (World Data Center for Microorganisms), provides information about microbial resource centers of the world and their resources. RIKEN BRC JCM has worked closely with WDCM since its establishment by providing a variety of data and exchanging ideas. JCM has also contributed the international collaboration of WDCM and other resource centers for genome sequencing of type strains of prokaryotic species by providing the largest number of strains.

バイオリソースの提供

Distribution of Research Materials

バイオリソースの提供先

Locations of User Institutions



実験動物
Mouse Strains

実験植物
Plants

細胞材料
Cell Lines

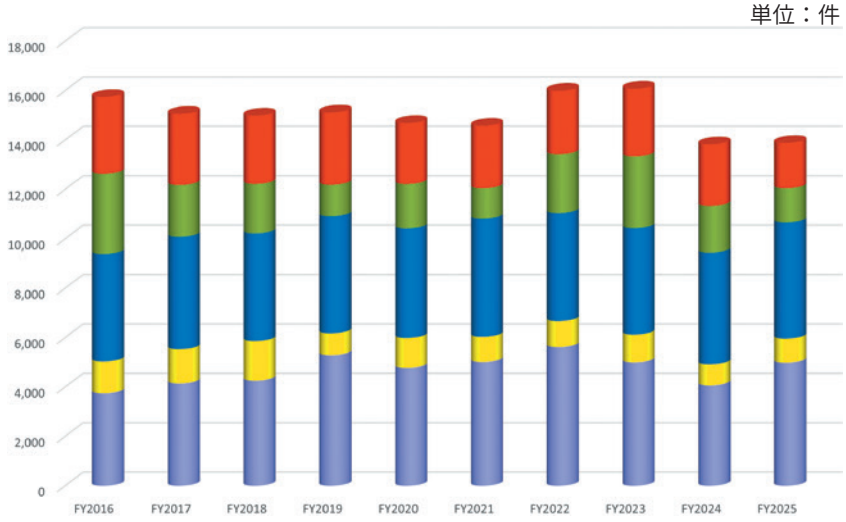
微生物材料
Microbes

遺伝子材料
Genetic Materials

バイオリソース提供の推移

Number of Distribution

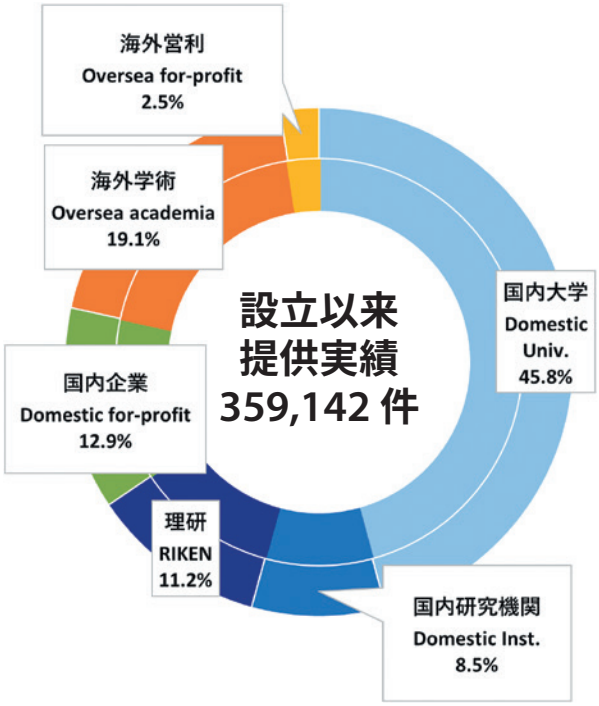
単位：件



提供先機関内訳

Breakdown of user institutions

（2001 ～ March, 2026）

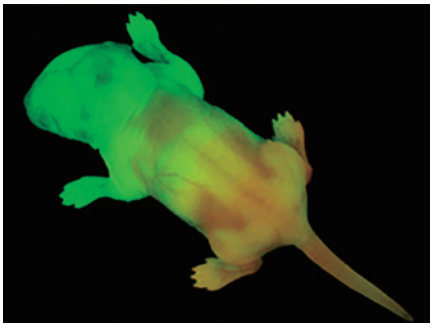


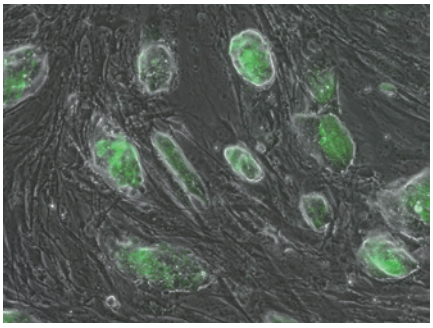
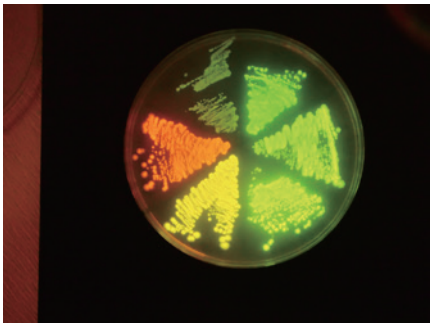
2026 年 3 月末現在

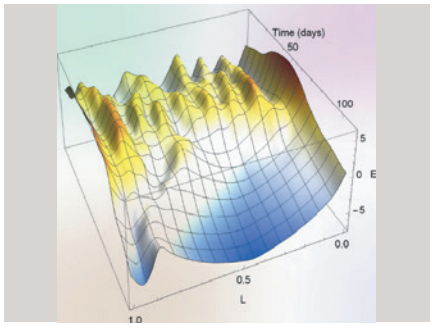
ユーザーの種別
Summary of user categories

国内 Domestic:	78.4%
海外 Overseas:	21.6%

学術機関 Academia:	84.6%
営利団体 For-profit:	15.4%





実験動物開発室

Experimental Animal Division



室長　吉木 淳（農博）　Atsushi YOSHIKI, Ph.D.

ミッションと事業概要

マウスは様々な遺伝子改変により個体レベルのヒトのモデル動物として、高次生命現象の理解、ヒトの健康増進と病気の克服のためのライフサイエンス研究に貢献している。実験動物開発室は、マウスリソースの国際拠点および文部科学省ナショナルバイオリソースプロジェクト（NBRP）の中核機関として、社会・研究ニーズに応える、国際的にも独自性の高い最先端のモデルマウスの収集・保存・品質管理を行い、国内外の研究者に提供している。さらに、研究コミュニティが必要とするマウス系統を開発・評価し、世界最高水準の品質管理に必要な技術開発を実施している。

Mice have contributed to life science research aimed at understanding higher-order biological phenomena, promoting human health and overcoming diseases through various genetic modifications as animal models for humans at the organism level. As an international hub and the core ceneter of the National BioResource Project (NBRP) by the MEXT for mouse resources, the Experimental Animal Division collects, preserves and quality-controls internationally unique and cutting-edge mouse models that meet societal and research needs, and provides them to researchers in Japan and overseas. In addition, we develop and evaluate mouse strains of high priority in the research community and develop technologies necessary for the quality control at the highest global standards.

2025年度の成果

Development of Technology in FY2025

(1) バイオリソースの収集

実験動物開発室では国内の大学・研究機関で開発され、論文発表のあるマウスリソースを中心に収集し、海外と重複の無い独自性の高い系統かつ特性が公表され科学的な評価を受けた系統の品揃えの充実に努めている。個体レベルでのヒト疾患モデル・遺伝子機能の解析ツールとして利活用が期待される、遺伝子改変マウス・ゲノム編集マウス（トランスジェニックマウス、ノックアウトマウス、Cre/loxP、Flp/FRT、TET システムを含むコンディショナルマウス、蛍光・発光レポーターマウス等）を中心に、2025 年度は 62 名の寄託者から 274 系統（生体 61 系統、凍結 213 系統）を収集し、保存数は累計 10,554 系統となった。また、NBRP ラットの分担機関として、ラット中核機関の京都大学および分担機関の東京大学から 27 系統を受領し、累計 9,568 系統（553 系統および ENU 誘発変異を有する G1 雄 9,015 匹の精子を含む）の凍結胚・精子を自然災害等の不測の事態に備え、バックアップ保存した。

(2) バイオリソースの保存

系統保存の効率化のため、各系統の利用件数を調査し、需要の多いマウス系統は生体として維持し、それ以外の系統は凍結胚・精子として液体窒素中での保存を進めている。2025 年度は凍結胚 241 系統および凍結精子 277 系統を作製し、140 系統の生体飼育を終了して、累計 9,565 系統が凍結胚・精子のみでの保存となった。また、同時にバックアップ用の凍結胚・精子を作製し、各系統の一部を危険分散および長期安全保存のため播磨研究所バックアップ施設に移管している。2025 年度に新たに作成した凍結精子を加えて、計 772 系統の移管準備が完了し、2026 年度の輸送移管を予定している。これまでに累計 2,329 系統の凍結胚、7,627 系統の凍結精子の移管が完了している。

(3) バイオリソースの品質管理

研究結果の再現性が確保されたマウスリソースを提供するため、品質管理を重要視し、寄託マウスの受入れ、凍結保存、清浄化および提供の各過程で病原微生物検査 33 項目および遺伝検査 7 項目から各系統の種類に適した検査を実施している。病原微生物検査結果（ヘルスレポート）及び遺伝子型検査の PCR プロトコールはホームページ上で公開し、利用者が提供依頼前に確認できるようにしている。2025 年度、病原微生物検査では、寄託マウスの 32% において腸管内原虫・蟯虫の検査結果が陽性であった。生体寄託マウスは凍結精子・凍結胚の保存または胚移植による清浄化を実施し、37 系統をバリア施設へ導入した。2025 年度は寄託元施設の微生物検査結果の取得や定期検査間隔の見直しを行い、微生物学的品質管理体制を強化した。遺伝的品質検査では、427 系統の

遺伝子型検査、104 系統のマーカー遺伝子検出検査、35 系統の loxP 検査、33 系統の Frt 検査を実施した。累計 3,031 系統に対して最適化した PCR プロトコールと組換え生物の正確な情報を当室ウェブサイトから公開した。さらに、遺伝品質検査のチェックシートにより 131 系統の検査結果を自己点検した。実施する検査項目は、研究・技術の動向・進展に応じて優先順位を見直し、拡充している。2025 年度は新たに Cre コンディショナル系統を対象として、*in vitro* Cre 酵素処理後に PCR で loxP 間の組換え・欠失を確認する機能検査を開始した。

また、BRC では 2025 年度からバイオリソースのさらなる品質向上を目的とした、BRC が独自に構築する品質管理マネジメントシステム（QMS）の運用を開始した。当室においても、室内の文書・記録の整備・改訂を進め、BRC 内部監査チームによる監査を受けた。

(4) バイオリソースの提供

寄託系統の情報は、当室ウェブサイトおよび主要なマウスリソース機関の国際的な one-stop shop データベース International Mouse Strain Resource（IMSR）から公開し、国内外の研究コミュニティの提供依頼を受けている。提供形態は利用者の要望に応じて、生体、凍結胚・精子、凍結から復元した個体、臓器・組織、ゲノム DNA（遺伝子材料開発室との連携で実施）、海外機関の凍結系統から復元した個体を提供している。2025 年度は国内 301 名に 1,294 件、海外 142 名に 537 件を提供し、累計では国内 760 機関、海外 1,058 機関（46 ヶ国）の利用者にマウスリソースを提供した。2025 年度は提供リソースを活用した成果論文 278 報を系統の付随情報として登録した。

(5) 研究開発やその他の活動

研究開発として、マウスの条件付き遺伝子操作 Cre-loxP システムにおける長年の課題であった「抑制漏れ（意図しない微量発現）」の解決に取り組み、世界最高感度の発光技術「AkaBLI」を用いて可視化・定量化することに成功した。さらに、転写と翻訳の 2 段階で制御する新手法を開発し、この漏れを最小限に抑えた高精度なレポーターマウスを確立した。この成果により、生体深部での精密な遺伝子操作の評価が可能となり、医学・生命科学研究の信頼性向上へ大きく貢献することが期待される（Cell Rep Methods. 2026 Mar 30;6(4):101369.）（図 1）。

研究収集リソースの付加価値向上、利活用促進のため、BRC 内の関連部門や NBRP 広報室と連携し、ウェブサイト上での系統紹介、品質管理に関する記事の更新、BRC X（旧ツイッター）への投稿、紙媒体チラシ「BRC RESOURCE NEWS」やパンフレットの発行、国内 9 学会でのブース出展等、研究コミュニティに向けて広く情報発信を行った。人材の育成と技術移転を目的とした研修活動としては、1 名の大学院生インターンシップを受け入れた（図 2）。

国際連携として、ミュータントマウス開発と表現型解析並びにマウスリソース整備と、それらの利活用の促進を目的としたアジア連携として、2006 年に設立された、アジアマウス突然変異開発リソース連盟（Asian Mouse Mutagenesis and Resource Association; AMMRA）に創立当時から参加している。2025 年度は第 15 回 AMMRA & AMPC 会議を主催し、本大会にはアジア・オーストラリア地域を中心に国内外から 75 名（海外 23 名）が参加した（図 3）。

(1) Collection of bioresources

To preserve unique and cutting-edge mouse strains, we have collected mouse strains for human disease models and gene functional analysis tools that were developed mainly at universities and research institutes in Japan and have been reported in academic publications. In FY2025, we collected 274 mouse strains (61 live and 213 frozen strains) from 62 researchers and archived 10,554 strains. Most of these are gene-modified/genome edited mouse strains (transgenic strains, gene knockouts strains, conditional strains containing the Cre/loxP, Flp/FRT, TET systems, and fluorescent and luminescent reporters etc.). As a sub-center of NBRP-Rat, we received 27 strains from the rat core center at Kyoto University and the sub-center at The University of Tokyo for backup preservation in FY2025 and have archived 9,568 rat strains (553 strains and sperm collected from 9,015 G1 males carrying

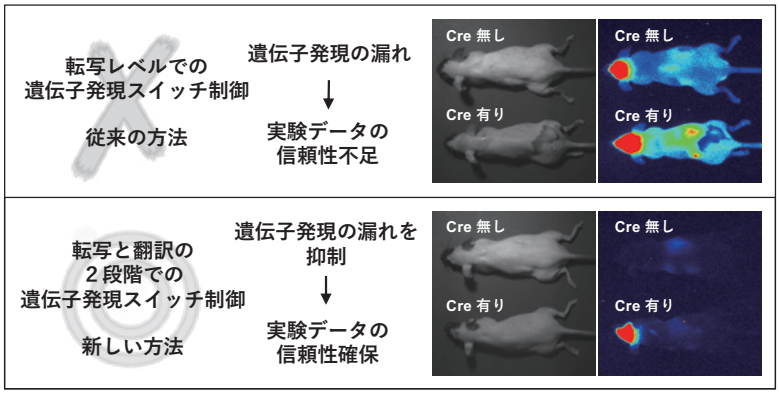


図 1　マウス遺伝子操作の飛躍的な精度向上に関する研究成果概要
Fig. 1 Summary of research results on "Improving the Precision of Mouse Genetic Engineering Using the Cre-loxP System"

ENU-induced mutations).

(2) Preservation of bioresources

Mouse strains are periodically evaluated based on the usage frequency. High-demand strains are maintained as live stocks, while low-demand strains and rapidly growing genome-edited strains are efficiently cryopreserved as frozen sperm in liquid nitrogen. In FY2025, 241 strains were cryopreserved as embryos and 277 strains as sperm, while live colony maintenance was terminated for 140 strains. This brings the total number of strains that are only preserved as frozen embryos and/or sperm to 9,565. The frozen embryos are thawed to confirm their viability. Thawing tests were performed for 86 strains in FY2025. For risk dispersion and long-term safe storage, we have partially transferred each frozen strain to the backup facility in Harima Branch. Preparations for the transfer of 772 strains, including frozen sperm cryopreserved in FY2025, have been completed. The transfer is scheduled for FY2026. To date, a total of 2,329 strains of frozen embryos and 7,627 strains of frozen sperm have been transferred.

(3) Quality control of bioresources

To provide mouse resources that ensure the reproducibility of animal experiments, we perform rigorous quality control and conduct 33 microbiological tests and 7 genetic tests, appropriate for each strain, at each step including deposition, cryopreservation, rederivation, and provision. The results of microbiological tests (Health Report) and PCR protocols for genotyping are publicly available on our website, allowing users to review before submitting a request. At the results of microbial quality control tests in FY2025, 32% of the deposited live mice were positive for intestinal protozoa/pinworms. We rederived and cleaned-up 37 strains by embryo transfer into the barrier facility. In FY2025, we strengthened our microbiological quality control system by obtaining microbiological test results from the depositors and reviewing the intervals between routine inspections. For genetic quality control, we performed routine genotyping PCR of 427 strains and examined knockout- (104 strains), loxP- (35 strains) and Frt- (33 strains) tests. We provided optimized PCR protocols for 3,031 strains and accurate genetic modification information on our website. In addition, we self-checked our test results for 131 strains using the genotyping check sheet. We continuously review and expand the priority of the tests we conduct in response to trends and advancements in research and technology. In FY2025, we started offering a new functional test targeting Cre conditional strains. This test uses PCR to confirm recombination and deletions between loxP sites after *in vitro* Cre enzyme treatment.

Furthermore, starting in FY2025, BRC has launched its own quality management system (QMS) to further improve the quality of bioresources. We organized and revised internal documents and records and underwent an audit by the BRC's internal audit team.

(4) Distribution of bioresources

Information on deposited mouse strains is disseminated through our website and the International Mouse Strain Resource, a one-stop shop database of the major international mouse resource institutions (IMSR). We receive provision requests from research communities worldwide and distribute live mice, frozen embryos/sperm, recovered litters from frozen embryos/sperm, organ/tissue and genomic DNA (in collaboration with the Gene Engineering Division). In FY2025, we distributed to 1,294 items to 301 domestic users and 537 items to 142 overseas users. To date, we have distributed mouse resources to researchers at 760 domestic and 1,058 overseas academic and industry organizations in 46 countries/region. In FY2025, 278 research papers utilizing the provided resources were registered as associated information.

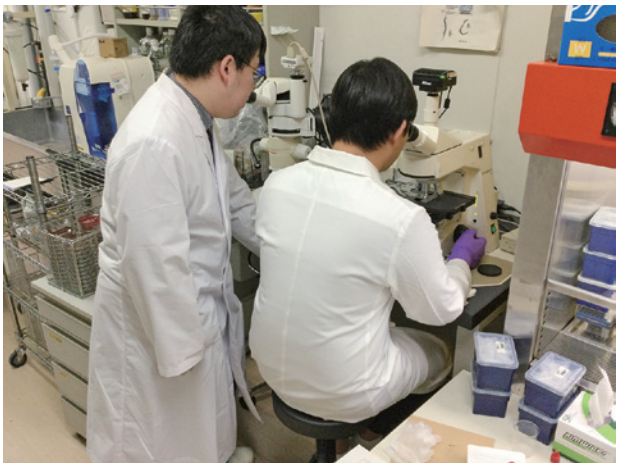


図 2　インターンシップでの病原微生物検査技術研修の一場面
Fig. 2 A scene from an internship training program in microbiological tests technology



図 3　The 15th AMMRA & AMPC 2025 Annual Meeting のポスター
Fig. 3 Poster of the 15th AMMRA & AMPC 2025 Annual Meeting

(5) Research development and other activities

We have successfully visualized and quantified “leaky expression” (unintended trace expression), a long-standing challenge in the Cre-loxP system for mouse genetic manipulation, by utilizing “AkaBLI,” one of the most sensitive bioluminescence reporter technologies. Furthermore, by developing a novel method that controls expression at two stages—transcription and translation—we established a high-precision reporter mouse that minimizes such leakage. This advancement enables the evaluation of precise genetic manipulation deep within living organisms, significantly contributing to increasing the reliability of medical and life science research (Cell Rep Methods. 2026 Mar 30;6(4):101369.) (Fig.1).

To enhance the visibility and active use of our strains, we promote the dissemination of information in cooperation with the other divisions of RIKEN BRC and NBRP Public Relations Office to research communities. We update the topics on our website that introduce the strains and inform about our quality control, and post them via RIKEN BRC X (formerly Twitter). We also published the flyer BRC RESOURCE NEWS and some pamphlets. Additionally, we provided on-site support at exhibition booth and relevant materials at 9 academic conferences in Japan. As training activities to develop human resources involved in the bioresource project and to transfer technology to the research community, we accepted one graduate student as internship training program (Fig.2).

Asian Mouse Mutagenesis and Resource Association (AMMRA) was founded in 2006 with the aim to facilitate development, phenotyping, repository construction and utilization of mutant mouse resources in Asia. We have worked as a founding member. In FY2025, we hosted the 15th AMMRA & AMPC Conference, which was attended by 75 participants (including 23 from overseas), primarily from the Asia-Pacific region (Fig.3).

メンバー構成
Members

- 室長 [Director of Experimental Animal Division]
  吉木 淳 Atsushi YOSHIKI, Ph.D.
- 専任研究員 [Senior Research Scientist]
  仲柴 俊昭 Toshiaki NAKASHIBA, Ph.D.
  綾部 信哉 Shinya AYABE, D.V.M., Ph.D.
- 開発研究員 [Research & Developmental Scientist]
  水野 沙織 Saori MIZUNO, Ph.D.
- 特別任期制研究員 [Special Fixed Term Contract Researcher]
  佐藤 佳祐 Keisuke SATO, Diplomate of JCLAM, D.V.M., Ph.D.
- 専任技師 [Senior Technical Scientist]
  中田 初美 Hatsumi NAKATA, Ph.D.
- 専門技術員 [Expert Technician]
  門田 雅世 Masayo KADOTA
- 客員主管研究員 [Senior Visiting Scientist]
  美野輪 治 Osamu MINOWA, Ph.D.
  目加田 和之 Kazuyuki MEKADA, Ph.D.
  澤田 和彦 Kazuhiko SAWADA, Ph.D.
- 客員研究員 [Visiting Scientist]
  玉里 友宏 Tomohiro TAMARI, Ph.D.
- 研修生 [Student Trainee]
  ナンダ ユリ ラーマワティ Nanda Yuli Rahmawati, M.S.
- テクニカルスタッフII [Technical Staff II]
  伊集院 麻衣子 Maiko IJUIN, M.S.　田中 めぐみ Megumi TANAKA
  岩間 瑞穂 Mizuho IWAMA　橋本 知美 Tomomi HASHIMOTO
  梶田 亜矢子 Ayako KAJITA, M.S.
- アシスタント [Assistant]
  酒井 智江 Tomoe SAKAI　中山 百合子 Yuriko NAKAYAMA
- 派遣職員 [Agency Staff]
  関 幸子 Yukiko SEKI, M.S.　中山 寿子 Hisako NAKAYAMA
  小川 ちいみ Chiimi OGAWA　坂田 ひろみ Hiromi SAKATA
  岸田 智栄子 Chieko KISHIDA　石井 誠 Makoto ISHII
  山村 竜典 Tatsunori YAMAMURA　長榮 敦 Atsushi CHOEI
  平野 直樹 Naoki HIRANO　山下 能孝 Yoshitaka YAMASHITA
  安井 明美 Akemi YASUI　瀧澤 紗耶佳 Sayaka TAKIZAWA
  宮川 広美 Hiromi MIYAKAWA　戸島 宏美 Hiromi TOJIMA
  田口 葉子 Yoko Taguchi　横瀬 唯 Yui YOKOSE
  上野 泰子 Yasuko UENO
- パートタイマー [Part-time Worker]
  斎藤 英子 Eiko SAITO　牧野 望 Nozomi MAKINO

実験植物開発室

Experimental Plant Division



室長　川勝 泰二（農博）　Taiji KAWAKATSU, Ph.D.

ミッションと事業概要

植物は地球上の生態系を支える存在であり、植物科学の発展は食料や環境など地球規模の課題解決に必要不可欠である。当室はナショナルバイオリソースプロジェクト（NBRP）に参加し、代表的なモデル実験植物のシロイヌナズナおよびミナトカモジグサの種子、植物遺伝子、植物培養細胞の収集・保存・提供事業を行っている。また、保存技術の開発を進めるとともに、特性情報の付加により植物バイオリソースの価値向上を試みている。研究コミュニティや産業界と連携して、植物バイオリソースを活用した研究戦略を構築し人間社会の持続的な発展に貢献する。

Plants are essential to Earth's ecosystems, and advancing plant science is crucial for addressing global challenges such as food security and environmental sustainability. Our division supports the National BioResource Project (NBRP) by collecting, preserving, and distributing seeds of model plant species —*Arabidopsis thaliana* and *Brachypodium distachyon*— as well as plant genetic materials and cultured cells. We also develop advanced preservation techniques and contribute to the functional characterization of plant bioresources to enhance their research utility. Through collaboration with researchers and industry, we strive to develop innovative research strategies that utilize plant bioresources and contribute to the sustainable development of human society.

2025年度の成果

Development of Technology in FY2025

(1) バイオリソースの収集

種子：シロイヌナズナのトランスポゾンタグライン・アクティベーションタグライン・FOX ライン・TF-GR ライン・葉緑体関連遺伝子破壊系統・野生系統・EMS 突然変異体 M2 集団を保有している。2025 年度、7 名の研究者からシロイヌナズナ変異体 111 系統を収集した。大規模種子リソースの CRES-T 形質転換体系統および VP16 融合転写因子発現系統の収集を進めた。また、ミナトカモジグサの野生系統も保有している。

遺伝子材料：シロイヌナズナを代表とする多数の植物種の完全長 cDNA クローン・転写因子クローン・TAC クローン・形質転換用ベクター等を保有している。2025 年度、酵母ワンハイブリッド法および酵母ツーハイブリッド法に対応したシロイヌナズナ転写因子発現ベクターセット 1,736 クローンを収集した。

培養細胞：モデル細胞株タバコ BY-2、モデル植物シロイヌナズナ・イネ・トマト・ミヤコグサの細胞株、多様な植物種由来の物質生産株を保有している。蛍光タンパク質を用いた可視化細胞株および物質生産細胞株に重点を置いた収集に努めている。

(2) バイオリソースの保存

種子：一定のストック数を維持するように増殖した後、低温低湿度の種子保管室で保存している。長期安全保存のため、一部の系統は播磨キャンパスの大型液体窒素凍結保存容器でバックアップ保存している。

遺伝子材料：− 80℃の超低温フリーザーで凍結保存している。機器故障等のリスク分散のため、寄託者から送付されたオリジナルプレートと提供用の作業プレートは筑波キャンパス内の別棟に分けて保存している。

培養細胞：定期的な継代培養により、99 細胞株を生細胞として維持している。細胞株の滅失を防ぐため、一細胞株につき複数系統を保持するとともに、一部の懸濁培養細胞株では液体培地による通常培養と固形培地によるバックアップ培養を併用している。また、タバコ BY-2 および形質転換 BY-2 は液体窒素凍結保存容器で超低温保存を実施している。

(3) バイオリソースの品質管理

品質管理規程に基づき、寄託・提供時に品質管理検査を実施している。遺伝型解析または塩基配列解析による検査を行い、系統の同一性を確認した上で提供している。系統管理および出庫管理にはバーコードシステムを導入し、取り違え防止を徹底している。検査結果は寄託者および利用者へ情報提供することで、植物バイオリソースの信頼性向上に努めている。

種子：発芽率検査および fDET 検査を実施している。fDET 検

査は複数の組換え遺伝子をマルチプレックス PCR で一括検出する手法である。野生株等の非組換え体の場合、組換え遺伝子が含まれていないことを確認している。組換え体の場合、fDET 検査に加えて導入遺伝子の組込み部位の検査も行っている。

遺伝子材料：塩基配列解析によるクローンおよびベクターの検査を実施している。

培養細胞：rbcL 配列を用いた DNA バーコーディング解析を行い、植物種を同定することによって細胞株を確認している。一つの植物種に複数の細胞株がある場合、細胞株を判別する遺伝型解析を追加で実施している。2025 年度は 95 細胞株を検査し、細胞株の取り違えを起こしていないことを確認した。

(4) バイオリソースの提供

関連法令を遵守して植物バイオリソースを国内外の非営利・営利機関の研究者に提供している。植物バイオリソースの情報はカタログデータベース Exp-Plant Catalog で公開している。定期的に更新し、掲載情報の充実を図るとともに利用者への情報提供に努めている。

2025 年度、植物バイオリソースの提供実績は合計 1,383 個だった（種子 1,118 系統、遺伝子材料 159 クローン、培養細胞 106 株）。国内の研究者 104 名に 1,175 個、海外 11 カ国の研究者 36 名に 208 個を提供した。また、植物バイオリソースを使用した原著論文 34 報が成果として発表された。

種子：2025 年度、EMS 突然変異体 M2 集団の海外提供を開始した。EMS 突然変異体 M2 集団は、シロイヌナズナのコロンビア系統をエチルメタンスルホン酸（EMS）で処理し、突然変異を誘発した M2 世代種子集団である。

遺伝子材料：2025 年度、ゲノム編集用ベクター 10 クローンを新規公開した。

培養細胞：2025 年度末にマングローブ植物の高塩耐性細胞株 2 株（図 1）および苔類のアズレン誘導体生産株（図 2）を新規公開した。

(5) 研究開発やその他の活動

植物バイオリソースの利活用促進のため、技術研修、アウトリーチ活動および広報活動に取り組んでいる。

2025 年度、技術研修「形質転換等シロイヌナズナを用いた実験系の構築に関わる研修」を開催した（図 3）。新たなメニューとしてシロイヌナズナの水耕栽培を追加した。また、高度な技術研修の検討に向けて、エピゲノム解析のパイロット技術研修を実施した。

アウトリーチ活動として、生命科学研究推進部や総務課と協力し、高校生・専門学校生の見学 4 件の対応を行なった。また、研究技術支援職に焦点を当てた TRIP サマーイベント「匠への道」の開催に参画した。2025 年度筑波地区一般公開で室長が小学生以上を対象とした講演を担当し、約 100 名が来場した。ルーペを使用してシロイヌナズナ植物体を観察する時間が設けられ、参加者に好評であった（図 4）。

広報活動では、ホームページやメールニュース、チラシ「BRC RESOURCE NEWS」、学会でのブース展示等を通じて研究コミュニティに向けて広く情報発信している。

(1) Collection of bioresources

Seeds: The seed collection includes transposon-tagged lines, activation-tagged lines, FOX lines, TF-GR lines, nuclear-encoded chloroplast protein mutant lines, natural accessions, and EMS-mutagenized M2 populations of *Arabidopsis thaliana*. In FY2025, 111 Arabidopsis mutant lines were collected from seven researchers. Collection of two large-scale seed resources also continued: CRES-T transgenic lines and VP16 fused transcription factor expression lines. Wild-type accessions of *Brachypodium distachyon* are also included in the collection.

Genetic materials: The collection includes full-length cDNA clones from multiple plant species, primarily *Arabidopsis thaliana*, as well as *Arabidopsis thaliana* transcription factor clones and TAC clones. Transformation binary vectors are also an important part of the collection. In FY2025, 1,736 Arabidopsis transcription factor expression clones compatible



図 1　マングローブ植物高塩耐性カルス培養細胞株（rpc00088 L46）
Fig. 1 Mangrove callus cell line (rpc00088 L46)

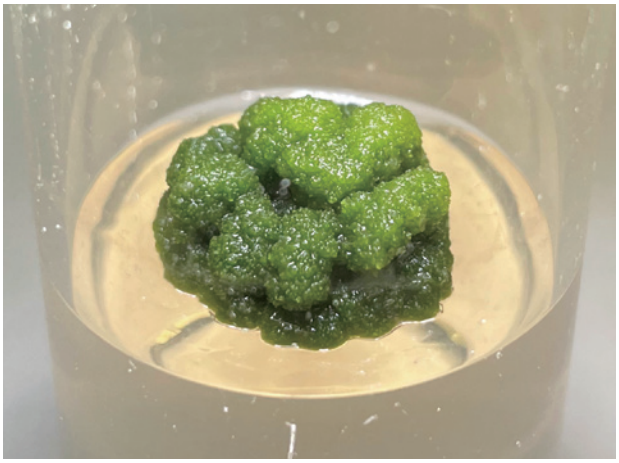


図 2　苔類アズレン誘導体生産カルス培養細胞株（rpc00108 SUN1001P）
Fig. 2 Liverwort azulene derivative-producing callus cell line (rpc00108 SUN1001P)

with yeast one-hybrid and yeast two-hybrid systems were newly acquired, expanding the available bioresources for transcription factor research.

Cultured cells: The cell line collection includes tobacco BY-2, a model cell line for plant research; cell lines from model plants, such as *Arabidopsis thaliana*, rice, tomato, and *Lotus japonicus*; and secondary metabolite-producing lines from various plant species. Collection efforts focus on fluorescent protein-based visualized lines and secondary metabolite-producing lines, which are widely used by researchers.

(2) Preservation of bioresources

Seeds: Seeds are propagated as needed to maintain stock at necessary levels and stored in a low-temperature, low-humidity seed storage room. To prevent irreversible loss in the event of a local incident, selected lines are also backed up in liquid nitrogen cryogenic storage containers at the Harima Campus.

Genetic materials: All genetic materials are stored at −80°C in ultra-low temperature freezers. To reduce the risk of loss due to equipment failure, original plates from depositors and working plates used for distribution are kept in separate buildings on the Tsukuba Campus.

Cultured cells: A total of 99 cell lines are maintained as living cultures by regular subculture. To prevent irreversible loss, multiple cultures are kept for each line. For some suspension culture lines, backup culture on solid medium is maintained alongside standard liquid culture. Tobacco BY-2 and transgenic BY-2 lines are also cryopreserved in liquid nitrogen for long-term storage.

(3) Quality control of bioresources

Quality control inspections are conducted at the time of deposit and/or distribution, following prescribed guidelines. We perform genotyping or sequence analysis to confirm the identity of each plant bioresource before distribution. A barcode-based management system is used to prevent misidentification and handling errors of plant bioresources. Inspection results are shared with depositors and users to improve the reliability of the collection.

Seeds: Seed resources are tested for germination rate and screened by fDET analysis. The fDET technique uses multiplex PCR to simultaneously detect multiple recombinant genes. For non-transgenic lines such as natural accessions, the absence of recombinant genes is confirmed. For transgenic lines, transgene integration sites are also analyzed in addition to fDET analysis.

Genetic materials: Clones and vectors are inspected by sequence analysis to verify their identity and integrity.

Cultured cells: Plant species are identified by DNA barcoding using the rbcL sequence to confirm cell line authenticity. When multiple lines are registered for the same species, additional genotyping analyses are performed to distinguish individual lines. In FY2025, 95 cell lines were inspected, and no sample mix-ups were detected.

(4) Distribution of bioresources

Plant bioresources are distributed to researchers at non-profit and for-profit organizations both in Japan and overseas, in compliance with applicable laws and regulations. Information on all available bioresources is publicly accessible through a plant bioresource database, the Exp-Plant Catalog, which is regularly updated to improve content and usability.

In FY2025, 1,383 plant bioresources were distributed in total: 1,118 seed lines, 159 genetic material clones, and 106 cultured cell lines. Of these, 1,175 were provided to 104 researchers in Japan, and 208 were provided to 36 researchers in 11 overseas countries. In addition, 34 original research papers using plant



図 3　2025 年度技術研修の風景（シロイヌナズナ形質転換方法の実習）
Fig. 3 A scene of FY2025 technical training course (Laboratory practice on genetic transformation of *Arabidopsis thaliana*)



図 4　一般公開講演で観察したシロイヌナズナ植物体（左：野生型、右：突然変異体）
Fig. 4 *Arabidopsis thaliana* plants observed in the public open day lecture, showing wild type (left) and mutant (right)

bioresources from our collection were published during the year.

Seeds: In FY2025, we launched the international distribution of the EMS-mutagenized M2 populations. This population consists of M2 generation seeds of *Arabidopsis thaliana* (accession Columbia) mutagenized by EMS treatment, providing a useful resource for forward genetic studies.

Genetic materials: In FY2025, 10 new genome-editing vectors were released for distribution.

Cultured cells: At the end of FY2025, we released two high-salt-tolerant callus cell lines from a mangrove plant species (Fig.1) and an azulene derivative-producing cell line from a liverwort (Fig.2) as new bioresources.

(5) Research development and other activities

To promote the use of plant bioresources, we conducted technical training programs, outreach activities, and public relations efforts.

In FY2025, we held a technical training course entitled "Training on the Construction of Experimental Systems Using *Arabidopsis thaliana*, Including Transformation Techniques" (Fig.3). Hydroponic cultivation of Arabidopsis was added as a new module. A pilot session on epigenome analysis was also held as a first step toward future advanced training.

For outreach, we worked with the Life Science Research Promotion Division and the General Administration Section to host four groups from high schools and professional training colleges. We also participated in the TRIP Summer Event 2025 aimed at research technical support specialists. At the FY2025 RIKEN Tsukuba Campus Public Open Day, the director of the Experimental Plant Division delivered a public lecture for elementary school students and older audiences, attracting about 100 visitors. A hands-on session observing Arabidopsis plants with magnifying glasses was well received (Fig.4).

Information on plant bioresources is shared through the facility website, email newsletters, the leaflet "BRC RESOURCE NEWS," and booth exhibitions at academic conferences. These efforts aim to raise awareness of available bioresources and encourage their use in plant science research.

メンバー構成
Members

- 室長 [Director of Experimental Plant Division]
  - 川勝 泰二 Taiji KAWAKATSU, Ph.D.
- 専任研究員 [Senior Research Scientist]
  - 安部 洋 Hiroshi ABE, Ph.D.
  - 井内 聖 Satoshi IUCHI, Ph.D.
  - 小林 俊弘 Toshihiro KOBAYASHI, Ph.D.
- 専門技術員 [Expert Technician]
  - 菅原 真由美 Mayumi SUGAWARA
- テクニカルスタッフII [Technical Staff II]
  - 朝倉 芳子 Yoshiko ASAKURA
  - 阿相 幸恵 Yukie ASO
  - 井内 敦子 Atsuko IUCHI
  - 石山 賀奈子 Kanako ISHIYAMA
  - 香西 麻美子 Mamiko KOUZAI
  - 齊藤 裕子 Hiroko SAITO
  - 蔀 有里 Yuri SHITOMI
  - チャン チュアンシン Chuan-Hsin CHANG, Ph.D.
  - 松田 厚子 Atsuko MATSUDA
  - 森 文江 Fumie MORI
- アシスタント [Assistant]
  - 児矢野 裕美 Hiromi KOYANO
- パートタイマー [Part-time Worker]
  - 安部 直美 Naomi ABE
  - 新井 亜矢子 Ayako ARAI
  - 木皿 由美子 Yumiko KISARA
  - 坂倉 まさみ Masami SAKAKURA
  - 園田 まゆみ Mayumi SONODA
  - 根本 久江 Hisae NEMOTO
  - 塙 裕美 Hiromi HANAWA

細胞材料開発室

Cell Engineering Division



室長　中村 和昭（理博）　Kazuaki NAKAMURA, Ph.D.

ミッションと事業概要

20 世紀初頭に確立された細胞培養技術は生命科学研究を大きく前進させ、不死化細胞株や iPS 細胞の普及は生命科学の発展に寄与してきた。当室は、細胞バンクとして科学の信頼性と革新を支えることを使命とし、文部科学省ナショナルバイオリソースプロジェクトの中核機関、ヒト ES 細胞分配機関に関する指針に基づく分配機関、さらに日本医療研究開発機構の疾患特異的 iPS 細胞バンク事業の研究開発担当者として、ヒト・動物細胞リソースの収集・整備・品質管理・保存・提供を行い、国内外の研究者の再現性の高い研究の実施に貢献することを目指している。

Cell culture technologies established in the early 20th century advanced life science research, and the spread of immortalized cell lines and iPS cells has supported further progress. As a cell bank committed to scientific reliability and innovation, our division serves as a core center of the National BioResource Project for human and animal cells by the Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology, a designated human ES cell distribution organization, and the manager of the disease-specific iPS cell bank project supported by the Japan Agency for Medical Research and Development. We collect, characterize, quality-control, preserve, and distribute cell resources to support reproducible research worldwide.

2025年度の成果

Development of Technology in FY2025

(1) バイオリソースの収集

生命科学研究の高度化に伴い、研究者が必要とする細胞材料は多様化し、複数の研究室や機関から個別に調達することは大きな負担となっている。こうした状況において、細胞バンクが多様な細胞材料を一括して受け入れ、体系的に管理することは、研究の効率化と迅速な進展に寄与する重要な役割である。近年は、医学研究の発展に伴う研究分野の細分化により、必要とされる細胞材料の種類はさらに増加しており、細胞バンク事業の重要性は一層高まっている。

当室では、寄託希望研究者からの依頼に基づき、寄託同意書を締結したうえで、ヒトがん細胞株、マウス・ラットなどの動物細胞株、疾患特異的 iPS 細胞および健康対照者 iPS 細胞など、多様な細胞材料の寄託を受け入れている。寄託された細胞材料は貴重なバイオリソースとして、適切な品質管理のもと保存・提供される。

2025 年度の収集実績（寄託実績）は、一般細胞株 49 件、iPS 細胞 115 件、臍帯血試料 461 件の合計 625 件であった。

(2) バイオリソースの保存

寄託された細胞材料を長期にわたり安定的に維持することは、細胞バンクの基盤となる業務である。2025 年度末時点で、当室が保存する寄託細胞の累積総数は 18,979 種類（臍帯血を除く）に達し、国内有数の規模を維持している。

培養細胞株は増殖可能であり、凍結保存によって長期間にわたり性質を維持したまま保存できる。当室では、この特性を活かし、寄託細胞を適切に培養した後（図 1）、品質検査を経て凍結保存し（図 2）、必要に応じて迅速に提供できる体制を整備している。これにより、研究者が必要とする細胞材料を安定的に供給できるだけでなく、研究の再現性確保にも寄与している。

2025 年度は、一般細胞 30 株、iPS 細胞 51 株の計 81 株について、即時提供可能な状態への整備を完了した。これらの整備作業は、細胞バンクとしての信頼性を支える重要な基盤である。

(3) バイオリソースの品質管理

細胞材料の品質は、研究成果の信頼性に直結する。当室では、細胞バンクとしての責務を果たすため、マイコプラズマ検査および細胞認証検査を中心とした品質管理を徹底している。

マイコプラズマは細胞培養における代表的な汚染因子であり、感染した細胞は死滅することなく増殖を続けるため、細胞の性質や遺伝子発現、さらには実験結果の再現性に深刻な影響を及ぼす。当室では、早期からマイコプラズマ検査を定型化し、感染のないことを確認した細胞のみを提供している。

また、細胞取り扱い時の取り違えや、不適切な操作による異種細胞のクロスコンタミネーションは、細胞誤認（他の細胞株との取り違え）を引き起こす重大な問題である。多くの

培養細胞は形態的に類似しており、形態観察のみでの識別は困難であるため、遺伝学的手法による認証が不可欠である。当室では、ヒト細胞については Short Tandem Repeat（STR）多型解析、動物細胞については DNA バーコーディング法を用いて細胞誤認を検出し、これらの検査を定型業務として実施している（図 3）。

(4) バイオリソースの提供

細胞バンクの最も重要な役割は、研究者が必要とする細胞材料を、品質が保証された状態で迅速に入手できる環境を提供することである。当室では、すべての細胞材料について提供同意書を締結し、ヒト細胞については国の倫理指針に基づく倫理審査委員会承認書および使用機関長の許可書を確認したうえで提供している。

2025 年度には、一般細胞 3,353 本、iPS 細胞 502 本、臍帯血試料 847 本の計 4,702 本を提供した。これらの細胞材料は、国内外の研究者による再現性の高い研究の推進に寄与し、生命科学の発展に貢献している。

提供した細胞を適切に利用いただくため、細胞培養に関する技術研修も行っている（図 4）。

(1) Collection of bioresources

With the increasing complexity and specialization of life science research, the types of cellular materials required by researchers have expanded significantly. Obtaining multiple cell resources individually from various laboratories or institutions imposes a substantial burden and can hinder the timely progress of research. In this context, a centralized cell bank plays an essential role by collecting diverse cellular materials and managing them systematically, thereby improving accessibility and supporting efficient research activities. As research fields continue to diversify, the importance of cell banking has further increased.

In 2025, our division accepted deposits of a wide range of cellular materials based on requests from depositing researchers and following the conclusion of deposit agreements. These included human cancer cell lines, animal cell lines derived from species such as mouse and rat, as well as disease-specific and healthy-control iPS cells. All deposited materials are maintained as shared biological resources under appropriate quality control.

The total number of deposits received in FY2025 was 625, consisting of 49 general cell lines, 115 iPS cell lines, and 461 cord blood samples.

(2) Preservation of bioresources

Longterm preservation of deposited cellular materials is a core function of a cell bank. As of the end of FY2025, the cumulative number of deposited cell types preserved in our division reached 18,979 (excluding cord blood), representing one of the largest collections in Japan.

Cultured cell lines have the advantage of being expandable and amenable to longterm cryopreservation while maintaining their characteristics. Leveraging these properties, our division cultures deposited cells (Fig.1), performs quality assessments, and cryopreserves (Fig. 2) them to ensure that they remain available for immediate distribution when needed. This system not only enables stable supply but also contributes to the reproducibility of scientific research.

In FY2025, a total of 81 cell lines—30 general cell lines and 51 iPS cell lines—were processed and prepared for immediate distribution. These activities strengthen the foundation of our cell banking operations and ensure reliable access to highquality cellular materials.

(3) Quality control of bioresources

The reliability of research outcomes depends heavily on the quality of the cellular materials used. To fulfill our responsibility



図 1　寄託細胞の培養の様子。寄託された細胞は、受入れ培養・大量培養を行う。

Fig. 1 A view of the culture of deposited cells. The deposited cells undergo initial culture and large-scale culture.



図 2　液体窒素での保存の様子。細胞は液体窒素で長期の保存が可能である。

Fig. 2 A view of cells being stored in liquid nitrogen. Cells can be stored long-term in liquid nitrogen.

as a cell bank, our division implements rigorous quality control measures, focusing on mycoplasma testing and cell authentication.

Mycoplasma is a major contaminant in cell culture. Infected cells often continue to proliferate without obvious morphological changes, yet the contamination can significantly affect cellular properties, gene expression, and ultimately the reproducibility of experimental results. Our division has long incorporated routine mycoplasma testing and distributes only those cell lines confirmed to be free of contamination.

In addition, misidentification and cross-contamination of cell lines remain critical issues in cell culture. Many cultured cells exhibit similar morphology, making visual identification unreliable. To prevent the use of misidentified cell lines, genetic authentication is essential. Our division routinely performs Short Tandem Repeat (STR) profiling for human cells and DNA barcoding for animal cells to detect misidentification and ensure the authenticity of deposited materials. (Fig.3)

These quality control measures form a central pillar of our mission to support reliable and reproducible scientific research.

(4) Distribution of bioresources

The primary role of a cell bank is to provide researchers with rapid access to high-quality cellular materials. Our division distributes cell resources only after confirming the necessary documentation, including distribution agreements for all materials and, for human-derived cells subject to national ethical guidelines, approval documents from institutional ethics committees and authorization from the heads of user institutions.

In FY2025, our division distributed a total of 4,702 cell materials: 3,353 general cell lines, 502 iPS cell lines, and 847 cord blood samples. These resources supported a wide range of research activities in Japan and abroad and contributed to the advancement of reproducible and reliable life science research. To ensure that the cells we provide are used appropriately, we also offer technical training on cell culture. (Fig. 4)

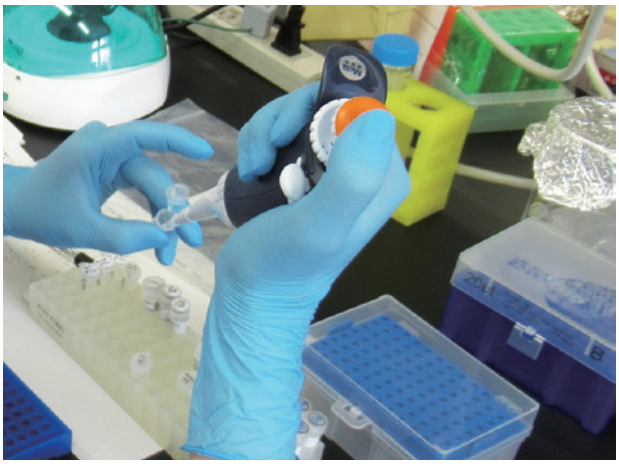


図 3　動物種同定試験。寄託された細胞は寄託情報に基づき、動物種を同定し、誤認がないことを確認している。

Fig. 3 Animal Species Identification Test. The animal species of deposited cells is identified based on the deposit information to ensure there are no misidentifications.



図 4　ヒト iPS 細胞の培養に関する技術研修の様子。iPS 細胞培養の基本技術に関する技術講習を行っている。

Fig. 4 A scene from a technical training session on human iPS cell culture. The session covers the basic techniques of iPS cell culture.

メンバー構成
Members

● 室長 [Director of Cell Engineering Division]
中村 和昭 Kazuaki NAKAMURA, Ph.D.

● 専任研究員 [Senior Research Scientist]
寛山 隆 Takashi HIROYAMA, Ph.D.

● 研究員 [Research Scientist]
笠井 文生 Fumio KASAI, Ph.D.

● 上級技師 [Senior Technical Scientist]
野口 道也 Michiya NOGUCHI, Ph.D.

● 専任技師 [Senior Technical Scientist]
藤岡 剛 Tsuyoshi FUJIOKA

● 開発技師 [Technical Scientist]
羽鳥 真功 Masanori HATORI, Ph.D.

● テクニカルスタッフII [Technical Staff II]
栗田 香苗 Kanae KURITA
磯村 尚子 Naoko ISOMURA
水越 久美子 Kumiko MIZUKOSHI
小川 早英里 Saeri OGAWA
栂谷内 純恵 Sumie TOGAYACHI
本庄 恵 Megumi HONJO

● アシスタント [Assistant]
宮本 由香利 Yukari MIYAMOTO

● 派遣職員 [Agency Staff]
西條 薫 Kaoru SAIJO
宍戸 牧子 Makiko SHISHIDO
岡田 奈緒子 Naoko OKADA
福田 龍樹 Tatsuki FUKUDA
田中 万理奈 Marina TANAKA
高井 則子 Noriko TAKAI
原 正子 Masako HARA
杉山 孝子 Takako SUGIYAMA
小野木 成美 Narumi ONOGI
井上 循 Jun INOUE
石井 浩志 Hiroshi ISHII
近藤 公彦 Kimihiko KONDO
森島 綾子 Ayako MORISHIMA

● パートタイマー [Part-time Worker]
江原 多賀子 Takako EHARA
村田 晴美 Harumi MURATA
山口 直美 Naomi YAMAGUCHI
太田 文代 Fumiyo OHTA

遺伝子材料開発室

Gene Engineering Division



室長　三輪 佳宏（理博）　Yoshihiro MIWA, Ph.D.

ミッションと事業概要

近年の塩基配列決定能力の向上により、ヒトおよび種々の生物の膨大な遺伝情報が蓄積され、最先端でかつ即利用可能な遺伝子材料が必要とされている。

当室では、ヒト、動物、微生物およびウイルス由来の重要かつ有用な遺伝子材料を国内外の研究コミュニティから収集し、厳格な品質管理を行い、実験の再現性を確保した信頼性の高い研究材料として国内外に提供している。また、バイオリソースの利活用促進のための研究開発を実施している。これらの活動により、基礎から応用までの幅広い分野の研究開発の発展に貢献することを目指している。

Enormous amount of genome information of human and various organisms has been accumulating due to the dramatic improvement of the DNA sequencing ability, therefore, cutting-edge and ready-to-use genetic materials are essential in life-science researches.

The Division collects important and valuable genetic materials of human, animal, microbe and virus origins developed in Japanese and international scientific community, and distributes them to scientists after rigorous quality control in order to ensure the reproducibility of experimental results. We also carry out research and development that facilitates the use and application of bioresources. By these activities, we aim to contribute to the innovative research as well as the basic academic research.

2025年度の成果

Development of Technology in FY2025

(1) バイオリソースの収集

今年度は、48 件の寄託により新たに 303 株を収集した。

特筆すべきは、藤田医科大学の佐谷秀行先生のグループによる piggyBac® システムのコントロールベクター 3 株の収集であり、寄託後すぐに提供に結びついた（図 1）。また、北里大学の松田知己先生のグループが開発した N- カドヘリンの細胞間相互作用を観察するための蛍光インジケータは、これまで困難だった細胞間の相互作用の時間変化をイメージングするための基盤技術となり得る（図 2）。また、発光の ON-OFF を人為的に行うことが可能な、ポジティブ光スイッチング型赤色蛍光タンパク質「rsZACRO」を大阪大学産業科学研究所の永井健治先生らのグループから寄託された（図 3）。東北大学の福田光則先生のグループから新たに 69 株の発現ベクターが寄託された。これにより、マウスでは 63 種類の Rab のうち 60 種類で野生型の発現ベクターが整備され、このうち 58 種類では常時活性型ならびに常時不活性化型の発現ベクターも整備された。またヒトでは 68 種類の RAB のうち 62 種類の野生型発現ベクターが整備され、霊長類に特異的な 4 種類の RAB のうち RAB6C、RAB40A、RAB40AL は常時活性型ならびに常時不活性化型の発現ベクターも整備された。

さらに、NBRP「ヒト病原ウイルス」代表機関である長崎大学と連携して、最新インフルエンザウイルス A 株の遺伝子のリソース整備を開始した。

文科省科研費学術変革領域研究 A「マルチモダル ECM」の基幹研究室の一つとして、領域の研究活動を活発化するための遺伝子バンクとしてのサービスでは、ヒトは 44 のうち 35 遺伝子、マウスは 44 すべての遺伝子のコラーゲン完全長 cDNA を整備した。

(2) バイオリソースの保存

プラスミド DNA を保有する大腸菌や酵母など組換え生物は− 80°Cの超低温フリーザーで凍結保存している。超低温フリーザーには有線電話で自動発信する通報システムを備え、機器故障や停電時の対応を可能としている。

(3) バイオリソースの品質管理

リソースの品質管理において、ハイスループットシークエンシングによる全長配列決定を標準検査として運用している。本年度は、確定した完全配列に基づき、新たに 761 リソースのプラスミドマップおよび SnapGene ファイルを公開した。この中には、新たに研究機関への提供が可能になった

136 の piggyBac® リソースが含まれている。

また、これまで全長テキストデータのみの公開であった 659 リソースについても、マップおよび SnapGene ファイルを拡充した。これにより、Web 上でのマップ掲載数は累計 1,973 リソースに達し、提供情報の拡充によりユーザーへの支援体制を強化した。

さらに、次年度より開始予定の高品質・大容量プラスミド提供サービス「Ready to Use Maxi」の運用開始に向けた準備を進めた。

(4) バイオリソースの提供

今年度は、国内外の 423 機関に対して、合計で 978 株の提供を行った。ゲノムネットワークプロジェクトヒト cDNA クローン等の網羅的リソースの提供依頼が最も多く、昨年度と比べて依頼数が 1.3 倍に増加し全体の 2 割以上を占めた。次いでイメージングツールの提供が多かった。

完全配列確定済リソースの増加、Microsoft Forms を利用した Quick Order（図 4）を 6 月から開始したことなどにより、国内については依頼受付から 1 週間以内に発送した株数が昨年度と比べ 2.1 倍に増加した。

国外に対しては、米国の関税政策や国際情勢など、国際輸送手続きの変化に対応しつつ提供全体の 2 割程度の株数を提供した。なかでも酵母人工染色体上にヒトゲノム遺伝子を組み込んだ CEPH MEGA YAC clone 80 株を提供した。

(5) 研究開発やその他の活動

リソース事業ではリソースの収集とリソースを用いた成果に係る文献の探索が欠かせない。そこで、作業の効率化のために、文献を自動探索する人工知能（AI）を利用したシステムの開発に取り組んでいる。リソースの収集では、その論文中で遺伝子リソースを開発している「リソース開発文献」を探索する第 1 段階と、続いて寄託願いの対象にする有用なリサーチツールが含まれるかの判定の 2 段階を実施している。前者の遺伝子リソースを開発した文献を探索する AI は 2022 年度に開発し運用試験を経て 2023 年度から本格的に運用している。人が論文を読んで判定していた 2018 から 2021 年度の平均（約 2,000 報）と比べ、6 倍以上の約 13,700 報の論文を毎年度判定できるようになった。第 1 段階の判定を AI が担うことで、人的リソースを第 2 段階の判定に集中して割くことができるようになった。人力での判定では論文数を絞らざるを得ず国内の研究者の論文に限定していたが、AI の導入で海外の研究者にも拡張できるようになり、これまでほとんどなかった海外からの寄託が増え始めた。一方で、返信を頂く割合は 12% から 22% にとどまっている。当センターより寄託のお願いを受取られた方は、リソースの寄託についてご検討いただきたい。

提供したリソースを使用して得た実験結果をもとに執筆されたリソース活用文献の探索システムについては、探索精度の向上を目指してさらなる開発を進めているが、もれなく論文を判定するためには大量の論文を対象にする必要があり、判定に負荷が掛かる。そこで、RAG の構造を応用したキーワード検索（Retrieval）フェーズと LLM 判定（Generation）フェーズからなる 2 段階フィルタリングで論文を分類することを計画し分類パイプラインの構築を試みている。

(1) Collection of bioresources

We collected 303 new strains through 48 depositions.

Some of highlights of deposited bioresources in this fiscal year are as follows: Three control vectors for the piggyBac® system from the group led by Dr. Hideyuki Saya at Fujita Health University were distributed soon after deposition (Fig.1).

A fluorescent indicator developed by the group of Dr. Tomoki Matsuda at Kitasato University for observing N-cadherin-mediated cell-cell interactions could serve as a foundational technology for imaging the temporal changes in cell-cell interactions, which has been difficult to achieve until now (Fig.2).

The “rsZACRO,” a positive light-switchable red fluorescent protein capable of artificially turning its luminescence on and off, was deposited by the group led by Professor Takeharu Nagai at the Institute of Scientific and Industrial Research, Osaka University (Fig.3).

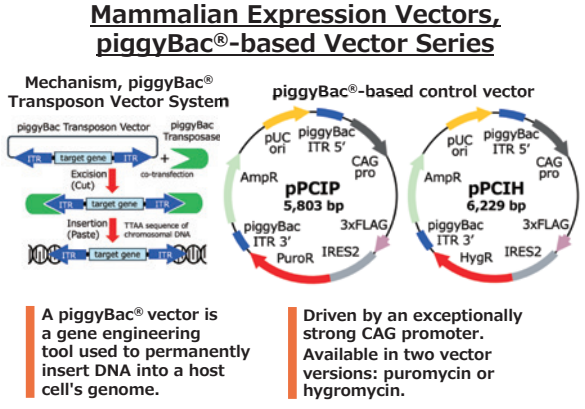


図 1　PiggyBac® ベクターベースのコントロールベクター
Fig. 1 PiggyBac®vector-based control vector

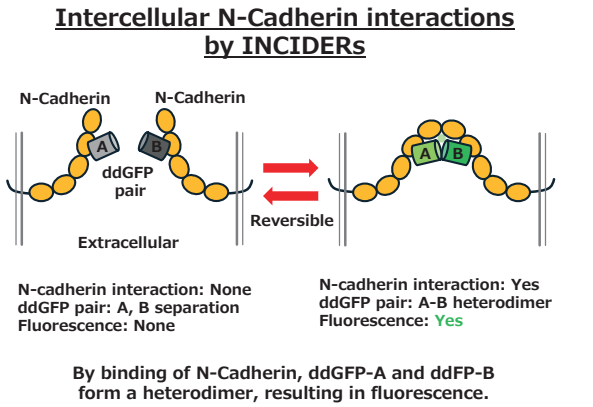


図 2　INCIDER による N- カドヘリンの相互作用イメージ
Fig. 2 Intercellular N-Cadherin interactions by INCIDERs.

With the deposition of 69 new plasmids were deposited by the group led by Professor Mitsunori Fukuda at Tohoku University. As a result, wild-type expression vectors were assembled for 60 of the 63 Rab genes in mice, and constitutively active and constitutively inactive expression vectors were also assembled for 58 of these genes. In humans, wild-type expression vectors were assembled for 62 of the 68 RAB genes. In addition, among the four primate-specific RAB genes, constitutively active and constitutively inactive expression vectors were also assembled for RAB6C, RAB40A, and RAB40AL. Furthermore, in collaboration with Nagasaki University, the NBRP core facility of Human Pathogenic Viruses, the development of a resource for influenza A virus gene was initiated.

As one of the core laboratories supporting the research of "Multimodal ECM" (Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas A, MEXT), we served as a gene bank to support and promote research activities within the project, and collected and organized full-length collagen cDNA clones, including 35 out of 44 human genes and 44 out of 45 mouse genes, to support and invigorate research activities within the project.

(2) Preservation of bioresources

Recombinant organisms such as Escherichia coli and Saccharomyces cerevisiae harboring plasmid DNA are stored in ultra-low temperature freezers at -80°C. The freezer is equipped with an alarm system that automatically places calls via wired telephone, enabling prompt response in the event of equipment failure or power failure.

(3) Quality control of bioresources

In quality control of resources, full-length sequencing using high-throughput sequencing is operated as a standard inspection. This fiscal year, based on the finalized complete sequences, plasmid maps and SnapGene files for 761 new resources were released. These include 136 piggyBac® resources that have newly become available for provision to research institutions.

Furthermore, for 659 resources that were previously released only as text data, similar files were expanded. As a result, the total number of map listings on the web reached 1,973 resources, expanding the provided information and strengthening the support system for users.

Additionally, we have prepared for the launch of the "Ready to Use Maxi" service, a new high-quality, large-scale plasmid supply service scheduled for the next fiscal year.

(4) Distribution of bioresources

In this fiscal year, a total of 978 clones were distributed to 423 organizations in Japan and overseas. Requests for comprehensive resources, such as the Genome Network Project human cDNA clones, were the most frequent; compared with the previous fiscal year, the number of requests increased by 1.3-fold and accounted for more than 20% of all requests. The second most requested category was imaging tools.

For domestic shipments, the number of clones shipped within one week of request acceptance increased by 2.1-fold compared with the previous fiscal year. This improvement was driven by factors such as the expansion of fully sequence-verified resources and the launch of the "Quick Order" system using Microsoft Forms in June (Fig.4).

For overseas distribution, approximately 20% of the total clones were provided while adapting to changes in international shipping procedures, including U.S. tariff policies and the global situation. Notably, 80 CEPH MEGA YAC clones—human genomic genes integrated into yeast artificial chromosomes—were supplied.

(5) Research development and other activities

In resource-related activities, both the collection of resources and the identification of publications describing their use are

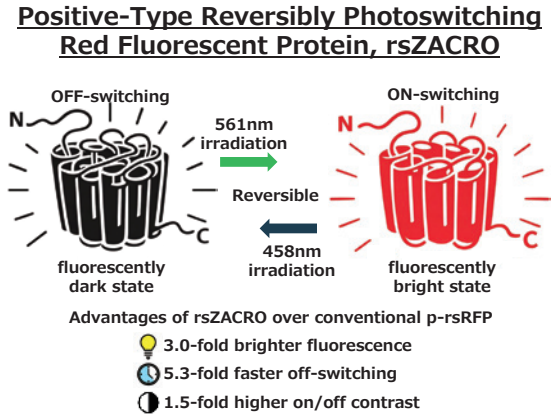


図 3　rsZACRO の ON/OFF スイッチング発光イメージ
Fig. 3 ON/OFF switching emission image of rsZACRO

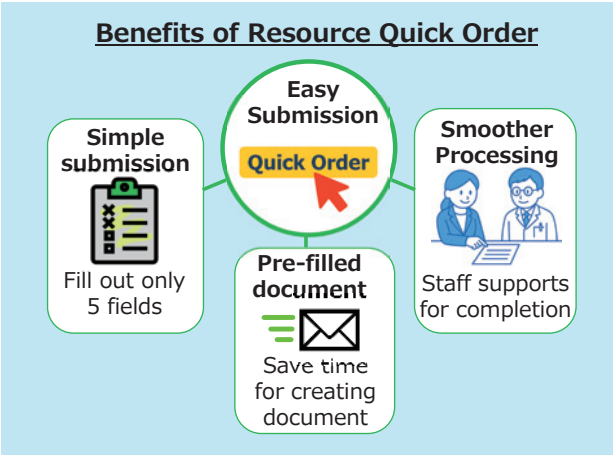


図 4　クイックオーダーのイメージ
Fig. 4 Resource quick order image

essential. To improve efficiency, we have been developing an artificial intelligence (AI)-based system for automated literature retrieval.

For resource collection, a two-step evaluation process is employed: first, determining whether a publication reports the development of genetic resources; and second, assessing whether it includes useful research tools suitable for asking deposition. An AI system for identifying publications that report the development of genetic resources was developed in FY2022 and, following operational testing, has been in full-scale use since FY2023. Compared with the average number (ca. 2,000) of publications manually evaluated during FY2018–FY2021, the system has enabled the evaluation of more than 6.6 times (ca. 13,700) as many publications annually. By assigning the first step to AI, human resources can now be allocated more effectively to the second step.

Previously, manual evaluation required limiting the number of publications, primarily to those authored by researchers in Japan. The introduction of AI has made it possible to expand the scope to include publications from overseas researchers, resulting in an increase in resource depositions from abroad, which had previously been rare. However, the response rate to deposition requests remains between 12% and 22%. Researchers who receive a request from our center are encouraged to consider depositing their resources.

We are also developing a system to identify publications describing research outcomes obtained using the resources we have distributed. While efforts are ongoing to improve retrieval accuracy, comprehensive coverage requires processing a large volume of publications, resulting in a substantial computational burden. To address this, we are constructing a classification pipeline based on a two-stage filtering approach inspired by the RAG (Retrieval-Augmented Generation) framework, consisting of a keyword-based retrieval phase and an LLM-based classification phase.

メンバー構成
Members

- 室長 [Director of Gene Engineering Division]
  三輪 佳宏 Yoshihiro MIWA, Ph.D.
- 専任研究員 [Senior Research Scientist]
  村田 武英 Takehide MURATA, Ph.D.
- 研究員 [Research Scientist]
  飯田 哲史 Tetsushi IIDA, Ph.D.
- 開発研究員 [Research & Development Scientist]
  野﨑 晋五 Shingo NOZAKI, Ph. D.
  大波 純一 Jun-ichi ONAMI, Ph. D.
- 技師 [Technical Scientist]
  岸川 昭太郎 Shotaro KISHIKAWA, Ph.D.
- テクニカルスタッフII [Technical Staff II]
  久次米 夕佳里 Yukari KUJIME
  中村 宣篤 Nobuatsu NAKAMURA, Ph.D.
  中島 謙一 Kenichi NAKASHIMA, Ph.D.
  酒寄 めぐみ Megumi SAKAYORI
  笹沼 俊一 Shunichi SASANUMA
  吉田 和人 Kazuhito YOSHIDA
  木嶋 順子 Junko KIJIMA, Ph.D.
- アシスタント [Assistant]
  上野 和子 Kazuko UENO
- 客員研究員 [Visiting Scientist]
  潘 建治 Jianzhi PAN, Ph.D.
- パートタイマー [Part-time Worker]
  古谷 昭江 Terue FURUYA
  平栗 麻奈美 Manami HIRAGURI
  木村 明子 Akiko KIMURA
  中島 緑 Midori NAKAJIMA
  山村 美貴 Miki YAMAMURA
  菅谷 貴子 Takako SUGAYA
  鳥越 香子 Kyoko TORIGOE
  畑 美晴 Miharu HATA
  服部 ひとみ Hitomi HATTORI
  勝谷 敦子 Atsuko KATSUYA
  村瀬 良子 Ryoko MURASE
  髙原 祐子 Yuko TAKAHARA
  眞野 かをる Kaworu SHINNO
  山田 啓子 Keiko YAMADA
  荘原 いず美 Izumi SOHARA

微生物材料開発室

Microbe Division (RIKEN BRC JCM)



室長　大熊 盛也（農博）　Moriya OHKUMA, Ph.D.

ミッションと事業概要

微生物は、種多様性に基づく多機能性が特徴であり、社会要請の高い環境や健康の分野をはじめとした基礎から応用までの幅広い分野の研究に用いられている。当室は、学術・研究の発展に貢献することをめざし、細菌・アーキア・真菌の多様な微生物種のバイオリソース整備事業を推進し、広く国内外から JCM（Japan Collection of Microorganisms）として認知されている。新規微生物リソースの開発やそれらの系統分類・同定、共生微生物・難培養微生物のリソース化などの先導的な研究開発も行っている。

Microorganisms are characterized by their multifunctional properties based on the species diversity, and they are used in a wide variety of research including highly demanded environment and health science. Aiming to contribute to the advancement of related research, the Microbe Division, recognized widely as JCM (Japan Collection of Microorganisms), has been collecting, preserving, quality controlling, and distributing microbial cultures of diverse species of bacteria, archaea, and fungi. JCM also conducts pioneering research and development such as exploitation of new microbial resources including symbionts and fastidious microorganisms, and their identification, classification, and characterization.

2025年度の成果

Development of Technology in FY2025

(1) バイオリソースの収集

国内外の研究者から毎年数多くの微生物株を収集している。2025 年度は、14 カ国から 734 株を収集し、収集数の約 7 割が国外からであった。

微生物の大きな特徴のひとつは、種多様性に基づく多機能性であり、多種多様な微生物種の整備が求められている。JCM は、微生物の種の標準となる「基準株」の保有について、細菌・アーキア・酵母で世界最高水準の地位を築いている。基準株は性状やゲノム情報が解析された付加価値の高い優れたリソースで、実際に提供に占める割合も高い。微生物の多様性の域外保全という点からも、JCM は重要な役割を果たしている。

(2) バイオリソースの保存

収集した微生物株は原則、凍結法、凍結乾燥法などの 2 種類の保存法を用いて安全確実な保存を実施している。凍結法では、液体窒素タンクでの長期安定の保存（図 1、図 2）と超低温フリーザーでの保存を実施している。後者は、凍結乾燥法での提供用標品の補充を作成する際に用いている。ほとんどの微生物株は、遠隔地である理研播磨キャンパスに危険分散をしている。年度末には微生物株の保存数は 34,293 株となった。

(3) バイオリソースの品質管理

収集した微生物株は、生育・混入・同一性について徹底した受入検査を実施している。2025 年度の受入検査では 11% を超える寄託株で株の取り違えを含む問題が見出され、これらの 4 割超を是正して正当な株のみを登録・保存した。微生物株の保存時にも同様の検査を実施している。これにより、正確性や再現性など微生物リソースを利用する研究の質的向上と信頼性に貢献を果たしている。

品質管理の効率化・高度化のために、同種異株の判定が可能で迅速・簡便な検索法である MALDI-TOF MS 質量分析の適用をめざしている。そのために必要な微生物株のレファレンスライブラリーデータの拡充に取り組んでいる。

(4) バイオリソースの提供

2025 年度は 4,983 株を提供した。24% は 30 カ国の国外への提供で、27% は営利機関への提供であった。利用者により、インパクトの高い最先端の研究を含む 530 報以上の原著論文が発表された。また、140 以上の公開特許で利用され、課題解決やイノベーション創出にも貢献した。利用者の便をはかるため、依頼に応じて微生物株を培養して提供することや、理研 BRC 遺伝子材料開発室と共同で微生物ゲノム DNA の提供をしている。

JCM では、微生物株の基本的情報や系統分類、特性、ゲノム、関連論文などの情報をオンラインカタログデータベースとして公開し、常時更新をしている。様々な公的データベースの関連情報へのリンクも充実させている。また、JCM 株

の一覧リストを検索・ソート・ダウンロード可能に公開し、微生物株の検索を容易にしている。JCM 株のゲノム配列情報に対する塩基配列の相同性検索（BLAST 検索）も JCM のウェブサイトから可能としている。これらは、リソースの利用を促進するばかりでなく、リソースを利用する研究の質的向上にもつながる。

JCM では、これまでに 10,000 株以上について、平板培地上に生育したコロニーや顕微鏡写真の画像をカタログデータとして掲載している。これにより、利用者が微生物株を培養する際に形態を比較することが可能になっている。

(5) 研究開発やその他の活動

整備リソースの付加価値向上のため、これまでに JCM 株のゲノム情報の整備を進めてきた。解読ゲノム配列情報は公的データベースから公開して微生物株のカタログデータとして掲載している。2025 年度は、NBRP「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」の支援を受けて、ゲノム情報未解読の原核生物基準株のゲノム情報整備の課題に着手した。

微生物リソースの利活用促進のために、ゲノム情報に基づく有用機能の解析も進めている。微生物による二酸化炭素固定は、地球レベルでの炭素循環の理解や低炭素社会の実現のために期待される機能である。JCM 株のゲノム配列を検索して、関連遺伝子を保有する多数の微生物株を確認した。カルビン・ベンソン回路と呼ばれる二酸化炭素固定反応については、関連遺伝子セットを有する約 300 株を見出したが、このうちの約半数はこれまでこの機能の報告がないものであった。逆に、二酸化炭素固定能があると報告されているいくつかの株では、関連遺伝子が見つからず、未知の炭酸固定経路を持つ可能性が示唆された。

脂質生産性の *Rhodotorula* 属の酵母では、ゲノム配列の比較解析から、実験室での培養過程で生じたとみられる染色体領域の転座などのゲノム構造変異がいくつかの保存株に認められ、ゲノムレベルでの品質管理の重要性が示唆された。

微生物リソースの拡充や正確な分類情報の整備のための研究開発も実施してきた。2025 年度の成果例として、シロアリ腸内からの分離株の新種記載に合わせて、*Lactococcus* 属を再編して *Pseudolactococcus* 属を提唱し、*Dysgonomonas* 属においても *Viscerimonas*（図 3）と *Indolivaga* の 2 新属を提唱して再編し、それぞれ国際的な正式名称として承認された。その他、ヒト腸内細菌や温泉環境のアーキア、植物体や地衣類からの真菌分離株などで新属を含む新種を記載してリソースに整備した。

広報やアウトリーチ活動にも取り組み、メールニュース等での微生物リソース紹介記事の発信や、複数の学会等で展示を実施して利用者とのコミュニケーションに努めている。微生物リソースの利用促進のために、技術研修も毎年実施している（図 4）。

(1) Collection of bioresources

Every year, JCM has received a large number of microbial strains deposited by domestic and foreign researchers. More than 730 deposited strains from 14 countries were registered in FY2025, and about 70% of the depositions were from overseas.

One of the key characteristics of microorganisms is their species diversity and their functional versatility, and therefore there is a need to establish a collection of diverse microbial species. JCM holds the world's leading collection of “type strains”, representative strains for microbial “species”, of bacteria, archaea, and yeasts. Type strains are highly valuable resources whose physiological properties and genome information are well characterized, and actually account for a significant proportion of distributed strains. JCM also plays a pivotal role with respect to the *ex situ* conservation of microbial diversity.



図 1　2025 年度に更新した、液体窒素を貯蔵して液体窒素保存容器へ供給を行うコールドエバポレータ設備
Fig. 1 Cold Evaporator system, updated in FY2025, for storing liquid nitrogen and supplying it to liquid nitrogen storage tanks.

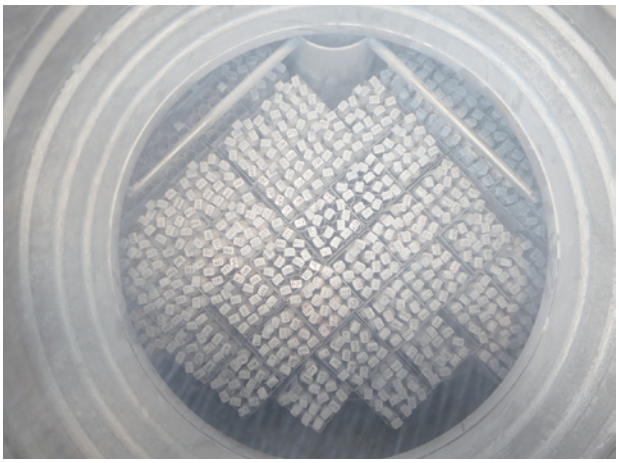


図 2　液体窒素保存容器中での微生物株の凍結保存
Fig. 2 Freezing preservation of microbial strains in the liquid nitrogen tank

(2) Preservation of bioresources

The collected microbial strains are usually stored safely and reliably using two kinds of preservation methods: freezing and lyophilization. In the freezing method, long-term stable preservation in liquid nitrogen tanks (Fig. 1 and Fig. 2) and preservation in ultra-low temperature freezers are conducted. The latter is used to create a replenishment of the lyophilized strains for distributions. Most of the strains are backed up at the RIKEN Harima Campus, a remote location, to ensure their safety. At the end of FY2025, the number of JCM holdings exceeded 34,200 strains.

(3) Quality control of bioresources

JCM conducts thorough acceptance tests of collected microbial strains to verify their growth, contamination, and authenticity. In FY2025, over 11% of the deposited strains were found to be unacceptable. JCM corrected about 40% of them, and only valid strains were registered and preserved. Similar quality tests are conducted at the time of preservation of strains. These quality controls contribute to the accuracy and reproducibility of research using JCM strains.

To improve the efficiency of the quality control, JCM tries to introduce a rapid and simple identification method using MALDI-TOF MS spectrometry, which also enable to distinguish different strains in the same species. To this end, JCM is working to expand the reference data library of microbial strains.

(4) Distribution of bioresources

In FY2025, over 4,900 strains were distributed from JCM, 24% of which went to 30 countries overseas, and 27% to for-profit organizations. More than 530 original scientific papers including those of highly impacted cutting-edge research were published by users. JCM strains are also used in over 140 published patents, contributing to the solution of problems and the creation of innovations. For the convenience of users, JCM provides microbial strains in culture upon request and microbial genomic DNA in collaboration with the RIKEN BRC Gene Bank.

JCM exhibits taxonomy, physiological characteristics, genome information, related publications and some basic information through the on-line catalogue database, which are continuously updated. Links to relevant information in various public databases are also provided. Furthermore, JCM publicizes strain lists for searching, sorting, downloading, thereby facilitating the access for microbial strains. The JCM website also allows users to perform sequence identity searches (BLAST searches) against the genomic sequence data of JCM strains. These features not only promote the use of JCM strains but also contribute to enhance the research utilizing them.

To date, JCM exhibited images of the colonies grown on plate media and micrographs of more than 10,000 strains in their catalog data. This allows users to compare the morphology of microbial strains when culturing them.

(5) Research and development and other activities

To enhance the value of the holdings, JCM has been working on genome sequencing of the strains. The genome sequence data is made publicly available through public databases and shown as catalog data of the strains. In FY2025, with support from the NBRP “value creation technology and data development subprogram”, JCM began genome sequencing of prokaryotic type strains whose genomes have not yet been examined.

To promote the utilization of microbial resources, JCM is also analyzing useful functions based on genome information. Carbon fixation by microorganisms is a function important for understanding the global carbon cycle and realizing a carbon dioxide low-emission society. By searching the genome

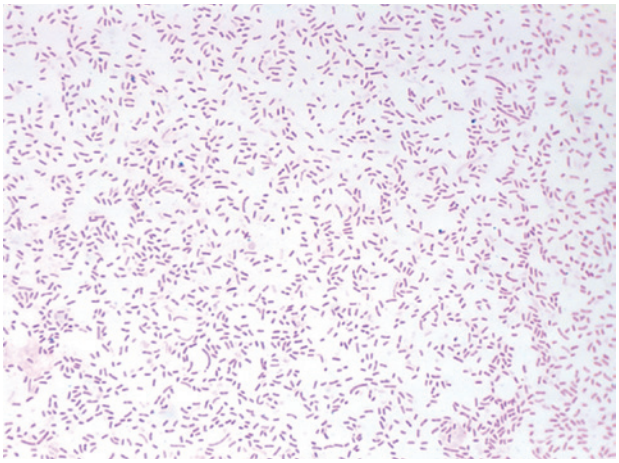


図 3　新属新種として記載した *Viscerimonas tarda* JCM 35195^{T} のグラム染色顕微鏡像

Fig. 3 Gram-staining microscopic image of a newly described genus and species, *Viscerimonas tarda* JCM 35195^{T}

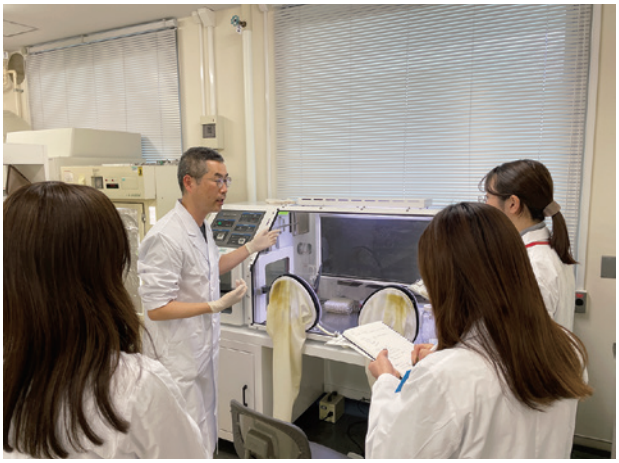


図 4　腸内細菌の分離・培養・分類に関する技術研修の様子

Fig. 4 A scene from the technical training course on the isolation, cultivation, and classification of gut bacteria.

sequences of JCM strains, we found numerous strains that possess relevant genes. Regarding the fixation reaction known as the Calvin-Benson cycle, we found approximately 300 strains possessing the relevant gene set; however, approximately half of these had not previously been reported for this function. Conversely, in several strains previously reported to have carbon fixation ability, no relevant genes were detected in their genome, suggesting the possibility that they possess unknown carbon fixation pathways.

In oleaginous *Rhodotorula* yeasts, comparative analyses revealed genome structural variations in several strains, such as chromosomal translocations, likely arising during laboratory cultivation, suggesting the importance of quality control at the genome sequence level.

JCM has also conducted research and development to expand microbial resources and establish accurate taxonomic information. As an example of achievements in FY2025, in conjunction with the description of some new species isolated from termite guts, we reorganized the genus *Lactococcus* and proposed the genus *Pseudolactococcus*, and similarly, reorganized the genus *Dysgonomonas* and proposed two new genera, *Viscerimonas* (Fig. 3) and *Indolivaga*, with each being approved internationally as a valid name. In addition, we have described new species including new genera for isolates of human gut bacteria, archaea from hot spring, and fungi from plants and lichens, and incorporated them into JCM collection. JCM is also engaged in public relations and outreach activities, to communicate with users by introducing microbial resources in mail news and through exhibitions at various academic conferences. To promote the use of microbial resources, JCM opens technical training courses every year (Fig. 4).

メンバー構成
Members

- 室長 [Director of Microbe Division]
  - 大熊 盛也 Moriya OHKUMA, Ph.D.
- 専任研究員 [Senior Research Scientist]
  - 飯田 敏也 Toshiya IIDA, Ph.D.
  - 坂本 光央 Mitsuo SAKAMOTO, Ph.D.
  - 飯野 隆夫 Takao IINO, Ph.D.
- 上級研究員 [Senior Research Scientist]
  - 加藤 真悟 Shingo KATO, Ph.D.
- 研究員 [Research Scientist]
  - 遠藤 力也 Rikiya ENDOH, Ph.D.
  - 橋本 陽 Akira HASHIMOTO, Ph.D.
- 特別研究員 [Postdoctoral Researcher]
  - 久富 敦 Atsushi HISATOMI, Ph.D.
  - 西原 亜理沙 Arisa NISHIHARA, Ph.D.
- 基礎科学特別研究員 [Special Postdoctoral Researcher]
  - 酒井 博之 Hiroyuki SAKAI, Ph.D.
  - 髙橋 一樹 Kazuki TAKAHASHI, Ph.D.
- 学振特別研究員 PD [JSPS PD Researcher]
  - 塚本 雄也 Yuya TSUKAMOTO, Ph.D.
  - 西村 大樹 Hiroki NISHIMURA, Ph.D.
- 専門技術員 [Expert Technician]
  - 押田 祐美 Yumi OSHIDA
- テクニカルスタッフ I [Technical Staff I]
  - 清水 美智留 Michiru SHIMIZU, Ph.D.
- テクニカルスタッフ II [Technical Staff II]
  - 鈴 幸二 Koji SUZU
  - 森下 羊子 Youko MORISHITA
- アシスタント [Assistant]
  - 岩城 志乃 Shino IWAKI
- 派遣職員 [Agency Staff]
  - 天野 矢寸夫 Yasuo AMANO
  - 古川 真衣 Mai FURUKAWA
  - 篠塚 茂子 Shigeko SHINOZUKA
  - 中原 圭子 Keiko NAKAHARA
  - 山崎 光正 Mitsumasa YAMAZAKI
  - 面川 博美 Hiromi OMOKAWA
  - 松井 由佳 Yuka MATSUI
  - 荒木 昌江 Masae ARAKI
- パートタイマー [Part-time Worker]
  - 矢内 直美 Naomi YANAI
  - 櫻井 直美 Naomi SAKURAI
  - 堀山 麻衣子 Maiko HORIYAMA
  - 佐藤 渚 Nagisa SATO
  - 参輪 佳奈 Kana MIWA
  - 分領 和歌子 Wakako BUNRYO
  - 伊藤 隆 Takashi ITOH, Ph.D.
  - 小船 友子 Tomoko KOBUNE
  - 水野 美咲 Misaki MIZUNO
  - 大和田 貴子 Takako OWADA
  - 野田 なほみ Naomi NODA
  - 三上 圭汰 Keita MIKAMI
  - 集田 雅美 Masami SYUTA
- 研修生 [Student Trainee]
  - 松尾 恵里子 Eriko MATSUO
  - 野村 結南 Yuina NOMURA
  - 栗原 在 Aru KURIHARA
  - 末岡 優里 Yuri SUEOKA
  - 吉岡 美歌 Mika YOSHIOKA

統合情報開発室

Integrated Bioresource Information Division



室長　桝屋 啓志（理博）　Hiroshi MASUYA, Ph.D.

ミッションと事業概要

「情報なくしてリソースなし」と表されるように、情報はバイオリソースが科学の基盤として機能するために不可欠な要素である。統合情報開発室では、バイオリソースが研究開発や産業において広く効果的に利活用されるために、下記の3つのプログラムを通して、ゲノムや表現型等のリソースの特性情報を統合し、ウェブサイト等を通して世界に発信する。
(1) バイオリソース関連情報データ統合・国際標準化・横断検索等の研究開発
(2) バイオリソースと情報のコミュニケーションツールとしてのウェブサイトの拡充
(3) 大規模データ解析技術及びデータ可視化技術等の研究開発
Information is an essential element of bioresources as the basic infrastructure for promotion of life science. The Integrated Bioresource Information Division in the RIKEN BioResource Research Center (BRC) aims to facilitate broad, effective, and efficient use of bioresources for R&D in science and industry. As one of the BioResouce Infrastructure Divisions with a core mission of RIKEN BRC, our division has three pillar activities: 1) Integration of metadata, international standardization of bioresource data and development of cross-resource search, 2) Improvement of the BRC website as a tool for disseminating information, and 3) Big data analysis and its visualization.

2025年度の成果

Development of Technology in FY2025

(1) バイオリソース統合データベースの拡充

バイオリソースの高付加価値化と利活用促進、横断検索機能の高度化を目的として、バイオリソース統合データベース（https://knowledge.brc.riken.jp）の拡充を行った。2025年度は、定常作業としてのリソースカタログの更新に加え、作業にかかるデータ処理の自動化を行い、従来より高い頻度でリソースカタログの更新が行えるようになった。また統合データベースの拡張として、化学物質オントロジー（ChEBI）、Gene Ontologyの生命プロセス語彙を活用したバイオリソース特性情報の整備を行った。これらの成果を基盤に、韓国バイオ情報機関KOBICとMoUを締結し、アジアおよび世界のハブとしてリソースの相互利用と国際共同研究の枠組みを構築した（図1）。

加えて、マウスゲノム多型情報データベース整備では、昨年度公開したMoG+3.0データベース（https://molossinus.brc.riken.jp/）に紐づくマウス5系統の長鎖配列ゲノム情報をDDBJ Sequence Read Archive（DRA）から公開した。さらに実験動物開発室と連携し、アジア産マウス亜種由来の3系統についての超高精度ゲノム解読に着手した。また、ヒトゲノム情報の連携強化に取り組んだ。

(2) ウェブサイトの維持と拡張

2025年度は、定常作業として、セキュリティ対策、マウスリソースカタログの更新、アクセスログ解析、利用者へのメールニュース配信、開発室・チームのウェブサイト更新支援、およびSNSによる情報発信を行った。メールニュースについては、5開発室からの配信および一斉配信を合わせて、計41回、112,096通を配信し、研究コミュニティに対する継続的かつ効果的な情報提供を行った。SNSでは、X（旧Twitter）によるWebサイトニュース等の発信に加え、BlueSkyの運用を新たに開始し、配信ツールを活用した一元的な情報発信体制を整備した。また、センター組織改編に伴う研究室サイトの終了、作成、改修を行うとともに、機関包括契約による迅速な提供、募集特定寄付金、BRC独自のリソース品質管理等に関するWebページ新設を行った。加えて、遺伝子材料開発室ウェブサイトのデザインリニューアル支援、BACクローン用ゲノムブラウザ運用に係るNBRP情報との連携等、運用課題に関して定期的な協力を行った。さらに、バイオリソース利用における寄託・提供の受付、進捗管理、MTA締結等の利便性を大きく改善するために、センターの各開発室と連携し、利用者応対（窓口）Webシステム開発へ向けた検討作業を開始した。（図2）

(3) 大規模データ解析技術・データ可視化技術

環境変化に影響される生態系の未来予測技術開発として、本開発室で開発した数理解析手法Energy Landscape Analysis

(ELA)の利活用環境の向上に取り組んだ。本解析手法により、屋外生物群集が計算された安定度の高低に従い変化することが示されており、環境変化の中核である生態系や生物多様性の変化について、データ駆動型の予測に役立てることが期待されている。本年度は、ポータルページを整備・公開した(https://elaportal.org)。このページでは、データ解析コミュニティで主に用いられる R および Python の 2 つの開発言語でのパッケージ配布を行っている。また、ELA および 2022 年に開発した時系列データ解析手法 EcohNet の実証に向けて、複数の研究グループとの共同研究を進め、関連論文 3 報の発表につなげた。このうち 2 件はプレスリリースを行い、数理解析技術の有効性と社会的意義を広く発信した。

また、クラウド上に構築した計算解析基盤（図 4）を用いて、リソース開発に関する論文の自動抽出技術の開発を継続した。この基盤を活用して、単語ベクトル分布の解析を行い、化学用語の意味空間において、論文数増大が起こっている領域の検出に成功した。これは今後増大が見込まれる研究分野（トレンドの種）である可能性がある。

(1) Expansion of the Integrated Database of Bioresources

To increase the added value of bioresources, promote their utilization, and enhance the cross-search function, we expanded the integrated database of bioresources (https://knowledge.brc.riken.jp). In FY2025, in addition to the routine updating of the resource catalog, we automated the data-processing workflow required for these updates, enabling the catalog to be refreshed more frequently than before. As part of this expansion of the integrated database, we also curated bioresource characteristic information by utilizing the Chemical Entities of Biological Interest ontology (ChEBI) and biological process terms from the Gene Ontology. Based on these achievements, we concluded a memorandum of understanding (MoU) with the Korea Bioinformation Center (KOBIC), thereby establishing a framework for mutual use of resources and international collaborative research, with our database serving as a hub for Asia and the global community (Fig. 1).

In addition, in the development of the mouse genome variation database, we released long-read genome sequence data for five mouse strains associated with the MoG+ 3.0 database (https://molossinus.brc.riken.jp/), which was launched last year, through the DDBJ Sequence Read Archive (DRA). Furthermore, in collaboration with the Laboratory for Experimental Animals, we initiated ultra-high-accuracy genome sequencing of three strains derived from Asian mouse subspecies. We also worked to strengthen the integration of human genome information.

(2) Website maintenance and expansion

In FY2025, we carried out regular tasks such as implementing security measures, updating the mouse resource catalog, analyzing access logs, distributing email newsletters to users, supporting website updates for divisions and teams, and disseminating information through social media. Regarding email newsletters, a total of 41 mailings were sent to 112,096 recipients, including newsletters distributed by the five Divisions and those issued on behalf of the Center. Through



図 1　韓国バイオ情報機関 KOBIC との MoU を締結。
オープンに活用可能な BRC のバイオリソース情報を韓国のバイオリソースワンストップショップである BioOne を通じて発信する。

Fig. 1 An MoU was concluded with the Korea Bioinformation Center (KOBIC).
Openly available BRC bioresource information will be disseminated through BioOne, Korea's one-stop shop for bioresources.

these efforts, we provided continuous and effective information to the research community. For social media outreach, in addition to disseminating website news and related information via X, formerly Twitter, we newly began operating a Bluesky account. We also established an integrated information dissemination framework by utilizing a distribution tool.

In response to the Center's organizational restructuring, we terminated, launched, and revised each division's websites as needed. We also created new web pages to highlight services such as rapid resource provision under institutional comprehensive agreements, designated donations, and the BRC's unique resource quality control initiatives.

Additionally we provided support for operational issues, including assistance with the redesign of the website of the Gene Engineering Division and coordination with NBRP information for the operation of the genome browser for BAC clones.

Furthermore, in collaboration with the Center's divisions, we initiated discussions for the prototype development of a web system for customer service to greatly improve the convenience of procedures related to bioresource use, including the acceptance of deposition and distribution requests, progress management, and the execution of material transfer agreements (MTAs) (Fig. 2).

(3) Large-Scale Data Analysis and Data Visualization Technologies

As part of our efforts to develop future ecosystem prediction technologies under environmental change, we worked to improve the usability of Energy Landscape Analysis (ELA), a mathematical analysis method developed by our division. This method has shown that outdoor biological communities change in accordance with the calculated level of stability, and it is expected to contribute to data-driven prediction of changes in ecosystems and biodiversity, which lie at the core of environmental change. In FY2025, we organized and launched a portal website for ELA (https://elaportal.org). The portal provides software packages in both R and Python, the two programming languages most widely used in the data analysis community. In addition, toward the demonstration and validation of ELA and EcohNet, a time-series data analysis method developed in 2022, we advanced collaborative research with multiple research groups. These efforts led to the publication of three related papers. Two of these studies were also announced through press releases, helping to widely communicate the effectiveness and social significance of mathematical analysis technologies.

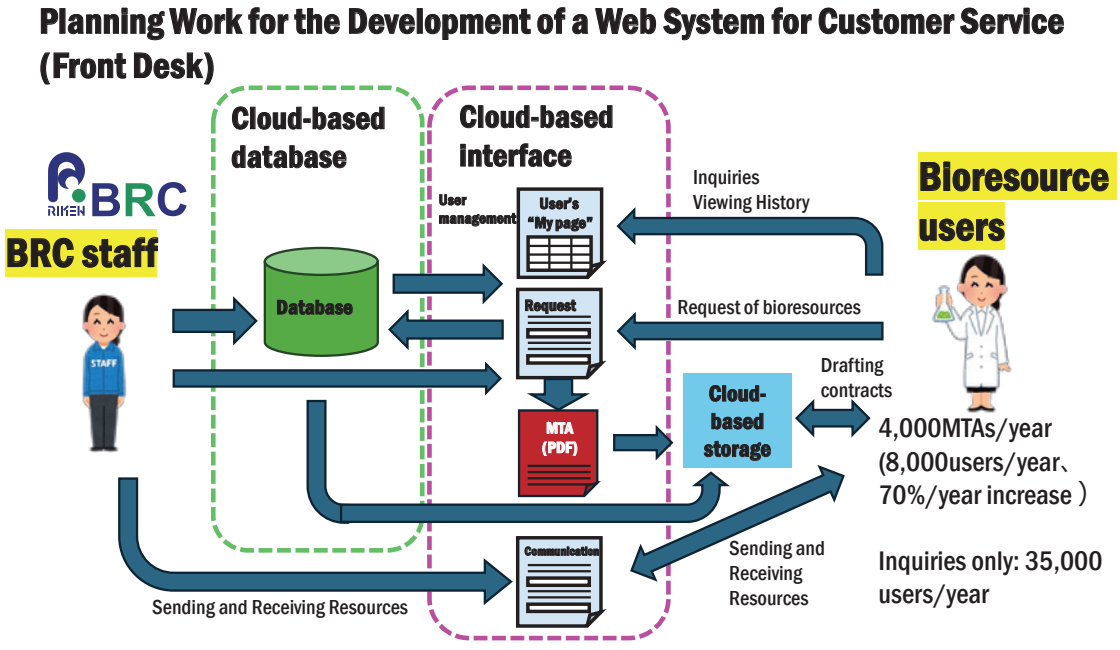


図 2　利用者応対（窓口）Web システムの概念図
利用者応対を Web 化し、手続きの安全性と効率を高めるとともに、記録管理を実現します。

Fig. 2. Conceptual diagram of the web system for customer service
This system supports web-based inquiries, requests, progress tracking, and MTA procedures, improving convenience, security, and operational efficiency for users and the BRC.

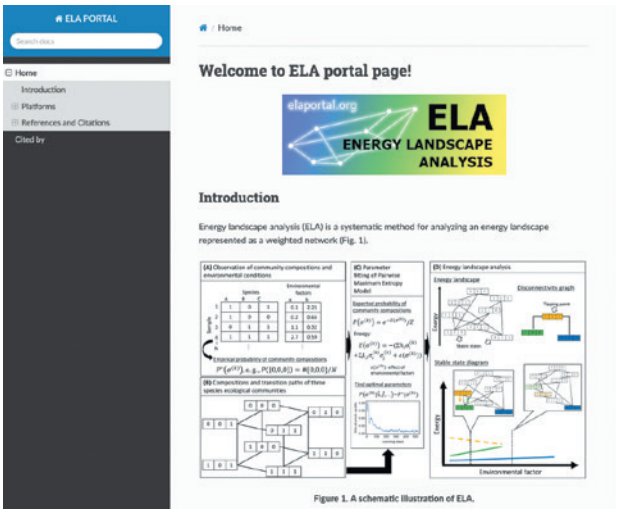


図 3　ELA ポータルページ（https://elaportal.org）
生態系の未来予測のアルゴリズムとし期待される Energy Landscape Analysis（ELA）の解析パッケージ公開、使用方法説明等を行っている。

Fig. 3 ELA Portal page (https://elaportal.org)
This page provides the ELA analysis package and explains how to use it. Energy Landscape Analysis (ELA) is expected to serve as an algorithm for predicting the future of ecosystems.

We also continued the development of an automatic extraction technology for resource development-related publications using our cloud-based computational analysis platform (Fig. 4). By leveraging this platform, we analyzed distributions of word vectors and successfully identified regions in the semantic space of chemical terminology where the number of publications is increasing. These regions may represent research fields expected to expand in the future, that is, potential "seeds" of emerging trends.

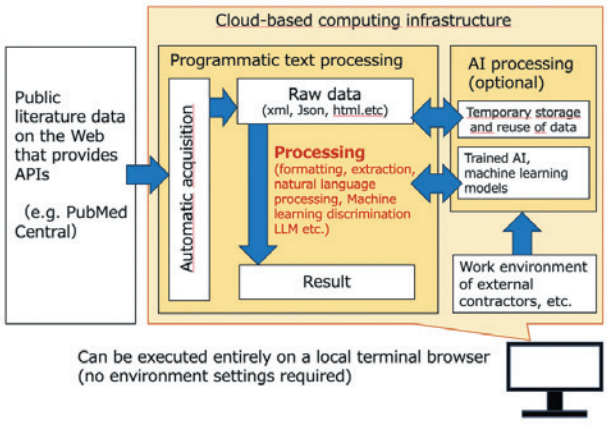


図 4　クラウド上の計算解析基盤の概要
全文テキストなどの公開データを自動的に取得し、テキスト処理や AI を用いた処理を Web ブラウザ上で全て実行可能。

Fig. 4 Overview of cloud-based computing and analysis infrastructure
Automatically acquires publicly available full-text data and performs text processing and AI-based processing entirely within a web browser.

メンバー構成
Members

- 室長 [Head of Integrated Bioresource Information Division]
  桝屋 啓志 Hiroshi MASUYA, Ph.D.
- 研究員 [Research Scientist]
  櫛田 達矢 Tatsuya KUSHIDA, Ph.D.
  山縣 友紀 Yuki YAMAGATA. Ph.D.
  鈴木 健大 Kenta SUZUKI, Ph.D.
- 専任研究員 [Senior Research Scientist]
  岩瀬 秀 Shigeru IWASE, Ph.D.
- 開発研究員 [Research & Development Scientist]
  高田 豊行 Toyoyuki TAKADA, Ph.D.
  高野 壮太朗 Sotaro TAKANO, Ph.D.
- 開発研究員 [Research & Development Scientist]
  小林 紀郎 Norio KOBAYASHI, Ph.D. (兼務) (concurrent post)
- テクニカルスタッフ I [Technical Staff I]
  山縣 真允 Masanobu YAMAGATA
- テクニカルスタッフ II [Technical Staff II]
  湯原 直美 Naomi YUHARA　臼田 大輝 Daiki USUDA
  栗原 恵子 Keiko KURIHARA　並木 由理 Yuri NAMIKI
  稲葉 優太 Yuta Inaba
- アシスタント [Assistant]
  渡辺 友紀子 Yukiko WATANABE
- パートタイマー [Part-time Worker]
  山田 達也 Tatsuya YAMADA　進藤 省一郎 Shoichiro SHINDO
  Magdaline Akinyi Otieno
- 研修生 [Student Trainee]
  Magdaline Akinyi Otieno　Mariama Keita

品質管理支援ユニット

Support Unit for Quality Management



ユニットリーダー　小林 正智　Masatomo KOBAYASHI, Ph.D.

ミッションと事業概要

生命科学分野における研究成果の再現性を担保するためには、研究に使用するバイオリソースの品質管理が必須の課題となる。BRC は、国際規格の ISO9001 に基づく品質管理システム（QMS）を細胞と微生物のリソースに導入し、飛躍的な品質向上を達成した。この実績をもとに品質管理支援ユニットは、動物、植物及び遺伝子をも含めた多種多様なバイオリソースに最適化した独自の QMS を構築する。そして BRC が提供する全てのバイオリソースを対象としてこの QMS を運用することにより、ライフサイエンス研究の発展に貢献する。

Quality control of bioresources is crucial to ensure the reproducibility of research results in life sciences. We have implemented quality management system in accordance with the international standard ISO 9001 in manufacturing cell and microbe resources. Our effort has brought out dramatical improvement in the resource quality. Based on this achievement, we have started developing an original quality management system (QMS) that is optimized to entire bioresources including animal, plant and genes. Application of advanced QMS to our bioresources will greatly contribute to the development of research in life science.

2025年度の成果

Research & Development in FY2025

(1) 独自の品質管理システムの構築

ISO9001 の認証に基づいた QMS を運用するためには、認証機関による維持及び更新の審査を受審し合格することが最優先の課題である。このため審査のスケジュールに合わせて文書類や記録の整備を行う必要がある。しかし、ライフサイエンス研究の急速な発展に対応するためには、品揃えに加え業務のプロセスを継続的に見直し、研究ニーズへの最適化を図ることが求められる。そこで第 5 期中長期計画では、ISO9001 に基づいた QMS にバイオリソース事業の特性を加味することにより、バイオリソースに特化した独自の QMS を構築し、BRC の全リソースに適用することとした。2025 年度は、経営判断に基づいて業務プロセスの改善と向上を機動的に進めるため、「方針管理」と「日常管理」の連携を重視する総合的品質管理（TQM）の考え方を組み込んだ独自の QMS を構築した。そして ISO9001 の認証を返上した 2025 年 6 月 10 日より全リソースへの導入を開始した（図 1）。

(2) マネジメントレビューと内部監査の開催

全リソースを対象とする独自の QMS では、センターレビュー（2025 年度はマネジメントレビュー）と内部監査を PDCA サイクル上に位置づけ、改善と向上を促すにとどまらず、良好な事例を発掘し開発室間で共有する機会とした（図 2）。

2025 年度は認証期間中の 2025 年 5 月 22 日に、細胞材料開発室と微生物材料開発室を対象として ISO9001 に基づくマネジメントレビューを開催した。認証返上後には、独自の QMS で対象とする 5 開発室の内部監査を 2026 年 2 月より 3 月にかけて開催した。いずれの開発室の内部監査においても、各開発室より等しく選出されたメンバーにより構成された監査チームと被監査側の開発室との間で、活発な意見と情報の交換が行われた。

(3) 品質マネジメントシステムの組織体制

独自の QMS の対象を拡大するにあたり、それぞれ実験動物開発室、実験植物開発室、遺伝子材料開発室を本務とする 3 名のメンバーが、2025 年 7 月より品質管理支援ユニットに加わり、自身の本務先開発室において QMS 関連文書の整備に着手した。

(4) 法令等遵守の取り組み

安全管理室との共催によりオンラインで下記セミナーを開催した。

日時：2026 年 1 月 15 日 13:00-16:00
演題：JIS Z 7252/7253、
　　安衛法改正に対応した GHS 準拠 SDS 作成について
講師：吉川治彦氏（SDS 研究会代表）

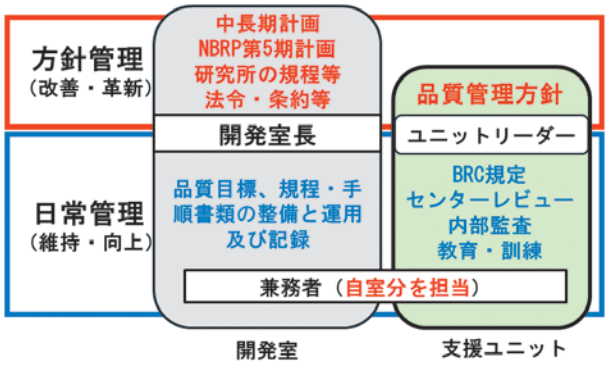


図 1　総合的品質管理を反映した BRC 独自の QMS
Fig. 1 BRC's QMS that incorporates the ideas of TQM

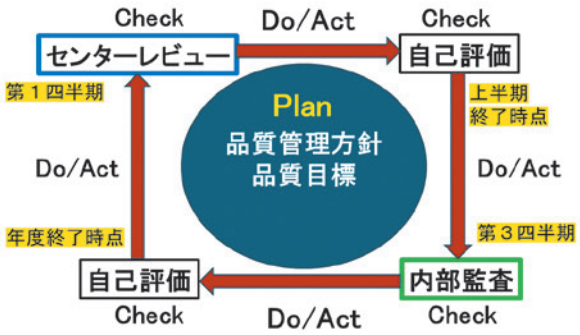


図 2　独自の QMS のもとでの PDCA サイクル
Fig. 2 Envisioned PDCA cycle under the QMS unique to bioresource project

(1) Establishment of QMS specialized for bioresource

Passing the Surveillance Audit and Renewal Audit is the top priority for the operation of QMS based on ISO9001 certification. Therefore, maintenance of QMS documents and records had been carried out in accordance with the date of Audit. On the contrary, continuous review of product lines and manufacturing processes is necessary to keep pace with rapidly changing research trends. From this point of view, BRC has decided to revise our QMS by reflecting the characteristics of bioresource project.

To begin with, we adopt the strategy of Total Quality Management (TQM) that emphasizes the coordination of Policy Management and Daily Management. On June 10, 2025, we abandoned our ISO9001 certification and began applying this approach to all biological resources.

(2) Holding Management Review and Internal Audits

Management review and internal audits continue to play a crucial role as checkpoints in the PDCA cycle. These events serve not only to point out areas for improvement, but also as an opportunity to share best practices among Divisions. The 34th Management Review was held on May 22, 2025, and reviewed the performance of Cell Engineering Division and Microbe Division during the previous fiscal year. After the expiration of ISO9001 certification, The 26th Internal Audits were held from February to March 2026 and conducted to examine the performance of each of the five Divisions for the relevant fiscal year. Auditors from each Division attended the Audits, and they communicated with the participants on the audited side to exchange opinions and information for improvement.

(3) Changes in the organizational structure of QMS

According to the application of QMS specialized to bioresource project, one new member has joined the Unit from each of the following Divisions: Experimental Animal Division, Experimental Plant Division, and Gene Engineering Division. They began organizing the quality management system (QMS) documentation for each Division.

(4) Compliance initiative

In cooperation with the Tsukuba Safety Section, we held the following online seminar:

Date: January 15, 2026 13:00-16:00

Lecturer: Haruhiko Kikkawa

Title: Creating SDS that comply with the Amendment to the Industrial Safety and Health Act

メンバー構成
Members

- ユニットリーダー [Unit Leader]
  小林 正智 Masatomo KOBAYASHI, Ph.D.
- メンバー [Member]
  栗田 香苗 Kanae KURITA
  磯村 尚子 Naoko ISOMURA
  水越 久美子 Kumiko MIZUKOSHI
  飯田 敏也 Toshiya IIDA, Ph.D.
  遠藤 力也 Rikiya ENDOH, Ph.D.
  岩城 志乃 Shino IWAKI
  森下 羊子 Yoko MORISHITA
  中田 初美 Hatsumi NAKATA
  安部 洋 Hiroshi ABE, Ph.D.
  村田 武英 Takehide MURATA, Ph.D.
  杦本 まき子 Makiko SUGIMOTO

統合発生工学研究開発室

Integrative Developmental Engineering Division

室長　井上 貴美子（理博）　Kimiko INOUE, Ph.D.



ミッションと事業概要

私たちの生涯は、受精から始まり、着床、出産、成長、老化などのイベントを経て進行し、生殖細胞を通じてこのサイクルが次世代へと引き継がれます。この一連の過程は「ライフサイクル」と呼ばれます。当室は、卵子・精子・胚を用いた発生工学技術やゲノム・エピゲノム解析技術を駆使し、ライフサイクルにおける多様な生命現象の解明を目指す研究開発室として新たに設置されました。これらの研究から得られた知見を活かし、バイオリソースの高品質かつ安定的な維持・供給を支える高度な発生工学技術の確立に貢献します。

Our life begins with fertilization and progresses through changes such as implantation, birth, growth, and aging, and this cycle is passed on to the next generation through the germ cells. This sequence of processes is called the “life cycle”. In our laboratory, we aim to elucidate various life phenomena throughout the life cycle using developmental engineering technologies. Furthermore, based on the knowledge, we develop more advanced developmental engineering technologies to maintain reliable bioresources.

2025年度の成果

Research & Development in FY2025

(1) 効率的な胚・配偶子の凍結保存法の開発

(1) 野生由来マウスは繁殖性が低く、系統維持が困難な場合があるため、亜種間での卵巣移植を試みた。JF1 の卵巣を移植した免疫不全マウスから、交配で平均 4 匹の JF1 由来の産子が得られた。凍結 - 融解した卵巣からも産子が得られ、凍結卵巣による系統保存が可能と考えられた。(2) 昨年に引き続き、未受精卵の -80°C保存の条件検討を行った。20%血清を含む HTF 液で卵子を培養すると産子率が改善され、3 ヶ月間 -80°Cに保存した卵子からも産子が得られたが、保存期間と共に産子率は低下した。

(2) 全身の性差形成における Y 染色体の機能解析

オスにのみ存在する Y 染色体には、性決定遺伝子に加え複数の遺伝子が存在するが、それらが個体の「オスらしさ／メスらしさ」にどのように影響するかは十分に理解されていなかった。マウスの全身表現型解析と複数の Y 染色体遺伝子のノックアウトマウスを組み合わせ、Y 染色体遺伝子の性差への寄与を解析した。その結果、*Usp9y* や *Uty* が体サイズや臓器重量などの性差に関与するだけでなく、個体レベルの性差が連続的な特性として理解できることが示された。本手法は、マウス変異体における全身表現型の統合的理解への応用が期待される。

(3) 核移植クローン（SCNT）胚におけるオートファジー活性の解析

オートファジーは、細胞内タンパク質などを分解・再利用する機構であり、初期胚の正常な発生に必須のプロセスである。SCNT 胚では、オートファジーマーカーである LC3 の輝点数が受精胚と比較して減少しており、Flux プローブを用いたライブイメージング解析では、通常、受精後 36 時間以降に急激に上昇するオートファジー活性が、SCNT 胚では緩やかな上昇にとどまることが明らかとなった。遺伝子発現解析の結果、オートファジーを負に制御する mTORC1 活性が SCNT 胚で亢進していることが示され、これがオートファジー活性低下の一因である可能性が示唆された。

(4) 新規動物モデルの開発

ゴールデンハムスターの卵子は、異種の精子とも受精することが知られている。そこで、卵子側の卵子 - 精子膜融合タンパク質である Juno を欠失したハムスターを作出したところ、F0 世代の雌 5 匹がすべて不妊になり、その透明帯を除去した体外受精では、ハムスターおよびマウスの精子いずれとも受精しなかった。よって、ハムスターの Juno は、同種および異種の精子との融合に必須であることが明らかになった。現在、それぞれの融合に関わるアミノ酸の特定を進めている。

(1) Development of reliable cryopreservation techniques for embryos and gametes

1. We successfully performed ovarian transplantation between mouse subspecies. Immunodeficient mice receiving fresh or

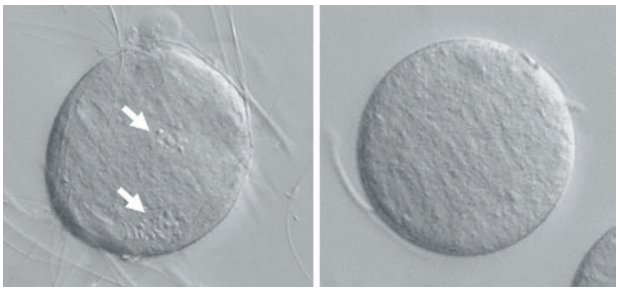


図 1　Juno ノックアウトハムスター卵子（右）。IVF 後、野生型（左）は雄性前核（矢印）が形成されるが、ノックアウト卵子では見られない。

Fig. 1 Juno-deficient hamster oocyte (right). Following IVF, wild-type oocyte (left) forms male pronuclei (arrows), but the knockout oocyte has no pronuclei.

frozen-thawed JF1 ovaries produced JF1-derived offspring, demonstrating the feasibility of ovarian cryopreservation for strain preservation.

2. We optimized storage conditions for unfertilized oocytes at −80°C. HTF medium supplemented with 20% FCS improved offspring production, and live pups were obtained from oocytes stored for up to three months.

(2) Functional analysis of Y chromosome genes in sex differences

The Y chromosome contains multiple genes besides Sry, but their contribution to sex differences remains unclear. Using comprehensive phenotyping and knockout mice for multiple Y-linked genes, we found that Usp9y and Uty contribute to variation in body size and organ weight. We also established a statistical framework that represents individual sex differences at the organismal level, providing a basis for integrative analyses of mutant phenotypes.

(3) Analysis of autophagy activity in somatic cell nuclear transfer (SCNT) embryos

Autophagy is essential for early embryonic development. SCNT embryos showed fewer LC3 foci than fertilized embryos, indicating reduced autophagy. Live imaging with Flux probes revealed that, unlike fertilized embryos, SCNT embryos exhibited only a gradual increase in autophagy activity. Gene expression analysis further showed elevated mTORC1 activity, suggesting that aberrant mTORC1 signaling contributes to impaired autophagy.

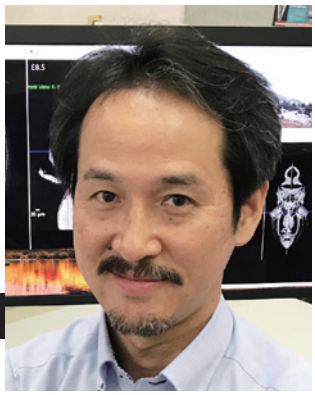
(4) Development of animal models

Golden hamster oocytes can fuse with sperm from other species. To investigate this mechanism, we generated Juno-deficient hamsters. All five F0 females were infertile, and zona-free oocytes failed to fuse with either hamster or mouse sperm in vitro. These findings demonstrate that hamster JUNO is essential for both homologous and heterologous sperm fusion. We are currently identifying the amino acid residues involved.

メンバー構成
Members

- 室長 [Director of Bioresource Engineering Division]
  井上 貴美子 Kimiko INOUE, Ph.D.
- 専任研究員 [Senior Research Scientist]
  的場 章悟 Shogo MATOBA, D.V.M., Ph.D.
- 専任技師 [Senior Technical Scientist]
  越後貫 成美 Narumi OGONUKI
- 研究員 [Research Scientist]/ 副センター長 [Deputy Director]
  小倉 淳郎 Atsuo OGURA, D.V.M., Ph.D.
- 特別嘱託技師 [Special Temporary Technical Scientist]
  持田 慶司 Keiji MOCHIDA
- 開発研究員 [Research & Developmental Scientist]
  守田 昂太郎 Kohtaro MORITA, Ph.D.
- 特別研究員 [Postdoctoral Researcher]
  船屋 智史 Satoshi FUNAYA, Ph.D.
  Hyeong-Ju You, Ph.D.
- テクニカルスタッフ II [Technical Staff II]
  廣瀬 美智子 Michiko HIROSE　　長谷川 歩未 Ayumi HASEGAWA
  冨島 俊子 Toshiko TOMISHIMA
- アシスタント [Assistant]
  塚原 文乃 Ayano TSUKAHARA
- 客員研究員 [Visiting Scientist]
  馬場 忠 Tadashi BABA, Ph.D.
  神沼 修 Osamu KAMINUMA, D.V.M., Ph.D.
  本多 新 Arata HONDA, Ph.D.
  羽田 政司 Masashi HADA, Ph.D.
  黒滝 陽子 Yoko KUROTAKI, Ph.D.
  森下 奈美 Nami MORISHITA, Ph.D.
  内田 あや Aya UCHIDA D.V.M., Ph.D.
- 大学院生リサーチ・アソシエイト [Junior Research Associate]
  建部 貴輝 Takaki TATEBE　　時田 駿 Syun TOKITA
- 国際プログラム・アソシエイト [International Program Associate]
  Pham Dinh Quoc
- 理研スチューデント・リサーチャー M [RIKEN Student Researcher M]
  千田 宥介 Yusuke SENDA
- パートタイマー [Part-time Worker]
  池 郁生 Fumio IKE, Ph.D.　　百々 由希子 Yukiko DODO
- 研修生 [Student Trainee]
  名古 満 Mitsuru NAGO

マウス表現型研究開発室



Mouse Phenomics Division

室長　田村 勝（理博）　Masaru TAMURA, Ph.D.

ミッションと事業概要

当室は、ヒト疾患病態理解を目的とし、約 700 検査項目に及ぶ体系的かつ網羅的な表現型解析プラットフォームを構築、突然変異マウスや遺伝子改変マウス系統の表現型解析を実施している。この解析によりマウスリソースの付加価値を向上させ、リソース整備および知的基盤整備に寄与する。さらに国際マウス表現型解析コンソーシアム（IMPC: International Mouse Phenotyping Consortium）に参画して、マウス表現型解析整備事業に関して国際貢献を行う。

We have established a systematic and comprehensive phenotyping platform containing about 700 parameters based on insights into human diseases, and have performed various phenotyping analyses on the mouse resources deposited mainly at the AER. We cooperate with the international large-scale projects, including the Asian mouse phenotyping facilities, and have joined the International Mouse Phenotyping Consortium (IMPC) to contribution internationally to the improvement of mouse phenotyping analysis. Finally, we contribute to the infrastructural development of mouse resources to enhancing their value by correlating mouse phenotypic data with clinical data for human disease.

2025年度の成果

Research & Development in FY2025

(1) マウスクリニックシステムの運用

表現型解析依頼者からの申請受付、検査マウス系統の導入、検査個体生産、表現型検査、さらにデータ解析と外部へのデータ開示までの一連の体制を運用している。

①検査動物導入体制

ヒト疾患モデル開発研究棟は SPF（Specific Pathogen Free）での運用である。外部機関からのマウス導入においては、検査用マウスの微生物的・遺伝学的統御を厳重にするため体外受精・受精卵移植法による微生物クリーニングを実施する。また遺伝子改変の確認と同時にゲノムスキャニングによる系統の遺伝的背景の確認を実施している。

②マウスクリニック検査体制

基本検査パイプライン、行動検査パイプライン、及びイメージング解析等を含むオンデマンド解析パイプラインよって構成されている。

③マウスクリニック検査実績

日本マウスクリニックでは令和 8 年 3 月までに延べ 601 系統についてマウスクリニック検査を終了している。

(2) マウス表現型公開データベース開発

マウスクリニックにおける表現型解析結果閲覧ウェブアプリケーション Pheno-pub（http://phenopub.brc.riken.jp/）を開発公開し、利用者の利便性を高めている。

(3) 国際貢献

国際マウス表現型解析コンソーシアム（IMPC）に参画し、マウスゲノム上の全遺伝子に対する遺伝子欠損マウスの表現型解析を世界基準手法により実施している。

(4) 表現型解析研究開発

高度な社会行動、運動機能などを解析するために人工知能技術を用いた行動解析システムの開発を行っている（図 1）。

(1) Management of a system for the Japan Mouse Clinic

We operate a system for the Japan Mouse Clinic based on a sequential process: receipt of an investigation request, introduction and production of mouse resources, comprehensive phenotyping, phenotypic data analyses, and publication of the data on our website.

①Systematic introduction and production of mice for the Japan Mouse Clinic

We are conducting a system for introducing mice to the Japan Mouse Clinic based on microbiological, genetic and mouse housing conditions. The introduction of mice to the facility is performed by in vitro fertilization (IVF) using fresh or cryopreserved sperm from a male or cryopreserved embryo. We also perform whole genome scan to verify the genetic background of the mice. Finally, congenic mouse strains with a uniform genetic background are required for a comprehensive phenotyping.



図 1　マウスの行動表現型を網羅的に測定し、背後にある様々な脳機能を高精度に解析するシステムを開発
Fig. 1 We have developed and implemented a comprehensive behavioral phenotyping system for mice that precisely evaluates brain function.

②Construction of a pipeline for 'Fundamental Screening', 'Behavioral Screen' and 'On-demand Screening' at the Japan Mouse Clinic

We have constructed a "Phenotypic Platform pipeline 1" in the Japan Mouse Clinic for 'Fundamental Screening'. For a behavior-oriented pipeline 2, a multidirectional assay platform is usually required to evaluate behavioral characteristics. We have also established an additional pipeline as an on-demand phenotyping screening which includes morphological phenotyping using the contrast-enhanced X-ray CT.

③Results of the Japan Mouse Clinic

A total number of 601 mouse strains have been phenotyped at the Japan Mouse Clinic as of March 2026.

(2) Development of a database providing phenotypic information from the Japan Mouse Clinic

We have developed an application called "Pheno-Pub", that displays the phenotypic information of various mouse resources screened at the Japan Mouse Clinic (http://phenopub.brc.riken.jp/).

(3) International contribution

We have participated in the International Mouse Phenotyping Consortium (IMPC), which aims to identify the function of each protein-coding gene in the mouse genome. In this project, we systematically analyzed new knockout mice using the standardized phenotyping protocols.

(4) Research & Development

We are developing behavioral analysis systems based on artificial intelligence to assess complex social behaviors and motor functions (Figure 1).

メンバー構成
Members

- 室長 [Director of Mouse Phenomics Division]
  田村 勝 Masaru TAMURA, Ph.D.
- 上級研究員 [Senior Research Scientist]
  古瀬 民生 Tamio FURUSE, Ph.D.
- 開発研究員 [Research & Development Scientist]
  澁谷 仁寿 Hirotoshi SHIBUYA, Ph.D.
- 開発技師 [Technical Scientist]
  三浦 郁生 Ikuo MIURA, Ph.D.
  山田 郁子 Ikuko YAMADA, Ph.D.
- テクニカルスタッフII [Technical Staff II]
  串田 知子 Tomoko KUSHIDA
  池田 恭子 Kyoko IKEDA
  篠木 晶子 Akiko SHINOGI
  小澤 恵代 Yasuyo KOZAWA
  尾崎 真央 Mao OZAKI
  金 順丹 ShunDan JIN
  及川 智菜 Tomona OIKAWA
  柳沢 僚子 Ryoko YANAGISAWA
- 客員研究員 [Visiting Scientist]
  佐藤 主税 Chikara SATO
  高橋 阿貴 Aki TAKAHASHI
  浜崎 伸彦 Nobuhiko HAMAZAKI
- 研究嘱託 [Research Consultant]
  木南 凌 Ryo KOMINAMI, M.D., Ph.D.
- 訪問研究員 [Visiting Researcher]
  エレーナ デラ カーサ エスペロン Elena de la Casa Esperón, Ph.D.
- 研究生 [Research Fellow]
  田邉 瑠里子 Ruriko TANABE, M.S.
- 研修生 [Student Trainee]
  田中 晴空 Sora TANAKA　　若槻 萌映 Moe WAKATSUKI
- アシスタント [Assistant]
  佐谷 昌子 Masako SAYA　　神谷 直美 Naomi KAMIYA
- 人材派遣職員 [Temporary Staff]
  永瀬 茜 Akane NAGASE　　新保 和也 Kazuya SHINBO
  佐川 亜美 Ami SAGAWA　　斉藤 来実 Kumi SAITOU
  竹村 敬真 Keishin TAKEMURA
- パートタイマー [Part-time Worker]
  大塚 智恵子 Chieko OTSUKA

iPS 創薬基盤開発チーム

iPSC-based Drug Discovery and Development Team



チームディレクター　井上 治久（医博）　Haruhisa INOUE, M.D., Ph.D.

ミッションと事業概要

BRC では、様々な疾患の患者さんから樹立された疾患特異的 iPS 細胞をバイオリソースとして提供している。疾患特異的 iPS 細胞を利活用することで、培養皿で疾患病態を再現し、疾患メカニズム解明・創薬開発を加速すると期待されている。当チームでは、BRC の世界最大規模の疾患特異的 iPS 細胞バンクの疾患特異的 iPS 細胞から、様々な疾患細胞を作製し、解析する方法を確立して来た。疾患細胞の遺伝子発現、タンパク質レベル、細胞機能などを解析し、病態解明・創薬開発のための基盤技術を開発している。

At RIKEN BRC, disease-specific iPS cells established from patients with various diseases are provided as bioresources. By utilizing disease-specific iPS cells, the reproduction of disease pathology in a culture dish, accelerated exploration of disease mechanisms, and development of drug discoveries are expected. Our team works to establish methods to prepare and analyze various cells from disease-specific iPS cells of RIKEN BRC's largest disease-specific iPS cell bank. By analyzing gene expression, protein levels, and cell function, etc., of disease-target cells, this team develops fundamental technologies for the elucidation of disease pathomechanisms, drug discovery and development.

2025年度の成果

Research & Development in FY2025

(1) バイオリソースセンターの iPS 細胞を用いた創薬・病態研究の基盤技術の開発

BRC では、有効な治療法が確立されていない約 300 種類の疾患の iPS 細胞を保有している。国が難病に指定している疾患の 5 割以上をカバーしている。本チームでは、これらの疾患特異的 iPS 細胞から、疾患に罹患する細胞を作製し、創薬・病態研究の基盤技術の開発を行うために、iPS 細胞培養技術、分化誘導技術、病態解析・アッセイ技術、薬効・スクリーニング技術の開発を行っている。本年度は、疾患特異的 iPS 細胞を用いたマルチオーム解析などについて、国際学会で発表した。

(2) 実用化・一般化を目指した創薬技術研究を先導

疾患特異的 iPS 細胞から、疾患に罹患する細胞を作製し、創薬・病態研究の基盤技術の開発を行う過程は以下である。

(a) iPS 細胞の維持・拡大培養、疾患に罹患する細胞を作製する分化誘導する。

(b) 分化誘導した細胞を健常・疾患間で比較し、その差異となる細胞の表現型の同定とその背景の病因を解明する。

(c) その表現型を指標にして、その指標を改善する物質を同定する。

本チームでは、上記の過程での、培養液や分化誘導のための使用する試薬の検討など幹細胞培養系の改善、各々のステップでかかる時間を短縮するための分化誘導方法の改良、アッセイ簡便化や培養機器などの利用によるエフォートの軽減を目指した研究を先導して行う。

本年度は、3D プリンターを用いた神経組織について学会で発表した。

(3) アカデミア・企業と iPS 細胞の橋渡し

創薬・病態研究の基盤技術の開発を行うために、アカデミア・製薬企業などとの共同研究を進める。実用化・一般化を目指した創薬技術の開発のために、機器製造企業などとの共同研究を進める。同時に、創薬・病態研究の基盤技術の開発・実用化・一般化を目指した創薬技術の開発の結果について、シーズを導出、技術指導・移転を行うことによって、研究の成果を速やかに社会に還元することを目指す。

本年度は、食料品企業、ベンチャー企業と共同研究を継続実施した。企業（サントリーウェルネス株式会社）との共同研究の一部を学会発表した。（図 1 脂質膜流動性のライブセルイメージング画像）

(1) Using iPS cells of RIKEN BRC to develop infrastructure technology for drug discovery and development

At RIKEN BRC, iPS cells of approximately 300 kinds of diseases for which an effective treatment method has not been established are being stored. This covers more than 50% of the

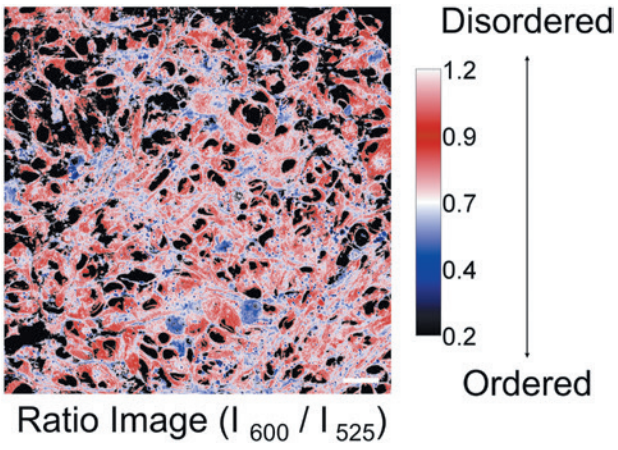


図 1　脂質膜流動性のライブセルイメージング画像
Fig. 1 Live-cell fluorescence images of lipid membrane fluidity

diseases the country has designated as intractable diseases. Our team develops basic technologies for iPS cell culture technology, differentiation technology, pathomechanism analysis, and screening methods by preparing disease-target cells from these disease-specific iPS cells.
In 2025, our team presented at an international conference on multi-omics analysis using disease-specific iPS cells.

(2) Innovating the technology that will open an avenue for practical and general uses

Our team is working on the study aimed at improvement of the stem cell culture system, differentiation method, and application of effort for practical and general uses.
In 2025, our team presented at a conference on neural tissue fabrication using 3D bioprinting.

(3) Bridging disease0specific iPS cells and academia / industry in the field of translational reserach

In 2025, our team continued to collaborative research with a Food company and a venture company. We presented at a conference on part of our collaborative research with a company (Suntory Wellness Limited). (Fig.1 Live-cell fluorescence images of lipid membrane fluidity)

メンバー構成
Members

- チームディレクター [Team Director]
  井上 治久 Haruhisa INOUE M.D., Ph.D.
- 開発研究員 [Research & Development Scientist]
  菅 三佳 Mika SUGA Ph.D.
- 特別研究員 [Postdoctoral Researcher]
  仲井 理沙子 Risako NAKAI Ph.D.
- テクニカルスタッフ II [Technical Staff II]
  澁川 蘭 Ran SHIBUKAWA
  仁木 剛史 Takeshi NIKI Ph.D.
  竹綱 椰々 Yaya TAKETSUNA
- アシスタント [Assistant]
  安居 麻貴子 Makiko YASUI
- 客員研究員 [Visiting Scientist]
  今村 恵子 Keiko IMAMURA M.D., Ph.D.
  近藤 孝之 Takayuki KONDO M.D., Ph.D.
  宮本 憲優 Norimasa MIYAMOTO Ph.D.
  北尻 真一郎 Shin-ichiro KITAJIRI M.D., Ph.D.
  吉田 善紀 Yoshinori YOSHIDA M.D., Ph.D.
  鈴木 郁郎 Ikuro SUZUKI Ph.D.
  小林 千浩 Kazuhiro KOBAYASHI Ph.D.
  加藤 友久 Tomohisa KATO Ph.D.
  今村 公紀 Kiminori IMAMURA Ph.D.
  山本 兼司 Kenji YAMAMOTO M.D., Ph.D.
  奥宮 太郎 Taro OKUNOMIYA M.D., Ph.D.
- 客員技師 [Visiting Technician]
  月田 香代子 Kayoko TSUKITA
  西 洋平 Yohei NISHI
- 研修生 [Student Trainee]
  村田 靜風 Seifu MURATA
  オドンチエドウ ソドビリエグ Sodbileg ODONCHIMED
- 派遣職員 [Agency Staff]
  柴田 祥希 Yoshiki SHIBATA
  門谷 阿希子 Akiko KADOTANI
- パートタイマー [Part-time Worker]
  ダン スン Suong DANG Ph.D.

iPS 細胞 高次特性解析研究チーム

iPS Cell Advanced Characterization Research Team



チームディレクター　城石 俊彦（理博）　Toshihiko SHIROISHI, Ph.D.

ミッションと事業概要

当チームでは、疾患特異的 iPS 細胞株に対して、分化能解析（疾患原因細胞や関与細胞への分化能の評価）、疾患原因遺伝子解析等の特性解析を実施する。また、ゲノム編集技術等を利用して、(1) 疾患特異的 iPS 細胞における疾患原因遺伝子を正常遺伝子に置換した細胞（isogenic control cell）、(2) 正常遺伝子を疾患原因遺伝子に置換した細胞株（人工作製疾患特異的 iPS 細胞株）、(3) 組織特異的及び／又は分化段階特異的にマーカー（蛍光マーカー等）を発現する加工 iPS 細胞株を作製する。

The mission of our team is to characterize disease-specific induced pluripotent stem cell (iPSC) lines, which were deposited in RIKEN cell bank, for their differentiation potency (esp. targeted cell types in each disease) and genomic sequence (esp. responsible genes in each disease). Also, we aim to generate genetically modified iPSC lines including mutation-introduced iPSC lines from healthy-donor iPSC lines, mutation-corrected iPSC lines from disease-specific iPSC lines, and reporter-introduced iPSC lines. Through these research and development, we will provide the information accompanying to each iPSC line and the cell lines that we will develop through RIKEN cell bank.

2025年度の成果

Research & Development in FY2025

(1) 疾患特異的 iPS 細胞株の特性解析と病態モデル解析

2025 年度は、① Wolf-Hirschhorn（WHS）症候群患者 4 名分（Shimizu et al., Human Cell 2025）、② von Hippel Lindau（VHL）病患者 3 名分（未発表）について、疾患特異的 iPS 細胞の自己複製能、多分化能、ゲノム情報解析等の特性解析を実施した（図 1）。

WHS 症候群は、4 番染色体の短腕における欠失によって引き起こされる疾患で、神経堤細胞の発生異常に起因する特徴的顔貌を示す。当チームでは 4 名の疾患特異的 iPS 細胞株に対してマイクロアレイ CNV 解析を行い、各患者の 4 番染色体上の欠失領域を同定した。その結果、WHS 患者由来の iPS 細胞において 4 番染色体にヘテロ接合性が認められ、欠失領域が患者間で異なることが明らかになった。欠失領域に含まれる代表的な遺伝子（WHSC1、WHSC2、LETM1）の発現レベルは健常者由来 iPS 細胞株と比較して有意に低下しており発現レベルは約半分になっていた。これらの hiPS 細胞における全体的な発現パターンを調べるため、RNA-seq トランスクリプトーム解析を実施した。この解析の結果、WHS 特異的な hiPS 細胞では、健常者と比較して 28 個の遺伝子が有意に上昇し、63 個の遺伝子が有意に低下していることが明らかになった。発現が低下した遺伝子に対する Gene Ontology および経路解析の結果、それらが「神経堤分化」に関与していることが示唆され、これらの細胞において神経堤細胞の発達に潜在的な欠陥がある可能性が示された。以上の結果は、WHS 発症メカニズムの解明や新規治療法の開発におけるモデル系として、本細胞資源が有用であることを支持する（図 2）。

VHL 病は、網膜や中枢神経系を中心とした多臓器での血管芽腫、および腎細胞癌を高頻度で発症する遺伝性疾患である。本研究では、VHL 病患者特異的 iPS 細胞を用いた新規疾患モデルの開発を目指した。健常者由来の iPS 細胞、VHL 病患者特異的 iPS 細胞に対し、蛍光 - 発光融合蛋白質である Venus-Akaluc を導入することで、生体内で移植細胞の可視化が可能なマウス腎臓被膜下移植モデルを開発し、本モデルにより患者由来の血管系細胞は、健常者と比較してマウス腎臓被膜下における細胞増殖能が顕著に高く、血管芽腫様組織を形成することが示された。

(1) Characterization of disease-specific iPS cell lines and pathological model analysis.

In FY2025, we analyzed the following disease-specific iPS cell lines. 1) Wolf-Hirschhorn syndrome (WHS) for 4 patients (Shimizu et al., Human Cell 2025) (Figure 1), 2) von Hippel Lindau (VHL) disease for 3 patients (unpublished).

WHS is a disorder caused by a deletion on the short arm of chromosome 4, resulting in characteristic facial features due to abnormalities in the development of neural crest cells. We

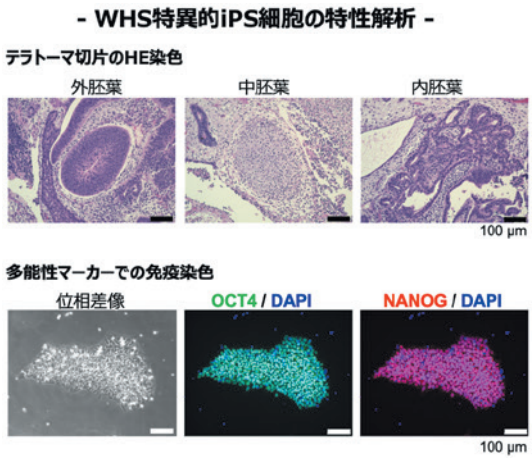


図 1　WHS 特異的 iPS 細胞の特性解析の例（HPS3003）。テラトーマ形成と免疫染色により多能性を確認した。

Fig. 1 Characterization of WHS-specific iPS cells (HPS3003). Pluripotency was confirmed by teratoma formation and immunofluorescence staining.

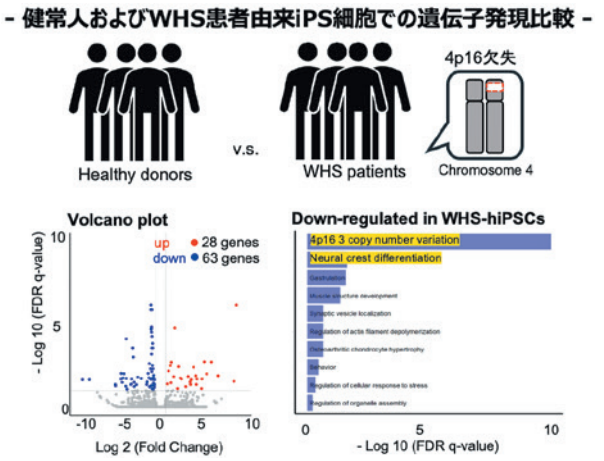


図 2　健常人および WHS 患者由来 iPS 細胞の網羅的遺伝子発現の比較。患者由来 iPS 細胞で神経堤細胞分化関連遺伝子の発現低下が見られる。

Fig. 2 Comparison of comprehensive gene expression of iPSCs between healthy individuals and WHS-patients. In patient-derived iPS cells, the expression of genes associated with NCC differentiation was reduced.

performed microarray CNV analysis on four disease-specific iPS cell lines to identify the deletion regions on chromosome 4 for each patient. The results revealed heterozygosity on chromosome 4 in iPS cells derived from patients with WHS, and it became clear that the deletion regions vary among patients. The expression levels of representative genes in the deletion regions such as WHSC1, WHSC2, and LETM1 were significantly reduced compared to iPS cell lines derived from healthy individuals, with expression levels approximately halved. To investigate the overall expression patterns in these hiPSCs, we performed RNA-seq transcriptome analysis. This analysis revealed that, compared to healthy individuals, 28 genes was significantly upregulated, while that of 63 genes was significantly downregulated in WHS-specific hiPSCs. Gene Ontology and pathway analyses of downregulated genes suggested that they are involved in “neural crest differentiation” indicating a potential defect in NCC development in these cells. These results suggest that this cellular resource is useful as a model system for elucidating the pathogenesis of WHS and developing new treatment (Figure 2).

VHL disease is a hereditary disorder characterized by a high incidence of multi-organ hemangiomas primarily affecting the retina and central nervous system as well as renal cell carcinoma. We developed a mouse subcapsular kidney transplantation model that enables the visualization of transplanted cells *in vivo* by introducing Venus-Akaluc, a fluorescent-luminous fusion protein, into iPS cells derived from healthy individuals and VHL disease-specific iPS cells. This model demonstrated that patient-derived vascular cells exhibit significantly higher proliferative capacity in the subcapsular region of mouse kidneys compared to healthy controls and form hemangioma-like tissue.

メンバー構成
Members

- チームディレクター [Team Director]
  城石 俊彦 Toshihiko SHIROISHI, Ph.D.
- 開発研究員 [Research & Development Scientist]
  髙﨑 真美 Mami TAKASAKI, Ph.D.
- 開発研究員 [Research & Development Scientist]
  伊藤 秀矩 Hidenori ITO, Ph.D.
- テクニカルスタッフ II [Technical Staff II]
  佐藤 伊織 Iori SATO
- 客員主管研究員 [Senior Visiting Scientist]
  阿部 訓也 Kuniya ABE, Ph.D.
- 客員研究員 [Visiting Scientist]
  七野 成之 Shigeyuki SHICHINO, Ph.D.
- 客員研究員 [Visiting Scientist]
  Balachandran CHANDRASEKAR, Ph.D.
- 研修生 [Student Trainee]
  清水 智哉 Tomoya SHIMIZU (日本学術振興会特別研究員 DC1)
- 事務パートタイマー [Administrative Part-timer]
  大森 久美子 Kumiko OMORI

次世代ヒト疾患モデル研究チーム

Next Generation Human Disease Model Research Team



チームディレクター　天野 孝紀（生命科学博）　Takanori AMANO, Ph.D.

ミッションと事業概要

本チームでは、指定難病、加齢性疾患、生活習慣病など、社会的負担が大きい疾患を対象に、疾患モデルマウスの開発と病態評価を行う。患者の病態を精緻に再現するため、ゲノム編集技術を用いて、ヒトのゲノム・バリアント情報に基づいたモデルマウスを作製する。マウスの疾患表現型解析にあたっては、BRC の国際標準解析プラットフォームを活用するとともに、臨床研究者と連携して疾患メカニズムの解明や治療候補物質の薬効薬理評価を推進する。これにより、診断・治療・創薬の基盤となる前臨床研究に貢献し、ヒト疾患モデル研究の発展に寄与することを目指す。

Our team develops and evaluates disease model mice for high-burden conditions, including intractable, age-related, and lifestyle diseases. Using genome editing, we generate sophisticated mouse models based on human genomic and variant information to recapitulate key aspects of patient pathophysiology. The resulting mouse models are analyzed through the standard phenotyping platform built at BRC. In collaboration with clinical researchers, we elucidate disease mechanisms and evaluate the pharmacological efficacy of potential treatments. Through these efforts, we contribute to the advancement of preclinical research that forms the foundation for diagnosis, treatment, and drug discovery.

2025年度の成果

Research & Development in FY2025

(1) 亜種系統由来のマクロファージを用いたアレル発現解析

野生由来マウス亜種系統は、標準的な実験用マウスとは異なるユニークな表現型を有しており、疾患感受性の個体差や多様性を理解する上で重要なリソースである。本年度は、C57BL/6（B6）系統と日本産野生マウス由来の JF1 系統を用い、先天性免疫の主体であるマクロファージの機能に及ぼす遺伝的多型の影響を詳細に解析した。表現型解析の結果、JF1 系統では B6 系統と比較して末梢血白血球数および一部の白血球分画が有意に少なかった。また、JF1 由来マクロファージは、M1 分極刺激に対する反応性が低く、炎症反応が抑制される傾向があった（図 1）。さらに、B6、JF1、およびその F1 ハイブリッドを用いた RNA-seq 解析により、JF1 では糖代謝に関連する遺伝子群の発現が有意に低いことが判明した。特に、F1 ハイブリッドを用いたアレル特異的発現（ASE）解析により、これら免疫応答や代謝に関わる遺伝子群の発現差の多くが、*cis* 制御因子の多型に起因することが示唆された（図 2）。本研究成果は、マウス亜種間における免疫応答の多様性を生む遺伝的基盤を明らかにするものであり、感染症や炎症性疾患の個人差を解明するための新たな知見を提供するものである（Yoshida et al., 2025）。

(2) 筋萎縮性側索硬化症（ALS）モデルマウスの解析

ALS の主要な病理学的指標である TDP-43 タンパク質の細胞質凝集は、その発現恒常性の破綻と密接に関連している。本年度は、*Tardbp* 遺伝子の 3’非翻訳領域（3’UTR）内の制御エレメントを欠損させたマウスを用い、その生理的・病理的意義の解析成果を論文として公表した（Dinh et al., 2025）。

行動解析において、ヘテロ欠損マウスは、若齢期には正常であったものの、18 ヶ月齢の高齢期において運動機能試験で有意なスコアの低下を示し、加齢に伴う運動機能不全が確認された。組織学的解析では、脊髄前角における ChAT 陽性運動ニューロン数の有意な減少を確認した。生化学的解析においては、高齢マウスの脊髄において TDP-43 タンパク質レベルの有意な上昇を検出した一方、脳においては同様の変化は認められなかった。これらの結果は、*Tardbp* 3’UTR を介した発現制御が、加齢段階や組織環境に依存して変動するという「時期・組織特異性」を有することを個体レベルで実証したものであり、ALS の初期プロセスを標的とした新たな治療戦略の基盤となり得る。

(1) Analysis of Macrophage Phenotypes and Gene Expression Regulation Based on Genetic Diversity

Wild-derived mouse strains possess unique phenotypes distinct from standard inbred strains, serving as invaluable resources for understanding individual differences and

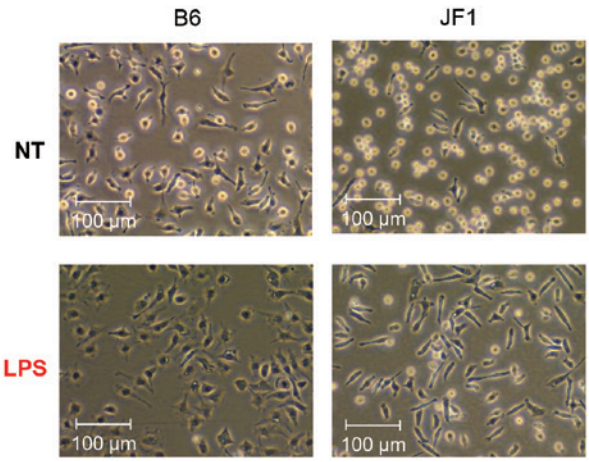


図 1　B6 および JF1 マクロファージにおける、未処理（NT）および LPS 刺激下での細胞形態

Fig. 1 Representative cellular morphology under non-treated (NT) and LPS-stimulated conditions for B6 and JF1 macrophages. Scale bars, 100 µm.

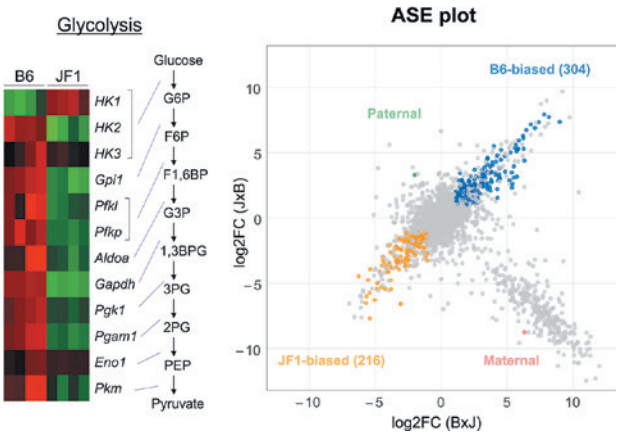


図 2　マクロファージの解糖系関連遺伝子の発現比較（左）および F1 ハイブリッドを用いた ASE 解析（右）

Fig. 2 Comparison of glycolytic gene expression between B6 and JF1 macrophages (left). ASE analysis in macrophages derived from F1 hybrids of reciprocal crosses (right).

diversity in disease susceptibility. This year, we investigated the impact of genetic variation on the function of macrophages, key players in innate immunity, using the C57BL/6 (B6) and Japanese fancy mouse 1 (JF1) strains. Phenotypic analysis revealed that JF1 mice had significantly lower peripheral white blood cell counts and altered leukocyte fractions compared with B6. In addition, JF1-derived macrophages showed a weaker response to M1 polarization stimuli, consistent with a reduced inflammatory response (Fig.1). Furthermore, RNA-seq analysis of B6, JF1, and their F1 hybrids showed that JF1 macrophages had markedly lower expression of genes involved in glycolysis, a metabolic pathway essential for M1 polarization (Fig.2). Crucially, allele-specific expression (ASE) analysis in F1 hybrids demonstrated that many of the expression differences in these immune and metabolic genes are driven by *cis*-regulatory variants (Fig.2). These findings highlight the genetic basis for diverse immune responses among mouse subspecies and provide new insights into the mechanisms underlying individual variations in infectious and inflammatory diseases (Yoshida et al., 2025).

(2) Phenotyping of an ALS Mouse Model

The cytoplasmic aggregation of TDP-43, a hallmark of Amyotrophic Lateral Sclerosis (ALS), is closely linked to the disruption of TDP-43 homeostatic regulation. This year, we published our findings on the physiological and pathological significance of the 3' untranslated region (3'UTR) of the *Tardbp* gene using a targeted deletion mouse model (Dinh et al., 2025).

In behavioral analysis, heterozygous mice showed no overt abnormalities in early life but exhibited mild motor dysfunction at 18 months of age or older. Histological analysis revealed a significant reduction in the number of ChAT-positive motor neurons in the ventral horn of the spinal cord. Furthermore, biochemical analysis detected elevated TDP-43 protein levels in the spinal cords of aged mice, whereas no such changes were observed in the brain. These results demonstrate that the regulation of *Tardbp* expression via the 3'UTR exhibits both age- and tissue-specific dependencies *in vivo*. These insights into the spatiotemporal regulation of TDP-43 are crucial for understanding the pathophysiology of ALS and provide a foundation for therapeutic strategies targeting early-stage pathogenesis.

メンバー構成
Members

- チームディレクター [Team Director]
  天野 孝紀 Takanori AMANO, Ph.D.
- 開発研究員 [Research & Development Scientist]
  Tra Thi Huong Dinh, Ph.D.
- 特別研究員 [Postdoctoral Researcher]
  齋藤 彩圭 Ayaka SAITO Ph.D.
- テクニカルスタッフ II [Technical Staff II]
  井村 智草 Chigusa IMURA
  塩川 真悠 Mayu SHIOKAWA
- 客員研究員 [Visiting Scientist]
  吉田 圭介 Keisuke YOSHIDA Ph.D.
  清澤 秀孔 Hidenori KIYOSAWA Ph.D.
- アシスタント [Assistant]
  星山 恵美子 Emiko HOSHIYAMA

遺伝子発現エピゲノム研究チーム

Transcriptome-Epigenome Research Team



チームディレクター　久保 直樹（医博）　Naoki KUBO, M.D., Ph.D.

ミッションと事業概要

生物個体を構成する細胞・組織の多様性やその機能は、ゲノムの精緻かつ複雑な制御機構の上に成り立っており、これを理解するには、さまざまなエピゲノム修飾や遺伝子発現を細胞種ごとに精密に計測する必要がある。当チームでは、最新の遺伝子発現解析、エピゲノム・3D ゲノム解析を駆使するとともに、新規解析技術の開発にも取り組んでいる。モデル動物から iPS 細胞に至る多様なバイオリソースを活用して、実験とコンピュータ解析の両面から、多様な細胞種や疾患特異的なゲノム制御機構の解明を目指している。

The diversity and functions of cells and tissues that constitute living organisms are governed by precise and complex regulatory mechanisms of the genome. To understand these mechanisms, it is essential to accurately measure various epigenomic modifications and gene expression patterns in a cell-type-specific manner. Our team employs state-of-the-art transcriptomic, epigenomic, and 3D genome analyses while also developing novel analytical technologies. By utilizing diverse bioresources ranging from model organisms to iPS cells, we aim to elucidate the gene and genome regulatory mechanisms underlying diverse cell types and disease-specific states through both experimental and computational approaches.

2025年度の成果

Research & Development in FY2025

(1) 遺伝子発現およびエピゲノム情報の多様な解析基盤の構築

2025 年度は、テクニカルスタッフおよび学生など研究人材の人的体制の整備とともに、当チームの基盤となる各種遺伝子発現およびエピゲノム解析プラットフォームの構築を行った（図 1）。さまざまな形式の最新のシングルセル遺伝子発現解析やエンハンサー RNA 解析、超微量の DNA メチル化解析などを新たに導入し、BRC 内だけでなく大学などの研究機関から解析受託を行い、共同研究の輪を広げた。一方で現在、3D ゲノム情報などの独自の解析法や、新たな AI モデルを用いたシングルセル情報のコンピュータ解析法の開発などにも取り組んでいる。

(2) 生殖・発生におけるノンコーディングゲノムの機能解明

上述の最新の遺伝子発現およびエピゲノム解析を駆使し、マウス初期発生や生殖細胞形成などで重要な役割を持つエンハンサー領域候補の精度の高い抽出に挑んでいる。一部で実際に標的エンハンサーのノックアウトマウスを作成し、精子形成異常を認めるなど、その重要性を確認している。

(3) ノンコーディングゲノムの機能と表現型を結ぶ研究

理研 BRC が参画する国際マウス表現型解析コンソーシアム（IMPC）は、マウスゲノム上の全てのコーディング遺伝子に対するノックアウトマウスの網羅的な表現型データを蓄積してきた。そして、次のフェーズとして、ノンコーディングゲノムを対象に、大規模なエピゲノム情報を取り入れた分野横断的な国際プロジェクトを提案し、BRC 発のワーキンググループ発足に貢献した。ノンコーディングゲノムと表現型を結びつける本試みは、挑戦的であるがゆえにほとんど未開拓であり、次世代のゲノム医療・精密医療に不可欠なゲノム情報基盤の構築に貢献する。

(1) Establishment of Diverse Platforms for Epigenomic and Transcriptomic analysis

In FY2025, we established a research team including technical staff and students, and developed a range of transcriptomic and epigenomic analysis platforms that form the foundation of our activities. We introduced various state-of-the-art technologies, including multiple modalities of single-cell transcriptome analysis, enhancer RNA (eRNA) analysis, and ultra-low-input DNA methylation analysis. These platforms have been utilized not only within BRC but also for collaborative research with universities and other research institutions. At the same time, we are also developing our own analytical approaches, including methods for 3D genome analysis and

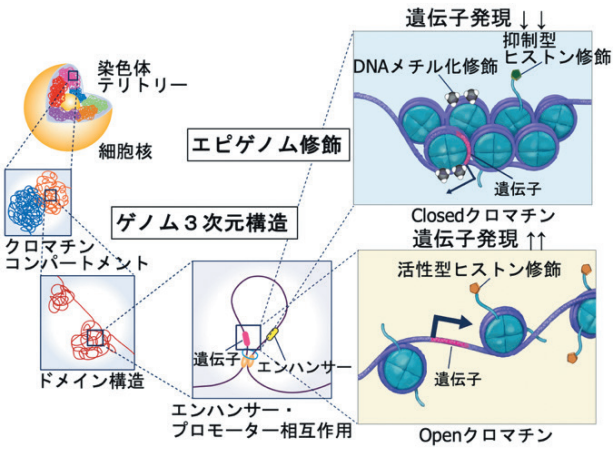


図 1　細胞核内でゲノム上の遺伝子活性を制御する各種エピゲノム修飾およびゲノム 3 次元構造

Fig. 1 Epigenomic modifications and 3D genome architecture that regulate gene activity within the cell nucleus.

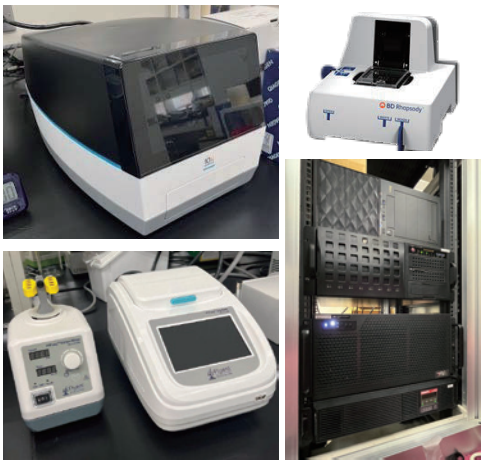


図 2　シングルセル解析用の機器と深層学習を含むデータ解析用のサーバー

Fig. 2 Single-cell analysis instruments and servers for data analysis, including deep learning.

computational frameworks for single-cell data using novel AI models.

(2) Functional characterization of the non-coding genome in reproduction and development

By leveraging the aforementioned advanced transcriptomic and epigenomic analyses, we are working to identify high-confidence candidate enhancer regions that play critical roles in early embryonic development and germ cell formation in mice. For selected candidates, we have generated knockout mouse models targeting specific enhancers and have observed phenotypes such as defects in spermatogenesis, thereby confirming their functional importance.

(3) Linking non-coding genome function to phenotypes

The International Mouse Phenotyping Consortium (IMPC), in which RIKEN BRC participates, has systematically accumulated phenotypic data from knockout mice targeting all protein-coding genes in the mouse genome. As the next phase, we have proposed an international project focusing on the non-coding genome, incorporating large-scale epigenomic datasets, and have contributed to the establishment of a BRC-led working group. This effort to link non-coding genomic elements with phenotypes is highly challenging and remains largely unexplored; however, it is expected to contribute to the establishment of essential genomic information platforms for next-generation genomic and precision medicine.

メンバー構成
Members

- チームディレクター [Team Director]
  久保 直樹 Naoki KUBO, M.D., Ph.D.
- 理研スチューデント・リサーチャー [RIKEN Student Researcher D]
  赤池 哉太 Kanata AKAIKE
- 大学院生リサーチ・アソシエイト [Junior Research Associate]
  髙木 大吾 Daigo TAKAGI
- テクニカルスタッフ II [Technical Staff II]
  横山 英子 Eiko YOKOYAMA
- アシスタント [Assistant]
  池澤 美智子 Michiko IKEZAWA

ゲノム可塑性発生制御研究チーム

Developmental Genome Plasticity Research Team

チームディレクター　坂下 陽彦（バイオサイエンス博）　Akihiko SAKASHITA, Ph.D.



ミッションと事業概要

全能性とは、一つの細胞があらゆる細胞種へと分化できる能力を指し、哺乳動物では受精卵のみがその能力を発揮します。当チームは、受精卵が発生過程を経て個体を形成し、生殖を通じて世代継承される仕組みの解明を目指して発足しました。発生・分化に伴うエピゲノムおよび転写ネットワークの動態、非コード領域の機能、さらには多様なモデル生物を用いた比較解析を通じて、動物ゲノムに高度な可塑性を与える制御因子ネットワークと、その進化的多様性・保存性を明らかにし、哺乳類の生殖系列におけるゲノム制御機構の理解と生殖・再生医療の発展に貢献します。

How the fertilized egg orchestrates the formation of multicellular organs and entire organism, while establishing the germ cell lineage to ensure the continuity of life, is a central question in developmental biology. Our team seeks to understand how early embryos achieve this extraordinary developmental genome plasticity by dissecting epigenetic remodeling, transcriptional network activation, and the functional roles of non-coding genetic reservoirs. We also explore the evolutionary diversity and conservation of developmental programs through cross-species comparative analyses. These studies will reveal how non-coding genome functions regulate genome plasticity during germline development and provide new insights that ultimately contribute to reproductive biology and regenerative medicine in mammals.

2025年度の成果

Research & Development in FY2025

(1) 種特異的 ERVs による ZGA 制御機構の解析

受精卵は卵子と精子の受精によって誕生する新たな次世代の生命である。受精卵では大規模なクロマチン再構築により、胚性ゲノムの活性化（ZGA）と呼ばれるゲノム広範囲な転写惹起が生じる。これにより、卵子に蓄えられていた母性因子による発生制御は、胚自身の遺伝子を用いた制御へと切り替わり、自律的な個体発生を可能にする分化全能性が獲得される。興味深いことに、進化の過程でマウスゲノムに感染したトランスポゾンの一種である MERVL は、全能性期特異的に一過的な高発現を示す。当研究チームを含むこれまでの研究成果により、この全能性期特異的な MERVL の転写が、宿主であるマウス胚の全能性制御に関与し、個体発生を開始する制御因子として働くことが見出されている。一方で、MERVL はマウスゲノム内で独自に進化したマウス特異的 ERV 因子であるため、我々ヒトを含む他の生物種においては、別の種特異的トランスポゾンが宿主の個体発生に寄与している可能性が高い。

本年度では、ヒト、ハムスター、マウスのゲノムにおいて、高品質なトランスポゾンおよび非コードゲノム領域のアノテーションを付加し、通常の遺伝子ターゲティングでは解析が困難な ERVs を含むトランスポゾンの機能解析を可能とする基盤技術の開発を行った（図 1）。トランスクリプトーム解析により、ヒト、ハムスターならびにマウスの初期発生過程における ZGA の転写動態を比較したところ、ZGA によって発現が誘導される遺伝子セットや発現パターンは高い種特異性をもつこと、また、これらの発現は生物種特異的にゲノム上に獲得されたトランスポゾンによって制御されていることが明らかとなった。これらの結果から、種特異的なトランスポゾン配列が、その生物種固有の遺伝子発現ネットワークの創出に寄与するように収斂的に進化した可能性が示唆された（図 2）。

(1) Analysis of ZGA regulatory mechanisms mediated by species-specific ERVs

A fertilized egg represents the beginning of a new life in the next generation that arises through the fusion of an oocyte and sperm. In the fertilized egg, extensive chromatin remodeling induces genome-wide transcriptional activation known as zygotic genome activation (ZGA). Through this process, developmental control mediated by maternally stored factors is replaced by regulation using the embryo's own genome, thereby enabling the acquisition of totipotency, which supports autonomous embryonic development. Intriguingly, MERVL, a murine retrotransposon whose interspersed copies were expanded in a mouse genome-specific manner, during biological evolution, is transiently and

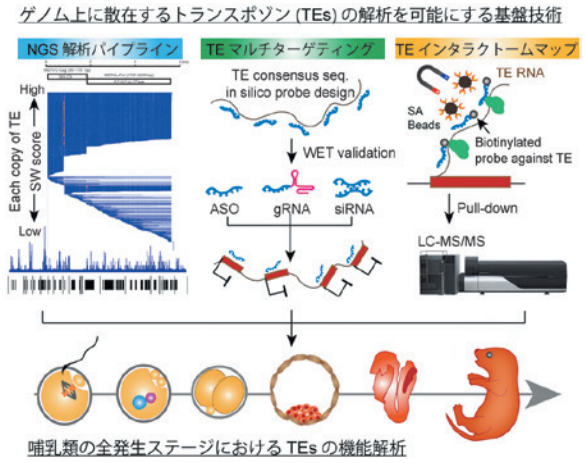


図 1　ゲノム上に散在するトランスポゾンの機能解析を実現する基盤技術
Fig. 1 A technical platform for functional analysis of transposable elements interspersed throughout the genome

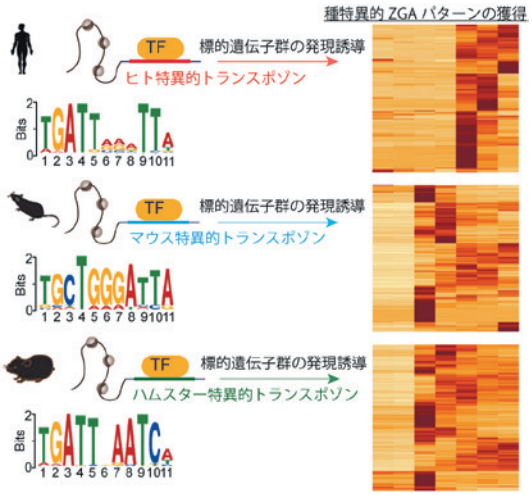


図 2　初期発生過程における ERVs による種特異的 ZGA 制御機構
Fig. 2 ERV-driven mechanisms underlying species-specific ZGA regulation during early embryonic development

specifically highly expressed in the cells at totipotent state. Previous studies, including our own, have shown that this totipotent-stage-specific transcription of MERVL contributes to the regulation of totipotency in mouse embryos and functions as a regulatory factor that initiates embryonic development. However, because MERVL is a mouse-specific ERV that evolved uniquely within the mouse genome, it is highly likely that other species-specific transposons contribute to embryonic development in other organisms, including humans. In this fiscal year, we developed a technical platform for functional analyses of transposable elements, including ERVs, whose functions are difficult to investigate using conventional gene-targeting approaches, such as TALEN and CRISPR/Cas9, and generated high-quality annotations of transposable elements and non-coding genomic regions in the human, golden hamster, and mouse genomes (Fig. 1). Through transcriptome analyses, we compared the transcriptional dynamics of ZGA during early embryonic development in humans, hamsters, and mice. These analyses revealed that both the gene sets transcriptionally activated during ZGA and their expression patterns are highly divergent across species. We also found that these expression programs are regulated by transposons that were acquired in a species-specific manner in each genome. These findings suggest that species-specific transposons may have convergently evolved to contribute to the creation of species-specific gene regulatory networks (Fig. 2).

メンバー構成
Members

- チームディレクター [Team Director]
  坂下 陽彦 Akihiko SAKASHITA, Ph.D.
- アシスタント [Assistant]
  安部 純子 Junko ABE
- パートタイマー [Part-time Worker]
  張 博 Bo ZHANG
- 研修生 [Student Trainee]
  張 博 Bo ZHANG

BRC センター長室



BRC Director's Office

室長　城石 俊彦（理博）　Toshihiko SHIROISHI, Ph.D.

ミッションと事業概要

当室ではセンターの内外、またセンター内の各研究室をシームレスに繋ぐことにより、バイオリソース事業及び研究などのセンターの業務がより円滑に遂行されるよう多岐にわたる支援活動を展開している。また、通常は各兼務先研究室でのアシスタント業務などをこなしながら相互に連携し、センターがかかわる研究集会の企画・運営支援など、センター全体の業務にも貢献している。

We provide a broad range of support services to ensure the smooth operation of BRC's activities, including its projects and research initiatives, by serving as a liaison between BRC and external organizations and by coordinating across BRC's constituent laboratories.

In addition to performing administrative and secretarial duties in our respective affiliated laboratories, we collaboratively support the Center-wide activities, including the planning and management of regular scientific meetings and academic conferences open to the broader research community in which BRC participates.

2025年度の成果

Research & Development in FY2025

(1) ライセンス交渉や MTA 契約支援

バイオリソースの知財権にかかわるライセンス交渉を国外の権利保持機関と行った。また、開発室やセンター長と連携して Material Transfer Agreement（MTA）条文の調整を行い、外部機関との包括 MTA 契約において窓口業務を行った。具体的には下記の業務を担当することで、バイオリソースの利活用拡大に貢献した。

①MTA 契約締結に関する問い合わせや要望などの受付窓口
②外部機関との包括 MTA 契約締結のための窓口業務
③寄託・提供 MTA 契約において各開発室とセンター長の判断を反映した MTA 条文の調整
④ライセンス契約の提案・締結業務及びリソース提供状況の取りまとめとライセンス保持機関への報告

(2) 研究集会の企画・運営の支援

センターが主催あるいはかかわる研究集会の企画・運営支援を通じて、センター内外の学術交流に貢献した。2025 年度は下記のイベント開催で貢献した。

①国際研究集会「The 15th AMMRA & AMPC Meeting」を事務局として企画・運営
②マウス遺伝学の学術交流を目的とする「モロシヌス研究会」の事務局として第 35 回年会事務局の補佐
③BRC セミナー、BRC 談話会、研究業務報告会、見学会等の周知と運営支援（図 1）
④リソース事業開発室毎に年三回開催した開発室業務報告会の開催支援

(3) センター長秘書業務及び新規チーム立ち上げ時の秘書業務支援

センター長のスケジュール調整・管理を行った。また、新規チームの立ち上げ時において、アシスタント不在期間の秘書業務の支援を行うことで円滑な研究活動のスタートアップに貢献した。

①センター長、センター執行部、研究推進部のスケジュール調整と打合せの準備
②遺伝子発現エピゲノム研究チーム、ゲノム可塑性発生制御研究チーム、微生物ゲノミクス理研 ECL 研究ユニットの立ち上げ時においてアシスタントが着任するまで研究室秘書業務を支援

(1) Licensing Negotiations and Support for executing MTA

We conducted licensing negotiations with overseas organizations holding intellectual property rights related to bioresources. We also worked with the bioresource divisions and the Center Director to coordinate and revise the terms of Material Transfer Agreements (MTAs) for the coordination and execution of comprehensive MTAs with external organizations. Through these activities, we supported the broader utilization of bioresources by performing the following responsibilities:

1. Acting as a point of contact for inquiries and requests regarding the execution of MTAs
2. Serving as a point of contact for executing comprehensive MTA with external organizations
3. Coordinating MTA clauses in deposit and distribution agreements in line with the policies of individual bioresource divisions and the Center Director
4. Proposing and executing license agreements, executing license agreements and preparing reports on bioresource distribution for submission to rights holders

(2) Support for the Planning and Management of Research Conferences

We supported academic exchange within and outside BRC by assisting with the planning and management of research conferences organized or co-organized by BRC. In fiscal year 2025, we supported the following activities:

1. Serving as the secretariat for the international conference "The 15th AMMRA & AMPC Meeting"
2. Supporting the 35th Annual Meeting of the "Molossinus Colloquium," which promotes academic exchange within the domestic mouse genetics community
3. Assisting with the promotion and management of BRC seminars, the BRC colloquium, BRC Research Progress Reports, facility tours, and related events (Fig. 1)
4. Supporting the organization of quarterly progress report meetings held by each Resource Division

(3) Secretarial Support for the Center Director and Newly Established Teams

We coordinated the Center Director's schedule and supported the smooth operation of meetings and related activities. We also provided temporary secretarial support for newly established teams until assistants were assigned, facilitating a smooth launch of their research activities.

1. Coordinating schedules and supporting meetings for the Center Director, BRC Executive Board, and the Research Promotion Division
2. Providing temporary laboratory secretarial support during the launch of the Transcriptome-Epigenome Research Team, the Developmental Genome Plasticity Research Team, and the Microbial Genomics RIKEN ECL Research Unit



図 1　BRC 談話会ポスター
Fig. 1 Poster for a BRC colloquium

メンバー構成
Members

- 室長 [Office Director]
  城石 俊彦 Toshihiko SHIROISHI, Ph.D.
- 室長代理 [Manager]
  黒柳 拓男 Takuo KUROYANAGI
- 研究支援専門職 [Research Administrative Support Staff]
  小林 正智 Masatomo KOBAYASHI
  草山 美和子 Miwako KUSAYAMA
- アシスタント [Assistant]
  川嶋 直美 Naomi KAWASHIMA
  岩城 志乃 Shino IWAKI
  酒井 智江 Tomoe SAKAI
  佐谷 昌子 Masako SAYA
  塚原 文乃 Ayano TSUKAHARA
  安居 麻貴子 Makiko YASUI
  植田 尚子 Naoko UEDA



平井連携研究グループ（質量分析・顕微鏡解析ユニット）

Hirai Research Collaborative Group (Mass Spectrometry and Microscopy Unit)

チームディレクター　平井 優美（農博）　Masami HIRAI, Ph.D.

ミッションと事業概要

本ユニットでは、生育環境に応答した植物の成長や形態変化などの表現型を自動で解析する装置 RIPPS（RIKEN Integrated Plant Phenotyping System）を開発し、これを利用しながら、植物のストレス応答機構の解明を進めている。さらに、植物表現型解析プラットフォームとして、理研内外の研究者との共同研究により RIPPS を用いた植物の形質評価とデータ収集を行っている。BRC をはじめとした内外との共同研究による表現型解析を進め、植物科学の発展に資するデータの蓄積と公開に取り組んでいる。また、当ユニットは、環境資源科学研究センターに所属し、バイオリソース研究センターとの連携推進に貢献している。

This unit has developed the RIKEN Integrated Plant Phenotyping System (RIPPS), which automatically analyzes plant phenotypes in response to environment. Using this system, we are trying to elucidate the stress response mechanisms in plants. Furthermore, as a platform for plant phenotyping, we are evaluating plant traits and collecting data using RIPPS in collaboration with researchers inside and outside RIKEN. We are working on phenotypic analysis in collaboration with BRC and other collaborators and are accumulating and releasing data that will contribute to the development of plant science. The unit also belongs to the CSRS and contributes to the promotion of collaboration with the BRC.

2025年度の成果

Research & Development in FY2025

(1) 表現型解析システム RIPPS（RIKEN Integrated Plant Phenotyping System）の開発

植物の複雑な環境応答機構を理解するためには、土壌・光・湿度・温度などの様々な環境条件を精密に制御し、これらの変化に対する成長の経時的な変化を解析する必要がある。我々は、植物の自動育成解析装置 RIPPS を開発し、精密な育成環境コントロール下での表現型解析プラットフォームの構築を行っている。乾燥や高温、塩害などの環境ストレスに加えて、栄養欠乏応答や、共生微生物との相互作用に関する共同研究を進めている。本年度は、バイオリソース研究センターおよび環境資源科学研究センターに新規に導入した RIPPS の稼働とシステム制御ソフトウェアの改良を進めた（図 1）。

(2) 作物型 CRIPPS によるダイズの品種間差評価

シロイヌナズナの解析のために開発した 120 ポットタイプの RIPPS は、ブラキポディウムやキヌア、マイクロトムの初期成長の解析に用いることができる。さらに我々は、個体サイズが大きく、シロイヌナズナよりも強い光を成長に必要とする、ダイズなどの作物の解析のために、作物型の CRIPPS（Crop-type RIPPS）を開発してきた。CRIPPS は、太陽光を模した強光照射が可能な照明を搭載し、大きなポットを 42 個搬送できる装置である。また、精密なポンプ制御による自動施肥システムを搭載しており、成長に応じた栄養条件の調整が可能となっている。本年度は、CRIPPS を用いて、ダイズの品種間差比較を行った。乾燥条件でも収量低下が起こりにくい乾燥耐性品種を見いだした。（図 2）。

(1) Improvement of plant phenotyping system RIPPS (RIKEN Integrated Plant Phenotyping System)

To elucidate plant growth response to various environmental conditions in detail, we constructed an automatic growth and imaging system named RIPPS that control pot soil moisture precisely. In addition to environmental stresses such as drought, high temperatures, and high salt conditions, collaborative research is being conducted on nutrient deficiency responses and interactions with symbiotic microorganisms. In this year, we initiated and optimized the operation of newly installed RIPPS systems at the BRC and the CSRS, and further improved the system control software (Fig. 1).

(2) Establishment of a crop-evaluation system using CRIPPS (Crop-type RIPPS)

The 120-pot type RIPPS developed for the analysis of *Arabidopsis thaliana* can be used for analyses of early stage of

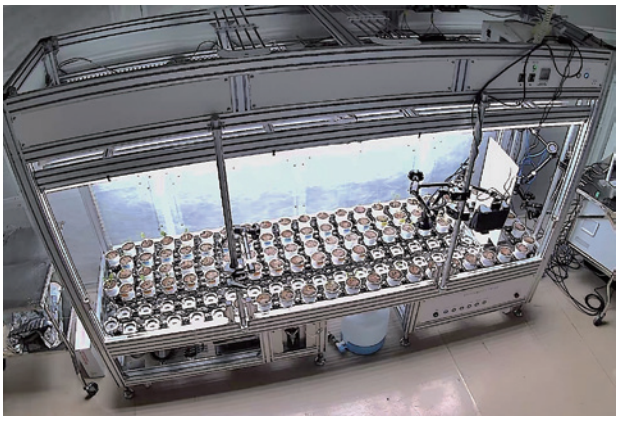


図 1　新規導入 RIPPS の稼働開始。
Fig. 1 Initiation of newly installed RIPPS device

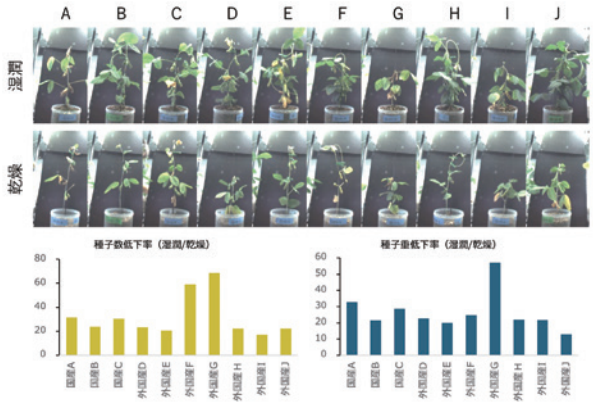


図 2　CRIPPS によるダイズ品種の乾燥耐性評価。
湿潤および乾燥条件でのダイズの成長（上）と収量の変化（下）
Fig. 2 Estimation of drought tolerance of soybean cultivers
Soybean growth (top) and yield changes (bottom) in response to drought.

middle-size plants such as Brachypodium, Quinoa, and Micro-Tom. We have also developed a crop-type CRIPPS for the analysis of larger crops such as soybean that require stronger light for growth than Arabidopsis. The CRIPPS is equipped with LED light with continuous wavelength that emulate sunlight and can analyze 42 large pots. It is also equipped with an automatic fertilization system with precise pump control, which enables adjustment of nutritional conditions according to plant growth. This year, we performed a comparative study of soybean cultivars using CRIPPS and identified drought-tolerant lines that exhibited little yield reduction under dry conditions (Fig. 2).

メンバー構成
Members

- チームディレクター [Team Director]
  平井 優美 Masami HIRAI, Ph.D.
- 上級技師 [Senior Technical Scientist]
  藤田 美紀 Miki FUJITA, Ph.D.
- テクニカルスタッフ II [Technical Saff II]
  米本 麻里 Mari YONEMOTO
- アシスタント [Assistant]
  小澤 久美子 Kumiko OZAWA（環境資源科学研究センター CSRS）
- パートタイマー [Part-time Worker]
  野田 美絵子 Mieko NODA

市橋連携研究グループ
（ホロビオント・レジリエンス研究チーム）

Ichihashi Research Collaborative Group (Holobiont and Resilience Research Team)



チームディレクター　市橋 泰範（理博）　Yasunori ICHIHASHI,Ph.D.

ミッションと事業概要

生物は長い時間をかけて進化し、生息環境に適応してきた。その過程で人類は農業を発明し、自然界の生命の仕組みを利用して食料を生産してきた。しかし、近年では生態系への過度な介入が多くの環境問題を引き起こしている。人類が自然を支配するのでなく、人類と自然が調和するために、土壌 - 植物 - 微生物の複雑系をシステムレベルで解明し、エンジニアリングする研究を進める。農業現場や自然環境のリアルワールドデータを活用し、ハイパフォーマンス・コンピューティングを駆使したコンバージェンス・サイエンスにより、環境問題の革新的な解決策に貢献する。

Over billions of years, organisms have evolved and adapted to their environments. Humans harnessed this natural ingenuity by inventing agriculture, leveraging life's mechanisms to produce food. Yet, recent excessive interventions in ecosystems have led to numerous environmental issues. Instead of dominating nature, our aim is to harmonize with it by understanding and engineering the intricate soil-plant-microbe systems at a systemic level. By utilizing real-world data from agricultural and natural environments and employing high-performance computing, our convergence science aims to contribute innovative solutions to environmental challenges.

2025年度の成果

Research & Development in FY2025

(1) リアルワールドデータ取得とSoil Bank構想の推進

温州ミカン圃場を対象としたリアルワールドデータを用いて農業現場に存在する複雑性を定量化した。その結果、従来は有機栽培によって土壌炭素が増加すると考えられてきたが、実際には肥料の種類に関わらず、施肥投入量を抑えた管理体系において高い土壌炭素蓄積が確認され、リアルワールドデータ取得の重要性が示された。

さらに、土壌微生物叢が環境情報を長期的に保持する「土壌の記憶」として機能する可能性に着目し、全国 314 地点の土壌サンプルを用いた機械学習解析を実施した。その結果、土壌マイクロバイオームデータから土壌物理化学性や過去の気象条件など、多様な環境情報を予測可能であることを明らかにした。特に、微生物群集内の生活史戦略の違いが、短期・長期の環境履歴情報の保持に関与する可能性が示唆された。

これらの研究を基盤として、土壌サンプルを体系的に収集・保存し、環境情報を解読可能な新たなバイオリソースとして活用する Soil Bank 構想を推進している。また、市民科学プロジェクト Soil Memory を通じた土壌サンプル収集体制の構築にも取り組んでいる。

(2) 農業デジタルツインと微生物リソース開発

Soil Bank を基盤として、農業デジタルツインおよび有用微生物リソース開発を推進している。農業デジタルツインでは、大豆栽培を対象とした予測モデルの実装と検証を進め、異なる播種条件や環境変動条件下におけるシミュレーション精度向上に取り組んだ。現在、実用フェーズへの移行を進めるとともに、イネ栽培への展開を構想している。

微生物リソース開発では、アーバスキュラー菌根菌 *Entrophospora pallida* の単離培養に成功し、植物根の成長促進効果を確認した。圃場試験を進めるとともに、新種記載論文の投稿準備を進めている。

さらに、極限環境由来微生物の探索として、Ktedonobacteria 綱および Vulcanimicrobiota 門に属する新規系統の単離培養と解析を進めた。メタゲノム解析により、巨大な chromid 様染色体外エレメントが二次代謝遺伝子の蓄積および進化に重要な役割を果たしていることを示し、土壌微生物が未開拓の有用生物資源として高い可能性を持つことを明らかにした。

(1) Real-World Data Acquisition and Development of the Soil Bank Concept

Using field-scale Real-world datasets collected from citrus orchards, we conducted integrated analyses combining soil, plant, and environmental information to quantify the complexity of agricultural management systems. Although organic farming has often been assumed to increase soil carbon accumulation, our analyses showed that management systems with reduced fertilizer inputs exhibited higher soil carbon levels regardless of whether the fertilizers were organic

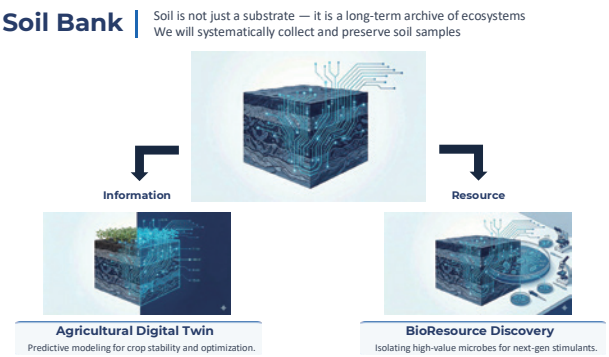


図 1　Soil Bank 構想の概要。土壌微生物叢を通じて環境情報を保存・解読し、農業デジタルツインや微生物資源開発へ展開する。

Fig. 1 Overview of Soil Bank concept, linking environmental information stored in soil microbiomes to agricultural digital twins and microbial resource discovery.

or chemical. These findings demonstrate the importance of real-world data acquisition for understanding sustainable agriculture.

We also investigated the possibility that soil microbiomes function as a long-term "memory" of environmental conditions. Machine learning analyses using soil samples collected from 314 sites across Japan demonstrated that diverse environmental parameters, including soil physicochemical properties and past weather conditions, could be predicted from soil microbiome data. Furthermore, differences in microbial life-history strategies appeared to contribute to the retention of environmental information across both short and long time scales.

Based on these findings, we are advancing the "Soil Bank" concept, which aims to systematically collect and preserve soil samples as a new type of bioresource containing environmental information (Fig. 1). In parallel, we are promoting a citizen-science-based sampling framework through the "Soil Memory" project to enable scalable and community-driven soil collection.

(2) Agricultural Digital Twin and Development of Microbial Resources

Building upon the Soil Bank platform, we are developing both agricultural digital twin systems and beneficial microbial resources. In the agricultural digital twin project, we further improved prediction models for soybean cultivation by integrating soil and environmental datasets into crop growth simulations. The system is now entering the practical implementation phase. In addition, we have started conceptual development of a next-generation digital twin model for rice cultivation.

For microbial resource development, we successfully isolated and cultivated the arbuscular mycorrhizal fungus *Entrophospora pallida* and confirmed its plant root growth-promoting effects. Field trials are currently ongoing, and a manuscript describing this novel species is under preparation.

We also continued exploration of microbial diversity from extreme environments and isolated novel lineages belonging to the class Ktedonobacteria and the phylum Vulcanimicrobiota. By integrating shotgun metagenomic analyses with genome analyses of cultured strains, we discovered that large chromid-like extrachromosomal elements play important roles in the accumulation and evolution of secondary metabolite genes. These findings highlight soil microorganisms as a highly valuable and largely untapped source of future biotechnological resources.

メンバー構成
Members

- チームディレクター [Team Director]
  市橋 泰範 Yasunori ICHIHASHI,Ph.D.
- 研究員 [Research Scientist]
  矢部 修平 Shuhei YABE,Ph.D.
  山﨑 真一 Shinichi YAMAZAKI, Ph.D.
  楊 重陽 Chongyang YANG, Ph.D.
- 学振特別研究員 PD [JSPS PD Researcher]
  大熊 直生 Nao OKUMA,Ph.D.
- 特別研究員 [Postdoctoral Researcher]
  藤原 風輝 Fuki FUJIWARA, Ph.D.（2025 年 10 月より）
- 理研スチューデント・リサーチャー [RIKEN Student Researcher M]
  二川 倫 Rin FUTAGAWA　野村 旭 Asahi NOMURA
- テクニカルスタッフ II [Technical Staff II]
  能勢 結衣 Yui NOSE　朴 昭英 Soyoung PARK, Ph.D.
- 客員研究員 [Visiting Scientist]
  伊沢 剛 Tsuyoshi ISAWA　小泉 敬彦 Takahiko KOIZUMI,Ph.D.
  島﨑 智久 Tomohisa SHIMASAKI,Ph.D.
  大津 厳生 Iwao OHTSU, Ph.D.　川口 英明 Hideaki KAWAGUCHI
- 研究嘱託 [Research Consultant]
  佐藤 弘一 Hiroichi SATO
- アシスタント [Assistant]
  南部 真夕 Mayu NANBU
- パートタイマー [Part-Timer]
  鶴田 昭子 Akiko TSURUTA　仲谷 珠緒 Tamao NAKATANI
  堤 寛子 Hiroko TSUTSUMI　田中 敬子 Keiko TANAKA
  坂口 恵 Megumi SAKAGUCHI
  タジュル モハメド イスラム Tajul Md. Islam
  髙橋 ひろ美 Hiromi TAKAHASHI
- 実習生 [Intern]
  井上 健太郎 Kentaro INOUE　レー フー ホアン LE HUU HOAN
- 研究生 [Research Fellow]
  木原 駿太 Shunta KIHARA
- 研修生 [Student Trainee]
  村島 和基 Kazuki MURASHIMA　村上 陸 Riku MURAKAMI
  鷲尾 太一 Taichi WASHIO

研究発表

Publications

Experimental Animal Division

Article

Nakashiba T, Sugiyama T, Iwano S, Iwama M, Yoshiki A, Miyawaki A, Abe K. Assessing leaky expression of Cre-dependent DNA constructs in the mouse genome using sensitive bioluminescent reporters, Cell Reports Methods, 101369 (2026), peer-reviewed, 10.1016/j.crmeth.2026.101369

Hang A, Shao A, Shea M, Roux MJ, Imai-Leonard DM, Adams DJ, Amano T, Amarie OV, Berberovic Z, Bour R, Bower L, Leonard BC, Brown SD, Cho SY, Clementson-Mobbs S, D'Souza AJ, Dickinson M, Eskandarian M, Flenniken AM, Fuchs H, Gailus-Durner V, Heaney J, Hérault Y, de Angelis MH, Hsu C, Jin S, Joynson R, Kang YK, Kim H, Masuya H, Nam K, Noh H, Nutter LM, Palkova M, Prochazka J, Raishbrook MJ, Riet F, Salazar J, Seavitt JR, Sedlacek R, Selloum M, Seo KY, Seong JK, Shin H, Shiroishi T, Sorg T, Stewart M, Tamura M, Tolentino H, Udensi U, Wells S, Wurst W, Yoshiki A, Meziane H, Yiu GC, Sieving PA, Lanoue L, Lloyd KC, McKerlie C, Moshiri A, Consortium ft. Ocular Phenotyping of Knockout Mice Identifies Genes Associated With Late Adult Retinal Phenotypes, Investigative Ophthalmology & Visual Science 66(6), 64 (2025), peer-reviewed, 10.1167/iovs.66.6.64

Briere A, Vo P, Yang B, Adams D, Amano T, Amarie O, Berberovic Z, Bower L, Brown SD, Burrill S, Cho SY, Clementson-Mobbs S, D'souza A, Eskandarian M, Flenniken AM, Fuchs H, Gailus-Durner V, Hérault Y, de Angelis MH, Jin S, Joynson R, Kang YK, Kim H, Masuya H, Meziane H, Nam K, Noh H, Nutter LM, Palkova M, Prochazka J, Raishbrook MJ, Riet F, Salazar J, Sedlacek R, Selloum M, Seo KY, Seong JK, Shin H, Shiroishi T, Stewart M, Svenson K, Tamura M, Tolentino H, Wells S, Wurst W, Yoshiki A, Lanoue L, Lloyd KC, Leonard BC, Roux MJ, McKerlie C, Moshiri A, Consortium fT. Systematic Ocular Phenotyping of Knockout Mouse Lines Identifies Genes Associated With Age-Related Corneal Dystrophies, Investigative Ophthalmology & Visual Science 66(5), 7 (2025), peer-reviewed, 10.1167/iovs.66.5.7

Ogawa E, Oikawa T, Ayabe S, Miwa T, Mizuno S, Nozaki T, Kosaki K, Yoshiki A, Tamura M, Takenouchi T. Haploinsufficiency of *Runx2* restores the cranial sutures in a mouse model of *Pdgfrb*-related craniosynostosis, Human Molecular Genetics 34(22), 1856–1864 (2025), peer-reviewed, 10.1093/hmg/ddaf148

綾部信哉, 阿部学. 遺伝子改変動物作製技術の進展とバイオリソースの遺伝品質管理, BIO Clinica 40(9), 45–48 (2025), 査読無

Rahmawati NY, Dinh TT, Oikawa T, Shinogi A, Ikeda K, Kadota M, Tamura M, Amano T, Yoshiki A. Luminescent mouse model of endometriosis: three-dimensional morphology of lesions and cytokine profiles, Experimental Animals 74(4), 419–428 (2025), peer-reviewed, 10.1538/expanim.25-0044

Takada T, Miyazawa H, Yamagata M, Tamura M, Yoshiki A, Toyoda A, Noguchi H, Masuya H. MoG+3.0: expanded structural variant visualization and integration of genomic data from five newly analyzed mouse strains., Mammalian Genome, (2025), peer-reviewed

Dinh TT, Imura C, Shiokawa M, Ayabe S, Yoshiki A, Inoue H, Amano T. A partial deletion of the *Tardbp* 3´UTR affects TDP-43 regulation and leads to motor dysfunction in mice, Experimental Animals 75(1), 25–61 (2025), peer-reviewed, 10.1538/expanim.25-0061

Presentation

Masuya H, Yamagata Y, Yamagata M, Furuse T, Ayabe S, Shibuya H, Kadota M, Suzuki K, Kushida T, Tamura M, Yoshiki A, Niimi K, Fujisawa S, Shimogori T. AI Model Development for Daily Mouse Behaviors in RIKEN AGIS Project, AMMRA 2025, Kawasaki, Japan, September 18–19 (2025)

廣瀬美智子, 長谷川歩未, 門田雅世, 渡邊奈緒美, 吉田圭介, 天野孝紀, 吉木淳, 小倉淳郎, 井上貴美子. Establishment of embryonic stem cells from wild-derived strains of mice, The 15th AMMRA & AMPC Meeting, 川崎市, Japan, September 18–19 (2025)

Dinh TT, Ayabe S, Yoshiki A, Inoue H, Amano T. TDP-43 dysregulation and motor impairment in mice carrying a partial *Tardbp* 3´UTR deletion, 第48回日本分子生物学会年会, 神奈川県横浜市, Japan, December 3–5 (2025)

Kubo N, Oguchi A, Masuya, Amano T, Kawaji H, Kasukawa T, Oki S, Takada T, Ogura A, Murakawa Y, Tamura M, Yoshiki A, Shiroishi T. Phenotypic Annotation of the Mouse Non-Coding Genome: A Next-Phase Proposal for IMPC, the 15th AMMRA & AMPC Meeting, 川崎市, Japan, September 18–19 (2025)

久保直樹, 小口綾貴子, 桝屋啓志, 天野孝紀, 川路英哉, 粕川雄也, 沖真弥, 高田豊行, 井上貴美子, 小倉淳郎, 村川泰裕, 田村勝, 吉木淳, 城石俊彦. マウス表現型解析の次なるターゲットとし

てのノンコーディングゲノムの機能探索，第48回日本分子生物学会年会, 横浜市, 日本, 12月3–5日 (2025)

綾部信哉．遺伝子改変マウス作製およびその遺伝品質管理の技術開発を通したバイオリソース基盤整備，第35回モロシヌス研究会, 東京, 日本, 11月25–26日 (2025)

綾部信哉．動物実験の論文投稿とARRIVEガイドライン・PREPAREガイドラインについて，北海道大学FD研修会，札幌, 日本, 5月29日 (2025)

綾部信哉, 中島謙一, 岩間瑞穂, 三輪佳宏, 吉木淳. 受精卵ゲノム編集を用いたノックインマウス作製における遺伝品質管理, 第72回日本実験動物学会総会，名古屋，日本，5月21–23日 (2025)

Ayabe S, Sato K, Mizuno S, Nakashiba T, Nakata H, Takada T, Inoue K, Mochida K, Amano T, Masuya H, Tamura M, Ogura A, Shiroishi T, Yoshiki A. Expansion and Value-Addition of Mouse Resources by RIKEN BRC/NBRP, The 15th AMMRA & AMPC Meeting in Kawasaki (2025 AMMRA & AMPC), Kawasaki, Japan, September 18–19 (2025)

綾部信哉．再現性の高い動物実験に貢献するバイオリソース事業, 千葉県がんセンター研究所 第898回集談会, Online, 7月10日 (2025)

Ayabe S, Nakata H, Nakashima K, Hashimoto T, Iwama M, Miwa Y, Yoshiki A. Genetic quality control for genetically engineered mouse models, 2025 Annual Meeting of the Asian Network of Research Resource Centers (ANRRC2025), Bangkok, Thailand, October 9–10 (2025)

中田初美, 酒井智江, 中山寿子, 牧野望, 吉木淳. BRCマウスリソース事業の業務管理システムの紹介, 第4回理研実験動物ネットワーク会議, 和光市, 日本, 12月9–9日 (2025)

Takada T, Usuda D, Kushida T, Mitsuhashi N, Moriya Y, Chiba H, Amano T, Tamura M, Yoshiki A, Toyoda A, Noguchi H, Kasukawa T, Masuya H. Enhancements of the mouse genome variation database MoG+ for supporting advanced biomedical research, 第72回日本実験動物学会総会，名古屋市，Japan，May 21–23 (2025)

高月照江, Susan BM, 櫛田達矢, 土肥栄祐, 吉木淳, 藤原豊史, 五斗進, 桝屋啓志. 哺乳類表現型オントロジー（MP）の日本語訳, 第65回日本先天異常学会学術集会, 伊勢市, 日本, 7月25–27日 (2025)

Masuya H, Furuse T, Ayabe S, Kadota M, Suzuki K, Yamagata Y, Takada T, Kushida T, Tamura M, Yoshiki A, Niimi K, Fujisawa S, Shimogori T. Toward The Development of AI that Comprehensively Learns Daily Behaviors of Mice and Marmosets, The 38th International Mammalian Genome Conference, Glasgow, United Kingdom, April 6–9 (2025)

仲柴俊昭、杉山崇、岩野智、吉木淳、岩間瑞穂、宮脇敦史、阿部訓也．高感度生物発光レポーターにより評価したマウスゲノムにおけるCre依存的DNAコンストラクトのリーク発現, 第48回日本分子生物学会年会, 横浜市, 日本, 12月3–5日 (2025)

Nakashiba T, Sugiyama T, Iwano S, Iwama M, Yoshiki A, Miyawaki A, Abe K. Assessing leaky expression in Cre-dependent DNA constructs using sensitive bioluminescent reporters, 第54回日本免疫学会学術集会，姫路市，日本，12月10–12日 (2025)

仲柴俊昭. Assessing leaky expression in Cre-dependent DNA constructs using sensitive bioluminescent reporters, 第25回日本再生医療学会総会, 神戸市, 日本, 3月19–20日 (2026)

Experimental Plant Division

Article

Yoshino K, Tanaka R, Yoshida S, Numajiri Y, Teramoto S, Kitomi Y, Uga Y, Kawakatsu T. Biomarker genes for model-based prediction of drought-stress perception levels in rice, BMC Plant Biology 25(1), 1216 (2025), peer-reviewed, 10.1186/s12870-025-07175-5

Presentation

井内聖, 森文江, 井内敦子, 阿相幸恵, 齊藤裕子, 川勝泰二. 理研BRCのExp-Plantカタログへの新規リソースの追加と公開 (2025)，日本植物学会第89回大会，福岡，Japan，9月18–20日 (2025)

井内聖, 川勝泰二. 理研BRCのExp-plantカタログへのバイオリソース情報の追加について, 第67回日本植物生理学会年会, 東京, Japan, 3月13–15日 (2026)

門田慧奈, 井内聖, 小林正智, 松永浩子, 竹山春子, 祢宜淳太郎, 櫻庭康仁, 柳澤修一, 射場厚. 野生シロイヌナズナの低窒素環境克服形質に関わる主働遺伝子の探索，第67回日本植物生理学会年会, 東京, Japan, 3月13–15日 (2026)

川勝泰二. 植物におけるネイティブクロマチンの取扱, 第48回日本分子生物学会年会　フォーラム2F-13，横浜，日本，12月3–5日 (2025)

Ahsen G, Shiraishi K, Tonosaki K, Okamoto S, Kaga A, Kuroda R, Matsuoka J, Toyoda A, Kawakatsu T, Maruko C, Takahashi K, Okazaki K, Okada M, Fukai E. Essential Contributions of GmDDM1 to Epigenetic Stability and Seed Development in Soybean, 第67回日本植物生理学会年会, 東京, Japan, March

13–15 (2026)

Fukuda H, Fukuda A, Sakamoto T, Kawahara Y, Naito K, Kawakatsu T, Yonemaru J, Ogawa D. Uncovering Agronomically Favorable Genotypes in Temperate Japonica Rice through Haplotype Analysis of a Japan-MAGIC population, 第67回日本植物生理学会年会, 東京, 日本, 3月13–15日 (2026)

Nomura Y, Shinozaki Y, Kawakatsu T, Kojima M, Takebayashi Y, Sakakibara H, Edura H, Ariizumi T. Integrated Analysis of Tissue-Specific Transcriptomes and Transcription Factor Binding Sites Reveals Jasmonate-Mediated Fruit Set In Tomato, Plant and Animal Genome 33, San Diego, United States, January 8–14 (2026)

舟山枝里, 保坂碧, 赤司裕子, 森下友梨香, 山口佳穂, 吉田綾, 木田晴菜, 吉田英樹, 井藤純, 川勝泰二, 辻寛之. イネ茎頂メリステムの相転換時に起こるクロマチンアクセシビリティの変化, 第67回日本植物生理学会年会, 東京, 日本, 3月13–15日 (2026)

舟山枝里, 保坂碧, 赤司裕子, 山口佳穂, 木田晴菜, 吉田英樹, 井藤純, 川勝泰二, 辻寛之. フロリゲン活性化複合体によるイネ茎頂メリステムのクロマチンアクセシビリティの制御, 日本育種学会 第148回講演会, 北海道, 日本, 9月10–11日 (2025)

Yoshino K, Tanaka R, Yoshida S, Numajiri Y, Teramoto S, Kitomi Y, Uga Y, Kawakatsu T. Biomarker genes for model-based prediction of drought-stress perception levels in rice, Plant and Animal Genome 33, San Diego, United States, January 9–14 (2026)

小林俊弘, 菅原真由美, 蔀有里, 香西麻美子, 川勝泰二. 理研BRCにおける植物培養細胞リソースの収集・提供・品質管理に関する2025年度の進捗, 第67回日本植物生理学会年会（東京年会）, 東京, 日本, 3月13–15日 (2026)

川勝泰二. 干ばつ × オミクス: バイオマーカー遺伝子を用いた干ばつストレス診断, 日本育種学会第148回講演会, 札幌市, 日本, 9月10–11日 (2025)

小林俊弘, 菅原真由美, 蔀有里, 香西麻美子, 阿相幸恵, 井内敦子, 齊藤裕子, 川勝泰二. 2025年度の理研BRCにおける植物培養細胞リソースの収集・提供・品質管理, 第42回日本植物バイオテクノロジー学会（神戸）大会, 神戸, 日本, 9月5–7日 (2025)

Book

小林俊弘. 植物の培養細胞・組織の超低温保存, 生き物と温度の事典, 朝倉書店, 4-33,348-349, (2025)

Cell Engineering Division (RIKEN Cell Bank)

Article

Kasai F, Fukumoto K, Saijo K, Nakamura K, Miyagi Y. Normal human cell strains characterized by the properties of mesenchymal stromal cells: implications for the fundamental features of cultured cells, Human Cell 39(1), 33 (2026), peer-reviewed, 10.1007/s13577-025-01338-0

Nishigaya Y, Takase S, Sumiya T, Kikuzato K, Hiroyama T, Maemoto Y, Aoki K, Sato T, Niwa H, Sato S, Ihara K, Nakata A, Matsuoka S, Hashimoto N, Namie R, Honma T, Umehara T, Shirouzu M, Koyama H, Nakamura Y, Yoshida M, Ito A, Shirai F. Discovery of potent substrate-type lysine methyltransferase G9a inhibitors for the treatment of sickle cell disease, Eur J Med Chem 293, 117721 (2025), peer-reviewed, 10.1016/j.ejmech.2025.117721

Presentation

Nakamura K. Efforts to Expand Cell Materials and Enhance Quality Control at the Cell Bank of the RIKEN BioResource Research Center. 2025 Annual Meeting of the Asian Network of Research Resource Centers (ANRRC2025), Bangkok, Thailand, October 9–10 (2025)

中村和昭. 細胞の仕組みから再生医療・遺伝子治療まで, おとなのためのサイエンス講座『薬と病気と健康と』第3回, つくば, 日本, 11月22–22日 (2025)

中村和昭. 化学物質評価に活用可能な細胞リソースとin vitroモデル, 第103回日本生理学会大会シンポジウム『次世代の化学物質評価を切り拓くバイオリソースとモデル系の最前線』, 東京, 日本, 3月10-12日 (2026)

Gene Engineering Division (RIKEN DNA Bank)

Presentation

綾部信哉, 中島謙一, 岩間瑞穂, 三輪佳宏, 吉木淳. 受精卵ゲノム編集を用いたノックインマウス作製における遺伝品質管理, 第72回日本実験動物学会総会, 名古屋, 日本, 5月21–23日 (2025)

Ayabe S, Nakata H, Nakashima K, Hashimoto T, Iwama M, Miwa Y, Yoshiki A. Genetic quality control for genetically engineered mouse models, 2025 Annual Meeting of the Asian Network of Research Resource Centers (ANRRC2025), Bangkok, Thailand,

October 9–10 (2025)

Miwa Y. Elucidation of fibrosis-specific collagen fibril structure with collagen imaging technique, The 10th RIKEN Life Science Retreat, Numazu, Japan, January 19–19 (2026)

三輪佳宏. バイオの安全保障輸出管理 ～担当者が知っておきたい表とウラ～, 筑波大学安全保障輸出管理勉強会, つくば, 日本, 1月16–16日 (2026)

三輪佳宏. HaloTag の in vivo 応用 ～コラーゲンイメージングマウス～, 第 48 回日本分子生物学会ナイトカフェセミナー「Promega Dynamic Connection」, 横浜, 日本, 12月3–3日 (2025)

三輪佳宏. うまく付き合う薬の仕組み, おとなのためのサイエンス講座『薬と病気と健康と』第4回, つくば, 日本, 11月29–29日 (2025)

三輪佳宏. 薬からみる最新医学, おとなのためのサイエンス講座『薬と病気と健康と』第1回, つくば, 日本, 11月8–8日 (2025)

三輪佳宏. バイオ/ライフサイエンス分野の輸出管理は何が分かりにくいのか？, 輸出管理 DAY for ACADEMIA 2025(EFA2025), 東京, 日本, 12月5–5日 (2025)

三輪佳宏. コラーゲンイメージングによる線維症の解明, 2025年度 JSTさきがけ合同研究会, 岡山市, 日本, 9月27–28日 (2025)

三輪佳宏. 具体例でわかる！ 知らないと危ないバイオの安全保障輸出,「具体例でわかる！知らないと危ないバイオの安全保障輸出」該非判定「バイオ・化学版」に関する説明会, Online, 9月11–11日 (2025)

三輪佳宏, 番奏絵, 森夕海, 大嶋健太, 木嶋順子. コラーゲンイメージングモデルマウスによる線維症発症の解明, 第35回モロシヌス研究会, 世田谷, 日本, 11月25–26日 (2025)

三輪佳宏, 木嶋順子, 笹沼俊一, 野崎晋五, 飯田哲史. コラーゲンイメージング技術によって解き明かす繊維症特異的なコラーゲンフィブリル構造, 第98回日本生化学会大会, 京都市, 日本, 11月3–5日 (2025)

Miwa Y. Analysis of Accumulating Errors in NCBI International Nucleotide Sequence Database, ANRRC2025, BangKok, Thailand , October 9–10 (2025)

野﨑晋五, 三輪佳宏. λファージを利用した大腸菌ゲノムへの遺伝子群のワンステップ導入, 第48回日本分子生物学会年会, 横浜, 日本, 12月3–5日 (2025)

大波純一, 笹沼俊一, 野﨑晋五, 中村宣篤, 村田武英, 櫛田達矢, 臼田大輝, 栗原恵子, 湯原直美, 並木由理, 桝屋啓志, 三輪佳宏. 理研BRCカタログデータ情報環境整備とDNAリソース提供業務の高度化, トーゴーの日シンポジウム2025, 東京都, 日本, 10月20–20日 (2025)

南山泰之, 塩谷昌之, 大波純一, 増井誠生, 長岡千香子, 古川雅子. 研究データ管理の知識を好循環させる情報サイト：RDMkit-jp, トーゴーの日シンポジウム2025, 東京都, 日本, 10月20–20日 (2025)

Nakashima K, Miwa Y. Development of tightly controlled expression system to elucidate highly toxic genes, during establishment of SARS-CoV-2 genetic resources, Joint Meeting of JSCB 77th & JSDB 58th, Nagoya, Japan, July 16–18 (2025)

Kijima J, Sasanuma S, Iida T, Nozaki S, Miwa Y. Maintenance of ECM Resource in RIKEN DNA Bank- Collagen Full-length cDNA Resources, International Symposium on Multimodal ECM−Toward Elucidating ECM Dynamics−, Gotemba, Japan, September 3–4 (2025)

Miwa Y, Kijima J, Sasanuma S, Iida T, Nozaki S. Qualitative Analysis of Collagen Fibril Structure in Fibrosis Based on Fibril Imaging New Technique in vitro and in vivo, International Symposium on Multimodal ECM−Toward Elucidating ECM Dynamics−, Gotemba, Japan, September 3–4 (2025)

三輪佳宏. AIを応用した英語文献自動探索システムの開発とDNAバンク業務への実装, NBRPオンラインワークショップ2025, Online, 7月25–25日 (2025)

三輪佳宏, 番奏絵, 木嶋順子. Visualization and analysis of in vivo collagenfibrils in the whole body of model mouse, Joint Meeting of JSCB 77th & JSDB 58th, Nagoya, Japan, July 16–18 (2025)

三輪佳宏. バイオ（遺伝子実験等）の外為法関連, 安全保障貿易管理に関する大塚製薬社内勉強会, 徳島市, 日本, 7月11–11日 (2025)

三輪佳宏. Collagen Imaging Research and Development of Genetic Resources for ECM Research, 筑波大学ライフイノベーション学位プログラムオープンセミナー, Tsukuba, Japan, June 12–12 (2025)

三輪佳宏, 木嶋順子. 医学・生命科学分野との分野連携に向けた蛍光・発光イメージングのための動物実験の基礎知識, 第49回有機電子移動化学討論会, 東京, 日本, 6月27–27日 (2025)

泉奏良, 小野凜之輔, 後藤田想, 飯田哲史, 小川志帆, 田中誠司. 出芽酵母 S期サイクリン Clb6の構成的発現がもたらす異常な細胞分裂, 酵母遺伝学フォーラム第58回研究報告会, 千葉市, 日本, 9月3–5日 (2025)

黄瑩, 顧胡佳瑞, 藤田紗瑛, 飯田哲史, 小川志帆, 田中克典.

SUMO 翻訳後修飾が関与する分裂酵母環状染色体細胞の生存機構の解析，酵母遺伝学フォーラム第58回研究報告会，千葉市, 日本, 9月3–5日 (2025)

飯田哲史, 菅谷貴子, 鳥越香子, 三輪佳宏. Schizosaccharomyces pombe decatenationベクターシリーズの構築, 酵母遺伝学フォーラム第58回研究報告会, 千葉市, 日本, 9月3–5日 (2025)

飯田哲史. 核内 DNA の絡まりを解消する機構, さきがけ「エピジェネティクスの制御と生命機能」領域 第8回 終了領域研究会, 軽井沢, 日本, 9月1–2日 (2025)

大波純一, 木嶋順子, 三輪佳宏. ショウジョウバエ科4種ゲノムのIV型コラーゲンCg25cの配列比較解析と変異傾向の検討, 日本進化学会第27回大会，滋賀県長浜市，日本，8月20–23日 (2025)

野﨑晋五. λファージの in vitro パッケージングによる普遍形質導入, 第21回21世紀大腸菌研究会, 高岡市, 日本, 6月12–13日 (2025)

木嶋順子, 笹沼俊一, 飯田哲史, 野﨑晋五, 三輪佳宏. コラーゲン完全長cDMAリソースの整備， 第57回日本結合組織学会学術大会, 大阪, 日本, 6月7–8日 (2025)

三輪佳宏, 番奏絵, 木嶋順子. フィブリルイメージングモデルマウスを用いた発現解析, 第57回 日本結合組織学会学術大会, 吹田市, 日本, 6月7–8日 (2025)

Microbe Division (RIKEN JCM)

Article

Fujita N, Hashimoto A, Ohkuma M, Hosoya T, Kakishima M. *Microbotryum crypticum*, a new anther smut fungus on *Silene miqueliana* from Japan, Mycoscience 67(1), 1–9 (2025), peer-reviewed, 10.47371/mycosci.2025.10.001

Maruoka N, Kudo R, Igai K, Shimizu M, Yuki M, Ohkuma M, Hongoh Y. Discovery and genomics of H_2-oxidizing/O_2-reducing *Deferribacterota* ectosymbiotic with protists in the guts of termites and a *Cryptocercus* cockroach, ISME Communications 6(1), ycag002 (2026), peer-reviewed, 10.1093/ismeco/ycag002

遠藤力也. シーケンスに頼らない種同定を目指して ～酵母におけるMALDI-TOF MS迅速同定の現状と課題～, 日本防菌防黴学会誌 53(10), 333–340 (2025), 査読無

Ban S, Endoh R, Hayashi M, Ito J, Uehara Y, Kota A, Yamashita K, Horiyama M, Miwa K, Oowada T, Yaguchi T, Tanaka K, Ohkuma M. Large-Scale Expansion of the MALDI-TOF MS Library for Comprehensive Identification of Yeasts and Filamentous Fungi in Clinical and Sanitary Contexts, Medical Mycology Journal 66(3), 113–123 (2025), peer-reviewed, 10.3314/mmj.24-00031

飯野隆夫, 砂場敏行, 若井暁, 大熊盛也. 天然ガス・ヨウ素回収施設から分離・培養されたチオ硫酸還元細菌と硝酸還元細菌による微生物腐食，鉄と鋼 112(3), 97–102 (2026), 査読有, 10.2355/tetsutohagane.tetsu-2025-052

Kanno N, Ohtani T, Oda N, Kato S, Ohkuma M, Shigeto S. Domain-Level Classification of Archaea and Bacteria Using AI-Assisted Single-Cell Raman Spectroscopy, ACS Omega 11(10), 16913–16921 (2026), peer-reviewed, 10.1021/acsomega.6c00460

Tanimoto K, Kato S, Tokunaga K, Hamamura N, Ohkuma M, Mitsunobu S. Percent-Level Copper Mineralisation Promoted by Copper-Tolerant Iron-Oxidising Bacteria in Circumneutral Mine Drainage, Environmental Microbiology 27(12), e70212 (2025), peer-reviewed, 10.1111/1462-2920.70212

Hisatomi A, Ohkuma M, Sakamoto M. *Hominimerdicola intestinalis* sp. nov. and *Ruminococcus sporogenes* sp. nov., isolated from human faeces, and reclassification of *Ruminococcus albus* Hungate 1957 as *Hominimerdicola alba* comb. nov., Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 76(2), 007091 (2026), peer-reviewed, 10.1099/ijsem.0.007091

Yamamoto Y, Shirouzu T, Hashimoto A, Ohkuma M. *Neostagonosporella sasae (Phaeosphaeriaceae, Pleosporales)*, a newly described species from bamboo leaves in Japan, Mycoscience 66(3), 171–179 (2025), peer-reviewed, 10.47371/mycosci.2025.03.001

Kobayashi Y, Ohkuma M, Aoki K, Tanaka N, Takashima M. Chromosome-resolved genome assemblies of *Rhodotorula toruloides* reveal abnormal chromosomal evolution under artificial culture conditions, Scientific Reports 16(1), 1732 (2025), peer-reviewed, 10.1038/s41598-025-31366-7

Nishihara A, Kato S, Ohkuma M. Exploring the Diversity and Metabolic Potential of CO_2 fixation Mediated by RubisCO in Prokaryotes in the Japan Collection of Microorganisms, Microbes and Environments, (2026), peer-reviewed, 10.1264/jsme2.ME25035

Tsukamoto Y, Sakai HD, Takano Y, Koga T, Nishihara A, Kawai S, Yoshizawa S, Ohkuma M. *Caldiplasma sukawensis* gen. nov., sp. nov., and *Cuniculiplasma thermophilum* sp. nov., mesophilic, acidophilic, cell–wall–less, archaea of the order Thermoplasmatales, isolated from extremely acidic hot spring, Systematic and Applied Microbiology 49(2), 126686 (2026), peer-reviewed, 10.1016/j.syapm.2025.126686

Takahashi K, Hisatomi A, Mori K, Yuki M, Noda S, Hongoh Y, Ohkuma M, Sakamoto M. Reclassification of the genus *Dysgonomonas* and description of *Dysgonomonas reticulitermitis* sp. nov. and *Viscerimonas tarda* gen. nov., sp. nov. from the gut of the subterranean termite *Reticulitermes speratus*, Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 76(1), 007031 (2026), peer-reviewed, 10.1099/ijsem.0.007031

飯田敏也. 理研BRC-JCMの微生物株を利用した研究成果の商用利用について, 日本微生物資源学会誌 41(2), 89–92 (2025), 査読無

Ang A, Robert V, Hisatomi A, Hirasaki M, Maeno S, Ohkuma M, Sakamoto M, Chatel J, Endo A. Corrigendum: *Faecalibacterium langellae* sp. nov. isolated from human faeces, Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 75(7), 006838 (2025), peer-reviewed, 10.1099/ijsem.0.006838

Kanaya R, Maeno S, Hisatomi A, Ohkuma M, Sakamoto M, Endo A. *Apilactobacillus pseudapinorum* sp. nov., isolated from polyfloral honey, Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 76(1), 007027 (2026), peer-reviewed, 10.1099/ijsem.0.007027

Goto-Ito S, Kato S, Takahashi M, Sakamoto A, Yamagata A, Lee Y, Ehara H, Sato M, Toyooka K, Ohkuma M, Ito T. Structural analysis of a symbiotic system involving a *Nanobdellati* archaeon by cryo-electron tomography, The Journal of Biochemistry 179(1), 21–30 (2025), peer-reviewed, 10.1093/jb/mvaf049

Yamamoto E, Hisatomi A, Miwa K, Sakurai N, Koizumi A, Ohkuma M, Tsuchihashi H, Sakamoto M. Proposal of two novel species, *Allocoprococcus similis* gen. nov., sp. nov. and *Faecalimonas hominis* sp. nov., isolated from human faeces and genome-based reorganization of the genus *Coprococcus*, Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 76(1), 007011 (2026), peer-reviewed, 10.1099/ijsem.0.007011

坂本光央. ヒト常在細菌の分類学的研究とバイオリソース整備, Microb. Resour. Syst. 41(2), 37–44 (2025), 査読有

Aoki K, Ohkuma M, Sugita T, Kobayashi Y, Tanaka N, Takashima M. Nuclear division phenotypes in Sporidiobolales and Trichosporonales, Microbiology Spectrum 13(11), e01327–25 (2025), peer-reviewed, 10.1128/spectrum.01327-25

Kobayashi Y, Tanaka N, Matsutani M, Kurokawa Y, Aoki K, Ohkuma M, Manabe R, Takashima M. Whole-genome based phylogeny and comparative genomics of *Sporidiobolales* and related taxa of *Basidiomycetes*, IMA Fungus 16, e141626 (2025), peer-reviewed, 10.3897/imafungus.16.141626

Moriyama T, Endo C, Isagi Y, Tanaka C, Ohkuma M, Hashimoto A. *Trizodia silvestris* sp. nov., a novel species of cyanolichen from Japan, Symbiosis 96, 53–66 (2025), peer-reviewed, 10.1007/s13199-025-01059-w

橋本陽. 未培養系統群を含めた菌類の命名規約の最近の動向について (その2), 日本微生物資源学会誌 41(1), 10–14 (2025), 査読有

Okamoto T, Sarr PS, Asai H, Tsujimoto Y, Nishigaki T, Takai T, Rakotonindrina TV, Rakotonindrina H, Andriamananjara A, Nishihara A, Ohkuma M, Kondo M. Continuous farmyard manure application increases nitrogen fixation capacity of soils and relative abundance of iron-oxidizing diazotrophs in nutrient-deficient paddy fields in Madagascar, Plant Biotechnology, (2025), peer-reviewed, 10.5511/plantbiotechnology.25.0414b

Hisatomi A, Yoshida T, Hasunuma T, Ohkuma M, Sakamoto M. Difficult-to- culture micro-organisms specifically isolated using the liquid-liquid co-culture method – towards the identification of bacterial species and metabolites supporting their growth, Microbiology 171(7), 001581 (2025), peer-reviewed, 10.1099/mic.0.001581

久富敦. 共生関係を利用した難培養性の人腸内細菌の分離・培養法, 日本乳酸菌学会誌 36(2), 67 (2025), 査読無

Nakagawa S, Yagi H, Suyama T, Shimamura S, Yanaka S, Yagi-Utsumi M, Kato S, Ohkuma M, Kato K, Takai K. Exploring protein *N*-glycosylation in ammonia-oxidizing *Nitrososphaerota* archaea through glycoproteomic analysis., mBio 16(6), e03859-24 (2025), peer-reviewed, 10.1128/mbio.03859-24

Abe K, Yuki M, Imagawa Y, Hisatomi A, Ohkuma M, Sakamoto M, Noda S. Genome-based reclassification of the genus *Lactococcus* and two novel species *Pseudolactococcus yaeyamensis* gen. nov., sp. nov. and *Lactovum odontotermitis* sp. nov. isolated from the gut of termites, Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 75(6), 006803 (2025), peer-reviewed, 10.1099/ijsem.0.006803

Uchijima T, Kato S, Tanimoto K, Shiraishi F, Hamamura N, Tokunaga K, Makita H, Kondo M, Ohkuma M, Mitsunobu S. Custom-made medium approach for effective enrichment and isolation of chemolithotrophic iron-oxidizing bacteria, FEMS Microbiology Ecology 101(6), fiaf051 (2025), peer-reviewed, 10.1093/femsec/fiaf051

Ang Li Xuan A, Robert V, Hisatomi A, Hirasaki M, Maeno S, Ohkuma M, Sakamoto M, Chatel J, Endo A. *Faecalibacterium langellae* sp. nov. isolated from human faeces, Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 75(6), 006804 (2025), peer-reviewed, 10.1099/ijsem.0.006804

坂本光央. 腸内細菌の代謝産物を介した微生物間相互作用―コハク酸利用をはじめとした腸内細菌の生存戦略―, 化学と

生物 63(6), 281–287 (2025), 査読有

酒井博之, 大熊盛也. 新門Microcaldota 門が提唱されるまでの歩み, 極限環境生物学会誌 23(2), 26–33 (2025), 査読有

Koike K, Murotomi K, Hamajima M, Tourlousse DM, Hisatomi A, Sakamoto M, Sekiguchi Y. Complete genome sequences of *Sellimonas intestinalis* JCM 30749T, *Sellimonas caecigallum* JCM 35759T, and *Sellimonas catena* JCM 35622^{T} and JCM 35623, Microbiol. Resour. Announc. 14(4), e01282-24 (2025), peer-reviewed, 10.1128/mra.01282-24

Presentation

遠藤力也. 樹液酵母とは何か？ その分類と生態に迫る, 第207回酵母細胞研究会例会, 横浜, 日本, 7月11–11日 (2025)

Endoh R, Kato S, Ohkuma M. Current Status and Efforts to Achieve a High-quality Lineup of the Yeast Collection in RIKEN BioResource Research Center-JCM, ANRRC2025 & CAS-ANSO International Conference on Microbial Power, Bangkok, Thailand, October 8–10 (2025)

福士宗幸, 飯野隆夫, 藤吉奏, 殷悦, Robert B, Tanja W, 丸山史人. 難培養性細菌系統Patescibacteriota の生態機能, 日本微生物生態学会第38回大会, 東京, 日本, 9月7–10日 (2025)

飯野隆夫, 山本彩加, 春田伸, 大熊盛也. *Candidatus* Methanogranum caenicola Kjm51a株の培養およびゲノム特性, 日本微生物資源学会第31回大会, 東京, 日本, 9月18–20日 (2025)

飯野隆夫, 山本彩加, 春田伸, 大熊盛也. 新規メタン生成アーキア*Candidatus* Methanogranum caenicola Kjm51a株の培養およびゲノム特性, 日本微生物生態学会第38回大会, 東京, 日本, 9月7–10日 (2025)

髙橋一樹, 丸岡直弥, 元位美夢, 堀川雄太郎, 大熊盛也, 本郷裕一. 細胞内共生Clostridia綱細菌の発見とゲノム縮小過程の解明, 日本微生物資源学会 公益財団法人発酵研究所 学会・研究部会助成 公開シンポジウム, 東京, 日本, 3月2–2日 (2026)

加藤真悟, 伊藤隆, 大熊盛也. *Nanobdella aerobiophila* をモデルとした絶対共生性 *Nanobdellati* アーキア研究の展開, 日本微生物資源学会 公益財団法人発酵研究所 学会・研究部会助成 公開シンポジウム「微生物の新たな可能性探索」, 東京, 日本, 3月2日 (2026)

坂本光央. 新たなヒト腸内細菌の分離に向けて, 発酵と代謝研究会／ 2025年度公開講演会「さまざまな視点から「発酵と代謝」研究をあらためて考える(6)」, 東京, 日本, 3月30日 (2026)

久富敦, 大熊盛也, 坂本光央. 新規芽胞形成細菌の分離法とその発芽因子の解明, 日本農芸化学会2026年度大会, 京都, 日本, 3月9–12日 (2026)

久富敦, 大熊盛也, 坂本光央. ヒト糞便から分離された*Hominimerdicola*属と*Ruminococcus*属の新菌種, 日本微生物資源学会 公益財団法人発酵研究所 学会・研究部会助成 公開シンポジウム「微生物の新たな可能性探索」, 東京, 日本, 3月2日 (2026)

阿部晃大, 大賀聖也, 久富敦, 大熊盛也, 坂本光央, 野田悟子. *Lactococcus*属の再分類とシロアリ腸内から単離した乳酸菌の分布, 日本微生物資源学会 公益財団法人発酵研究所 学会・研究部会助成 公開シンポジウム「微生物の新たな可能性探索」, 東京, 日本, 3月2日 (2026)

飯田敏也, 大熊盛也. 理研BRC-JCMの微生物株を利用した研究成果の商用利用について, 日本微生物資源学会第31回大会, 東京都, 日本, 9月18–20日 (2025)

加藤真悟. 難培養性原核生物株のゲノム情報の整備 〜JCMから利用可能な微生物株の利活用〜, NBRP オンラインワークショップ 2025, Online, 12月 (2025)

Kato S, Suzu K, Ohkuma M. Recent attempts to improve usability for strain selection at JCM, ANRRC2025 Annual Meeting, BangKok, Thailand, October (2025)

加藤真悟, 鈴幸二, 大熊盛也. JCM BLAST 検索の公開および分離源カテゴリのJCM株一覧表への追加, 日本微生物資源学会第31回大会, 世田谷区, 日本, 9月 (2025)

Nishihara A. Ecology and diversity of thermophilic nitrogen-fixing bacteria in a terrestrial hot spring, 18thSymposium on biological nitrogen fixation with non-legumes, Oxford, United Kingdom, August 30–30 (2025)

西原亜理沙, 加藤真悟, 大熊盛也. 文献検索とゲノム解析を駆使した大規模バイオリソースにおける新規炭酸固定微生物の網羅的探索, 日本微生物資源学会第31回大会, Tokyo, 日本, 9月18–20日 (2025)

青木敬太, 大熊盛也, 杉田隆, 小林裕樹, 田中尚人, 高島昌子. 担子菌酵母の核分裂表現型の研究, 第48回日本分子生物学会年会, 横浜, 日本, 12月3–5日 (2025)

小林裕樹, 田中尚人, 青木敬太, 大熊盛也, 高島昌子. 染色体全長レベルのゲノム解読による担子菌酵母*Rhodotorula toruloides* 種内の染色体構造変異解析, 第48回日本分子生物学会年会, 横浜, 日本, 12月3–5日 (2025)

傅潔洋, 劉伊婷, 吉岡拓哉, 猪飼桂, 間渕貴子, 木原久美子, 村上匠, Lo N, 大熊盛也, 本郷裕一. シロアリ腸内原生生物*Mixotricha paradoxa*のホロビオント内分業の解明, 日本共生生物学会第9回大会, 沖縄, 日本, 11月28日–12月1日 (2025)

野村多聞，齋藤崇登，室岡聡，猪飼桂，髙橋一樹，村上匠，佐藤朋之，　大熊盛也，　本郷裕一．　他種細菌に付着共生するAlphaproteobacteriaの比較ゲノム解析と付着機構の進化過程の推定，日本共生生物学会第9回大会，沖縄，日本，11月28日–12月1日 (2025)

藤原ゆり, 猪飼桂, 野村多聞, 村上匠, 大熊盛也, 本郷裕一. シロアリ腸内木質分解性原生生物*Pyrsonympha grandis* のオミクス解析，日本微生物生態学会第38回東京大会，東京，日本，9月7–10日 (2025)

野村多聞，齋藤崇登，室岡聡，猪飼桂，高橋一樹，村上匠，佐藤朋之，大熊盛也，本郷裕一．他種細菌に付着共生するAlphaproteobacteria の比較ゲノム解析と付着因子の探索, 日本微生物生態学会第38回東京大会，東京，日本，9月7–10日 (2025)

高橋一樹, 丸岡直弥, 元位美夢, 堀川雄太郎, 大熊盛也, 本郷裕一. Clostridia 綱における新規細胞内共生系統群の発見と収斂進化プロセスの解明, 日本微生物生態学会第38回東京大会, 東京, 日本, 9月7–10日 (2025)

徳田真穂, 山﨑凜, 敦賀俊太, 水口千穂, 野尻秀昭, 大熊盛也, 金原和秀, 新谷政己. ゲノム情報からプラスミドの宿主域を予測する，日本微生物生態学会第38回東京大会，東京，日本，9月7–10日 (2025)

押田祐美, 伊藤隆, 飯田敏也, 坂本光央, 飯野隆夫, 加藤真悟, 遠藤力也, 橋本陽, 西原亜理沙, 清水美智留, 鈴幸二, 森下羊子, 岩城志乃, 大熊盛也. 理研BRC-JCMの2024 年度活動報告, 日本微生物資源学会第31回大会, 東京, 日本, 9月18–20日 (2025)

青木敬太, 大熊盛也, 杉田隆, 小林裕樹, 田中尚人, 高島昌子. 担子菌酵母の核分裂の研究, 日本微生物資源学会第31回大会, 東京, 日本, 9月18–20日 (2025)

小林裕樹, 田中尚人, 青木敬太, 大熊盛也, 高島昌子. 染色体レベルのゲノムアセンブリにより判明した*Rhodotorula toruloides* 保存株における染色体構造変異，日本微生物資源学会第31回大会, 東京, 日本, 9月18–20日 (2025)

渡辺郁也, 飯野隆夫, 大熊盛也, 田中尚人, 齋藤宏昌, 山本紘輔. 塩生植物シバナから単離した*Qipengyuania* sp. 483 株の系統分類学的 研究と植物の耐塩性向上効果の検証, 日本微生物資源学会第31回大会, 東京, 日本, 9月18–20日 (2025)

加藤真悟, 増田幸子, 柴田ありさ, 伊藤隆, 坂本光央, 白須賢, 大熊盛也．　理研JCMで保有する難培養性原核生物のゲノム情報整備，第48回日本分子生物学会年会，横浜，日本，12月3–5日 (2025)

久富敦, 大熊盛也, 坂本光央. 新規発芽誘導法によるヒト腸内細菌の分離, 2025年度日本乳酸菌学会泊まり込みセミナー, 富山県氷見市, 日本, 11月13–14日 (2025)

酒井博之．酸性温泉から分離した絶対寄生性アーキアの性状解析, 日本温泉科学会第78回大会, 東京, 日本, 9月 (2025)

Schwarzer S, Sakai HD, Hackl T, Nunoura T, Kurosawa N, Ohkuma M, Quax TE. Symbionts and Invaders: Exploring the Nanobdellota-Metallosphaera-MTIV4 system, Thermophiles 2025, Münster, Germany, September 7–11 (2025)

橋本陽, 大熊盛也. JCM 保有*Paecilomyces* 菌株の分類学的再同定と既存登録配列の問題, 日本微生物資源学会第31回大会, 東京都世田谷区, 日本, 9月18–20日 (2025)

髙橋一樹, 久富敦, 森浩佐, 雪真弘, 野田悟子, 本郷裕一, 大熊盛也, 坂本光央. ヤマトシロアリから単離した新種候補株の記載と*Dysgonomonas*属の分類学的検討, 日本微生物資源学会第31回大会, 東京, 日本, 9月18–20日 (2025)

久富敦, 大熊盛也, 坂本光央. ヒト腸内芽胞形成細菌の新規発芽誘導法について, 日本微生物資源学会第31回大会, 東京, 日本, 9月18–20日 (2025)

坂本光央.ヒト常在細菌の分類学的研究とバイオリソース整備（学会賞受賞講演）, 日本微生物資源学会第31回大会, 東京, 日本, 9月18–20日 (2025)

加藤真悟．極限環境における「微生物ダークマター」の生態学的役割の解明, 日本微生物生態学会第38回大会, 東京, 日本, 9月 (2025)

坂本光央. ICSPとカルチャーコレクション, 日本微生物生態学会第38回東京大会, 東京, 日本, 9月7–10日 (2025)

Nishihara A. Co-evolutionary history of life and the Earth, Linking Earth's Past to the Habitability of Planets, 日本, 6月25–27日 (2025)

Nishihara A, Tsukatani Y, Azai C, Ohkuma M, Nobu MK. Broad phylogenetic analysis of the nitrogenase-oxidoreductase family reveals the evolutionary timeline of nitrogen fixation and photosynthesis, The 15th Asian Symposium on Microbial Ecology, Korea, May 28–30 (2025)

Nishihara A, Tsukatani Y, Azai C, Ohkuma M, Nobu MK. Unraveling the evolutionary history of photosynthesis through large-scale genome analysis, 日本地球惑星科学連合2025年大会, Japan, May 25–30 (2025)

加藤真悟, 伊藤隆, 栗原在, 中川麻悠子, 上野雄一郎, 大熊盛也. 新規硫酸還元アーキア　SRK02　株の詳細解析，　第37回日本Archaea研究会講演会, 岐阜市, 日本, 7月17–18日 (2025)

田辺倫己, 久富敦, 坂本光央, 佐藤拓海, 遠藤明仁. 酪酸産生菌を中心としたヒト腸内細菌の芽胞形成能，日本乳酸菌学会2025年度大会, 仙台, 日本, 7月4–6日 (2025)

久富敦, 吉田崇伸, 蓮沼誠久, 大熊盛也, 坂本光央. 液液共培養法によって得られた難培養腸内細菌種の生育支持因子の解明, 日本乳酸菌学会2025年度大会, 仙台, 日本, 7月4–6日 (2025)

久富敦, 大熊盛也, 坂本光央. Isolation of gut microbes using liquid-liquid co-culture and discussion of symbiotic relationships, 第98回日本細菌学会総会, 金沢, 日本, 5月29–31日 (2025)

坂本光央. カルチャーコレクションと ICSP & SeqCode, 第98回日本細菌学会総会, 金沢, 日本, 5月29–31日 (2025)

Book

Sakamoto M, Endo A. *Faecalibacterium*, Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria, (2026)

Sakai HD, Itoh T, Kato S, Naswandi N, Suwanto A, Ohkuma M, Kurosawa N. *Microcaldota*, Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria, Wiley, (2025)

Sakai HD, Itoh T, Kato S, Johnson MD, Shepherd DC, Nur N, Suwanto A, Ghosal D, Ohkuma M, Kurosawa N. *Microcaldus*, Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria, Wiley, (2025)

成島聖子, 坂本光央. 菌株単離・培養と選定・釣菌、保存, 実験医学別冊　達人直伝　マイクロバイオーム研究実践プロトコール, 羊土社, 172-181, (2025)

坂本光央. 細菌の分類と命名, 実験医学別冊　達人直伝　マイクロバイオーム研究実践プロトコール, 羊土社, 22-28, (2025)

Integrated Bioresource Information Division

Article

Tanaka N, Miura K, Ozaki A, Kozawa Y, Tamura M, Ogura A, Matoba S. Quantitative dissection of sexual dimorphism in mice through Y-linked gene knockouts and multivariate phenotyping, Scientific Reports 16(1), 2190 (2026), peer-reviewed, 10.1038/s41598-025-33814-w

Miyamoto H, Ito S, Suzuki K, Tamachi S, Yamada S, Nagatsuka T, Satoh T, Udagawa M, Miyamoto H, Ohno H, Kikuchi J. A putative research model for sustainable fisheries driven by noninvasive diagnostic imaging, The Innovation Life 3(3), 100155 (2025), peer-reviewed, 10.59717/j.xinn-life.2025.100155

Liu S, Nishida N, Cheng F, Tokunaga N, Munne R, Yamagata Y, Kozaki K, Utsuro T, Matsumoto Y. Better Generalizing to Unseen Concepts: An Evaluation Framework and An LLM-Based Auto-Labeled Pipeline for Biomedical Concept Recognition, Proceedings of the 19th Conference of the European Chapter of the Association for Computational Linguistics (Volume 1: Long Papers) 1, 3718–3734 (2026), peer-reviewed, 10.18653/v1/2026.eacl-long.172

Hang A, Shao A, Shea M, Roux MJ, Imai-Leonard DM, Adams DJ, Amano T, Amarie OV, Berberovic Z, Bour R, Bower L, Leonard BC, Brown SD, Cho SY, Clementson-Mobbs S, D'Souza AJ, Dickinson M, Eskandarian M, Flenniken AM, Fuchs H, Gailus-Durner V, Heaney J, Hérault Y, de Angelis MH, Hsu C, Jin S, Joynson R, Kang YK, Kim H, Masuya H, Nam K, Noh H, Nutter LM, Palkova M, Prochazka J, Raishbrook MJ, Riet F, Salazar J, Seavitt JR, Sedlacek R, Selloum M, Seo KY, Seong JK, Shin H, Shiroishi T, Sorg T, Stewart M, Tamura M, Tolentino H, Udensi U, Wells S, Wurst W, Yoshiki A, Meziane H, Yiu GC, Sieving PA, Lanoue L, Lloyd KC, McKerlie C, Moshiri A, Consortium ft. Ocular Phenotyping of Knockout Mice Identifies Genes Associated With Late Adult Retinal Phenotypes, Investigative Ophthalmology & Visual Science 66(6), 64 (2025), peer-reviewed, 10.1167/iovs.66.6.64

Briere A, Vo P, Yang B, Adams D, Amano T, Amarie O, Berberovic Z, Bower L, Brown SD, Burrill S, Cho SY, Clementson-Mobbs S, D'souza A, Eskandarian M, Flenniken AM, Fuchs H, Gailus-Durner V, Hérault Y, de Angelis MH, Jin S, Joynson R, Kang YK, Kim H, Masuya H, Meziane H, Nam K, Noh H, Nutter LM, Palkova M, Prochazka J, Raishbrook MJ, Riet F, Salazar J, Sedlacek R, Selloum M, Seo KY, Seong JK, Shin H, Shiroishi T, Stewart M, Svenson K, Tamura M, Tolentino H, Wells S, Wurst W, Yoshiki A, Lanoue L, Lloyd KC, Leonard BC, Roux MJ, McKerlie C, Moshiri A, Consortium fT. Systematic Ocular Phenotyping of Knockout Mouse Lines Identifies Genes Associated With Age-Related Corneal Dystrophies, Investigative Ophthalmology & Visual Science 66(5), 7 (2025), peer-reviewed, 10.1167/iovs.66.5.7

Nagasaki M, Katayama T, Moriya Y, Sekiya Y, Kawashima S, Teraoka R, Machida S, Matsubara T, Hashimoto H, Asakura A, Nagano A, Yamashita R, Takada T, Mitsuhashi N, Kamada M, Ohkawa Y, Tokunaga K, Kawai Y, Nagasaki M, Katayama T, Moriya Y, Kawashima S, Machida S, Matsubara T, Nagano A, Yamashita R, Takada T, Mitsuhashi N, Fujisawa T, Kamada M, Satoh D, Hachiya T, Ohira M, Kuroki Y, Severino P, Owusu SP, Huangfu Y, Doi A, Hara Y, Kawashima M, Kawai Y. JoGo 1.0: the ACTG hierarchical nomenclature and database covering 4.7 million haplotypes across 19,194 human genes, Nucleic Acids Research 54(D1), d1159–d1173 (2025), peer-reviewed, 10.1093/nar/gkaf1232

Liu S, Nishida N, Munne R, Tokunaga N, Yamagata Y, Kozaki K, Matsumoto Y. MA-COIR: Leveraging Semantic Search Index and Generative Models for Ontology-Driven Biomedical Concept Recognition, Proceedings of the 63rd Annual Meeting

of the Association for Computational Linguistics, Student Research Workshop 4(1), 596–607 (2025), peer-reviewed, 10.18653/v1/2025.acl-srw.39

Takada T, Miyazawa H, Yamagata M, Tamura M, Yoshiki A, Toyoda A, Noguchi H, Masuya H. MoG+3.0: expanded structural variant visualization and integration of genomic data from five newly analyzed mouse strains., Mammalian Genome, (2025), peer-reviewed

Yoshida K, Takada T, Muratani M, Amano T. Allele-specific gene expression in F1 hybrid mice reveals structural variants affecting macrophage characteristics, Scientific Reports 15(1), 37846 (2025), peer-reviewed, 10.1038/s41598-025-21643-w

Yamagata Y, Kyoda K, Itoga H, Fujisawa E, Onami S. SSBD Ontology: A Two-Tier Approach for Interoperable Bioimaging Metadata, Lecture Notes in Computer Science 16141, (2025), peer-reviewed, 10.1007/978-3-032-09530-5_19

Onami S, Kyoda K, Yamagata Y, Itoga H. foundingGIDE Deliverable D6.1: Report in metadata model overlap and gaps, Zenodo, (2025), non-peer-reviewed, 10.5281/zenodo.16794786

Kadoya T, Suzuki K, Terui A. Linking energetic instability to compositional changes in biological communities, Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 122(17), e2422701122 (2025), peer-reviewed, 10.1073/pnas.2422701122

Kushida T, de Farias TM, Sima AC, Dessimoz C, Chiba H, Bastian FB, Masuya H. Federated SPARQL query performance evaluation for exploring disease model mouse: combining gene expression, orthology, and disease knowledge graphs, BMC Medical Informatics and Decision Making 25(Suppl 1), 189 (2025), peer-reviewed, 10.1186/s12911-025-03013-8

Presentation

鈴木健大. Harnessing reservoir computing for ecology: prediction, understanding and beyond, 第73回日本生態学会, 京都, Japan, March 11–15 (2026)

高野壮太朗, Djordje B, 桝屋啓志, 鈴木健大. 細胞から群集へ：代謝モデルを基軸とする多種共存の理解に向けて，第73回日本生態学会大会, 京都市, 日本, 3月11–15日 (2026)

高野壮太朗, 鈴木健大, 桝屋啓志. 代謝ネットワーク制約下で進化する炭素源利用順位と多種共存可能性，第20回日本ゲノム微生物学会年会, 木更津市, 日本, 3月4–6日 (2026)

Itoga H, Kyoda K, Yamagata Y, Fujisawa E, Wu Y, Yamamoto H, Nakamura T, Wen C, Sugawara K, Onami S. SSBD: Global sharing of bioimaging data, RIKEN BDR Symposium 2026, "Biological Horizons: Innovative Explorations into Life's Mechanisms and Dynamics", Kobe, Japan, March 2–3 (2026)

京田耕司, 糸賀裕弥, 山縣友紀, 藤澤絵美, ウーユジョン, 山本春菜, 菅原皓, ウェンチェンタオ, 大浪修一. 国際コミュニティによるイメージングデータ共有の推進，　第4回浜松ホトニクス理研研究交流会, 神戸, 日本, 12月23–24日 (2025)

Suzuki K. Intersection of Dynamical Systems Theory and Statistical Science: Inferring Systems' Stability and Causality, "Life Science × Informatics" CeLiSIS International Symposium, Kyoto, Japan, December 11–11 (2025)

Takano S. Resource Niche Partitioning Shaped by Microbial Growth Strategies: Insights from Metabolic Models, "Life Science × Informatics" CeLiSIS International Symposium, 京都市, Japan, December 11–11 (2025)

粕川雄也, Walker S, 長谷川哲, Thalhath N, 信定知江, Agrawal S, 高田豊行, 桝屋啓志, 川路英哉. fanta.bio シスエレメントによる転写制御に関するデータベース，第48回日本分子学会年会, 横浜市, 日本, 12月3–5日 (2025)

久保直樹, 小口綾貴子, 桝屋啓志, 天野孝紀, 川路英哉, 粕川雄也, 沖真弥, 高田豊行, 井上貴美子, 小倉淳郎, 村川泰裕, 田村勝, 吉木淳, 城石俊彦. マウス表現型解析の次なるターゲットとしてのノンコーディングゲノムの機能探索，第48回日本分子生物学会年会, 横浜市, 日本, 12月3–5日 (2025)

高野壮太朗, 岡本章玄. ヒト細菌叢における水平伝播因子としての細菌膜小胞の遍在性, 第48回日本分子生物学会年会, 横浜市, 日本, 12月3–5日 (2025)

高田豊行, 臼田大輝, 山縣真允, 櫛田達矢, 桝屋啓志. マウスゲノム多型データベース MoG+3.0 の公開と今後の展開, 第48回日本分子生物学会年会, 横浜市, 日本, 12月3–5日 (2025)

高田豊行.　MoG+3.0 ：ゲノム長鎖解読による構造多型情報を追加した新たな展開，第35回モロシヌス研究会，世田谷区，日本, 11月25–26日 (2025)

Takano S, Okamoto A. Functional Role of Bacterial Extracellular Vesicles as Mediators of Horizontal Gene Transfers in the Human Microbiome., The 5th Annual Meeting of Society for Gut Design, online, 11月19日 (2025)

鈴木健大. 生態学とリザバー計算, 第三回理論進化生態フォーラム, 神奈川県三浦郡葉山町, 日本, 11月6–8日 (2025)

Kushida T, Usuda D, Yamagata M, Kobayashi N, Shindo S, Yamada T, Yamagata Y, Masuya H. A Semantic Web-Based Infrastructure for Purpose Driven Retrieval of Life Science Bioresources, International Semantic Web Conference (ISWC) 2025, 奈良市, Japan, November 2–6 (2025)

Yamagata Y, Kyoda K, Itoga H, Fujisawa E, Onami S. SSBD Ontology: A Two-Tier Approach for Interoperable Bioimaging Metadata, 24th International Semantic Web Conference (ISWC2025), Nara, Japan, November 2–6 (2025)

Kyoda K, Yamagata Y, Itoga H, Fujisawa E, Onami S. foundingGIDE: Toward Metadata Harmonization Across Bioimaging Repositories, GloBIAS Bioimage Analysis Conference 2025, Kobe, Japan, October 26–31 (2025)

Itoga H, Kyoda K, Yamagata Y, Fujisawa E, Yamamoto H, Wen C, Sugawara K, Onami S. SSBD: Global sharing of bioimaging data, GloBIAS Bioimage Analysis Conference 2025, Kobe, Japan, October 26–31 (2025)

Masuya H. A Project to Develop an AI Model for Comprehensive Learning of Daily Behaviors in Mice and Marmosets, The 10th AFLAS Congress & The 18th Academic Conference on Laboratory Animal Science and technology of China, Hangzhou, China, October 21–23 (2025)

粕川雄也, Walker S, 長谷川哲, Thalhath N, 信定知江, Agrawal S, 高田豊行, 桝屋啓志, 川路英哉. fanta.bio: 転写活性に関わるゲノム内シスエレメント領域に関するデータベース, トーゴーの日シンポジウム2025, 東京都, 日本, 10月20–20日 (2025)

京田耕司, 山縣友紀, 糸賀裕弥, 藤澤絵美, 大浪修一. foundingGIDE: メタデータ調和によるバイオイメージングデータリソースの国際連携, トーゴーの日シンポジウム2025, 東京, 日本, 10月20–20日 (2025)

山縣友紀, 京田耕司, 糸賀裕弥, 藤澤絵美, 大浪修一. グローバルなバイオイメージングデータ相互運用性実現に向けたSSBDオントロジー開発の取り組み, トーゴーの日シンポジウム2025, 東京都港区, 日本, 10月20日 (2025)

糸賀裕弥, 京田耕司, 山縣友紀, 藤澤絵美, 山本春菜, Wen C, 菅原皓, 大浪修一. SSBD: バイオイメージングデータのグローバルな共有, トーゴーの日シンポジウム2025, 東京都港区, 日本, 10月20日 (2025)

大波純一, 笹沼俊一, 野﨑晋五, 中村宣篤, 村田武英, 櫛田達矢, 臼田大輝, 栗原恵子, 湯原直美, 並木由理, 桝屋啓志, 三輪佳宏. 理研BRCカタログデータ情報環境整備とDNAリソース提供業務の高度化, トーゴーの日シンポジウム2025, 東京都, 日本, 10月20–20日 (2025)

Masuya H, Takada T, Usuda D, Yuhara N, Kurihara K, Namiki Y, Iwase S, Suzuki K, Yamagata Y, Kasukawa T, Kawaji H, Oki S, Kushida T. Data Integration Platforms Supporting Life Science Research, ANRRC2025, Bangkok, Thailand, October 9–10 (2025)

桝屋啓志. マウス日常行動の機械学習モデル開発計画～理研AGISプロジェクトの一部として～, 第13回実験動物科学シンポジウム, 京都市, 日本, 9月26–26日 (2025)

Ayabe S, Sato K, Mizuno S, Nakashiba T, Nakata H, Takada T, Inoue K, Mochida K, Amano T, Masuya H, Tamura M, Ogura A, Shiroishi T, Yoshiki A. Expansion and Value-Addition of Mouse Resources by RIKEN BRC/NBRP, The 15th AMMRA & AMPC Meeting in Kawasaki (2025 AMMRA & AMPC), Kawasaki, Japan, September 18–19 (2025)

Kubo N, Oguchi A, Masuya, Amano T, Kawaji H, Kasukawa T, Oki S, Takada T, Ogura A, Murakawa Y, Tamura M, Yoshiki A, Shiroishi T. Phenotypic Annotation of the Mouse Non-Coding Genome: A Next-Phase Proposal for IMPC, the 15th AMMRA & AMPC Meeting, 川崎市, Japan, September 18–19 (2025)

Masuya H, Yamagata Y, Yamagata M, Furuse T, Ayabe S, Shibuya H, Kadota M, Suzuki K, Kushida T, Tamura M, Yoshiki A, Niimi K, Fujisawa S, Shimogori T. AI Model Development for Daily Mouse Behaviors in RIKEN AGIS Project, AMMRA 2025, Kawasaki, Japan, September 18–19 (2025)

Matoba S, Tanaka N, Miura K, Ozaki A, Kozawa Y, Tamura M, Ogura A. Quantitative dissection of sexual dimorphism in mice through Y-linked gene knockouts and multivariate phenotyping, SOX2025—7th International Workshop on SOX Transcription Factors—, Karuizawa, Japan, September 8–11 (2025)

高野壮太朗, 梅谷実樹, 中岡秀憲, 宮崎亮. 成長履歴が分かつ細菌の運命：飢餓細菌集団の不均一な再増殖ダイナミクス, The 38th Japanese Society of Microbial Ecology (JSME) Annual conference, 東京都, 日本, 9月7–10日 (2025)

京田耕司, 糸賀裕弥, 山縣友紀, 藤澤絵美, 山本春菜, 菅原皓, ウェンチェンタオ, 大浪修一. SSBD: 生物画像解析と共有を促進するデータプラットフォーム, 2025年日本バイオインフォマティクス学会年会 IIBMP2025 第13回生命医薬情報学連合大会, 名古屋, 日本, 9月3–5日 (2025)

高田豊行. 実験動物マウスのシスエレメントとゲノム多型の関連付け, 2025年度 DICP研究交流会, 千代田区, 日本, 8月8–8日 (2025)

糸賀裕弥, 京田耕司, 山縣友紀, 藤澤絵美, 山本春菜, Wen C, 菅原皓, 大浪修一. SSBD: バイオイメージングデータのグローバルな共有, 2025 年度DICP研究交流会, 東京都千代田区, 日本, 8月8日 (2025)

山縣友紀, 京田耕司, 糸賀裕弥, 藤澤絵美, 大浪修一. バイオイメージング・メタデータの互換性と運用性を高める オントロジー構築, 2025年度DICP研究交流会, 東京, 日本, 8月8日 (2025)

京田耕司, 山縣友紀, 糸賀裕弥, 藤澤絵美, 大浪修一.

foundingGIDE: バイオイメージングデータリポジトリにおけるメタデータ統合の実践と課題, 2025年度DICP研究交流会, 東京, 日本, 8月8–8日 (2025)

高月照江, Susan BM, 櫛田達矢, 土肥栄祐, 吉木淳, 藤原豊史, 五斗進, 桝屋啓志. 哺乳類表現型オントロジー(MP)の日本語訳, 第65回日本先天異常学会学術集会, 伊勢市, 日本, 7月25–27日 (2025)

桝屋啓志. Frontiers of data science and databases in life science, 第48回日本神経科学大会, 新潟市, Japan, July 24–27 (2025)

Kyoda K, Itoga H, Yamagata Y, Fujisawa E, Yamamoto H, Sugawara K, Wen C, Onami S. SSBD: a public repository and database for bioimaging data supporting open science and global data integration, Joint Meeting of Japan Society for Cell Biology 77th and Japanese Society of Developmental Biologists 58th, Nagoya, Japan, July 16–18 (2025)

鈴木健大. マイクロバイオーム・生物群集のエネルギー地形解析とその技術, 第4回 プロジェクト横断型数理連携研究 会, 文京区, 日本, 6月18–18日 (2025)

Takano S, Umetani M, Nakaoka H, Miyazaki R. Growth history under starvation influences subsequent reproduction in a clonal bacterial microcolony, 第98回日本細菌学会, 金沢市, Japan, May 29–31 (2025)

櫛田達矢, 臼田大輝, 山縣友紀, 高田豊行, 小林紀郎, 桝屋啓志. ウイルス感染症知識グラフの構築と感染症モデル動物の探66 索, 2025年度 人工知能学会全国大会(第39回), 大阪市, 日本, 5 月27–30日 (2025)

Takada T, Usuda D, Kushida T, Mitsuhashi N, Moriya Y, Chiba H, Amano T, Tamura M, Yoshiki A, Toyoda A, Noguchi H, Kasukawa T, Masuya H. Enhancements of the mouse genome variation database MoG+ for supporting advanced biomedical research, 第72回日本実験動物学会総会, 名古屋市, Japan, May 21–23 (2025)

櫛田達矢, 臼田大輝, 高田豊行, 桝屋啓志. 疾患関連遺伝子および表現型情報を用いた新規疾患モデル動物推定の新しいアプローチ, 第72回日本実験動物学会総会, 名古屋市, 日本, 5月21–23日 (2025)

臼田大輝, 櫛田達矢, 高田豊行, 桝屋啓志. 理研BRCにおけるバイオリソース検索システムの機能拡張, 第72回日本実験動物学会総会, 名古屋市, 日本, 5月21–23日 (2025)

Itoga H, Kyoda K, Yamagata Y, Fujisawa E, Yamamoto H, Wen C, Sugawara K, Onami S. SSBD: Global sharing of bioimaging data, OME 2025 Community Meeting, Woods Hole, United States, April 28–May 1 (2025)

Onami S, Kyoda K, Yamagata Y. Mapping and gap analysis for metadata harmonization among major bioimage data repositories, Euro-BioImaging Image Data Community Days 2025, Online, April 7–11 (2025)

Itoga H, Kyoda K, Yamagata Y, Fujisawa E, Yamamoto H, Wen C, Sugawara K, Onami S. SSBD: Global sharing of bioimaging data, The 2nd BDR-BLiSC Joint Meeting, Kobe, Japan, April 7–10 (2025)

Kyoda K, Yamagata Y, Itoga H, Fujisawa E, Onami S. Metadata and file formats for bioimaging data, The 2nd BDR-BLiSC Joint Meeting, Kobe, Japan, April 7–10 (2025

Otieno MA, Suzuki K, Takada T, Masuya H. Harnessing Machine Learning for Cross-Disease Predictive Model Transferability in Viral Infections, The 38th International Mammalian Genome Conference, Glasgow, United Kingdom, April 6–9 (2025)

Masuya H, Furuse T, Ayabe S, Kadota M, Suzuki K, Yamagata Y, Takada T, Kushida T, Tamura M, Yoshiki A, Niimi K, Fujisawa S, Shimogori T. Toward The Development of AI that Comprehensively Learns Daily Behaviors of Mice and Marmosets, The 38th International Mammalian Genome Conference, Glasgow, United Kingdom, April 6–9 (2025)

Book

高田豊行, 桝屋啓志. Mog+-マウスゲノム多型を可視化して高付加価値な情報を提供するデータベース, 実験医学増刊 vol.43-No.20, 羊土社, 2,82-86, (2025)

Integrative Developmental Engineering Division

Article

Kageyama A, Ogonuki N, Wakai T, Namiki T, Kawata Y, Ozawa M, Yamada Y, Fukada T, Ogura A, Fissore R, Kashiwazaki N, Ito J. The oocyte zinc transporter *Slc39a10/Zip10* is a regulator of zinc sparks during fertilization in mice, eLife 14, rp106616 (2025), peer-reviewed, 10.7554/elife.106616

Tanaka N, Miura K, Ozaki A, Kozawa Y, Tamura M, Ogura A, Matoba S. Quantitative dissection of sexual dimorphism in mice through Y-linked gene knockouts and multivariate phenotyping, Scientific Reports 16(1), 2190 (2026), peer-reviewed, 10.1038/s41598-025-33814-w

Kanatsu-Shinohara M, Ogonuki N, Matoba S, Miyazaki T, Morimoto H, Liu T, Yoshinaga N, Ogura A, Uchida S, Shinohara T. Messenger RNA delivery into Sertoli cells restores fertility to

congenitally infertile male mice, Stem Cell Reports, 102829 (2026), peer-reviewed, 10.1016/j.stemcr.2026.102829

Morimoto H, Ogonuki N, Matoba S, Tokita S, Kanatsu-Shinohara M, Miyazaki T, Ogura A, Shinohara T. Allogeneic germline stem cell transplantation restores fertility in nonablated recipient mice, Biology of Reproduction 113(5), 1274–1286 (2025), peer-reviewed, 10.1093/biolre/ioaf183

Haijima A, Imai H, Matsushita N, Morita K, Kobayashi K, Ishida S, Iida R, Mashimo T, Asano M. Functional behavioral profiling of multiple cre-driver rat lines, Experimental Animals, 25–0115 (2026), peer-reviewed, 10.1538/expanim.25-0115

Morita K, Ihashi S, Okamura E, Goto K, Yoshihara T, Honda A, Ema M, Asano M. Highly efficient production of transgenic rats with long DNA insertions using *piggyBac* transposase mRNA and piezo-assisted microinjection, PLOS One 21(2), e0339406 (2026), peer-reviewed, 10.1371/journal.pone.0339406

Nishida M, Ono-Sunagare Y, Kato S, Ishikawa-Yamauchi Y, Matsumura T, Komeya M, Matoba S, Inoue K, Ogonuki N, Ogura A, Ogawa T, Sato T. Reverse transcriptase inhibitors enable the generation of fertile spermatids from fetal mouse testes in vitro, Communications Biology, (2026), peer-reviewed, 10.1038/s42003-026-09613-y

Miyazaki T, Ogonuki N, Kanatsu-Shinohara M, Yamamoto T, Matoba S, Ogura A, Shinohara T. Control of bioenergetic balance in mouse spermatogonial stem cells by alanine metabolism, Biology of Reproduction 113(5), 1287–1297 (2025), peer-reviewed, 10.1093/biolre/ioaf144

Matoba S, Kurotaki Y, Funaya S, Yamada Y, Ogonuki N, Shinohara H, Yamamoto M, Yoneda N, Homma T, Higuchi Y, Sasaki E, Ogura A. Derivation of embryonic stem cells from cloned blastocysts using improved somatic cell nuclear transfer in common marmosets, Stem Cell Reports, 102710 (2025), peer-reviewed, 10.1016/j.stemcr.2025.102710

Hirose M, Morishita N, Hasegawa A, Mochida K, Tomishima T, Inoue K, Horiuchi T, Ogura A. A simplified protocol for vitrification of hamster embryos, Journal of Reproduction and Development 71(5), 290–294 (2025), peer-reviewed, 10.1262/jrd.2025-036

Niida H, Ito M, Iijima K, Motegi A, Ogihara R, Akiyama H, Uchida C, Sakai S, Ohhata T, Hatano A, Hirose M, Ogura A, Matsumoto M, McDonald NQ, Kitagawa M. CARM1/PRMT4 facilitates XPF–ERCC1 heterodimer assembly and maintains nucleotide excision repair activity, Nucleic Acids Research 53(8), gkaf355 (2025), peer-reviewed, 10.1093/nar/gkaf355

Ogonuki N, Hino T, Fujiwara Y, Osawa Y, Mizuno S, Sugiyama F, Kunieda T, Otsuki J, Oura S, Furuse T, Okada Y, Tamura M, de la Casa-Esperon E, Ikawa M, Inoue K, Ogura A. Spermatocyte injection into meiotic oocytes rescues diplotene, but not pachytene, arrest in azoospermic mutant mice, Human Reproduction Open 2025(4), hoaf067 (2025), peer-reviewed, 10.1093/hropen/hoaf067

Tokita S, Watanabe N, Hasegawa A, Funaya S, Miura K, Matoba S, Ogura A, Inoue K. Overexpression of Placenta-Specific Noncanonical Imprinted Genes Causes Placental Enlargement in Intersubspecific Hybrid Mice, Biology of Reproduction, ioaf259 (2025), peer-reviewed, 10.1093/biolre/ioaf259

Tatebe T, Pham DQ, Ogura A, Inoue K. mTORC1-dependent suppression of autophagic activity in somatic cell nuclear transfer mouse embryos., Reproduction 170(6), (2025), peer-reviewed, 10.1530/rep-25-0338

Kawabe J, Kawakami N, Hirose M, Kitamura Y, Nagano M, Maruyama Y, Matsuyama Y, Hamano T, Koinuma S, Shiina T, Kobayashi M, Matsumura R, Hattori A, Shigeyoshi Y, Ogura A, Node K, Akashi M. Targeted disruption of the aralkylamine *N*-acetyltransferase gene in a seasonal mammal, *Mesocricetus auratus*, PNAS Nexus 4(6), pgaf159 (2025), peer-reviewed, 10.1093/pnasnexus/pgaf159

Presentation

守田昂太郎. piggyBac transposase mRNA及びpiezo-microinjectionによる高効率なトランスジェニックラットの作製, 第19回ラットリソースリサーチ研究会, 京都市, 日本, 2月13–13日 (2026)

Pham DQ, Hirose M, Ogonuki N, Matoba S, Ike F, Funaya S, Nguyen TV, Inoue K, Ogura A. High cleavage rate and developmental efficiency of mouse embryos cloned from embryonic stem cells, The 72nd Annual Meeting of the Japanese Association for Laboratory Animal Science, Nagoya, 日本, 5月21–23日 (2025)

Pham DQ, Inoue K, Ogura A, Matoba S, Funaya S, Hirose M, Ike F, Ogonuki N, Nguyen TV. Paused embryonic stem cells induced by mTOR inhibition enhance mouse cloning efficiency, The 118th Annual Meeting of The Society for Reproduction and Development (SRD), Tokyo, Japan, September 15–17 (2025)

船屋智史, 四方大樹, 阿部周策, 石内崇士, 的場章悟, 三浦健人, 越後貫成美, 佐々木裕之, 井上貴美子, 小倉淳郎. マウスクローン胚におけるリプログラミング異常への H3バリアントの関与, NGS EXPO 2025, 日本, 10月29–30日 (2025)

FUNAYA S, SHIKATA D, ABE S, ISHIUCHI T, MATOBA S, MIURA K, OGONUKI N, SASAKI H, INOUE K, OGURA A. Involvement of H3 variant in reprogramming abnormalities of cloned embryos,

International Symposium: Genome Architecture and Function, Yokohama, Japan, November 25–26 (2025)

船屋智史, 四方大樹, 阿部周策, 石内崇士, 的場章悟, 三浦健人, 越後貫成美, 佐々木裕之, 井上貴美子, 小倉淳郎. 体細胞核移植胚におけるヒストン変異体 H3.3 のゲノムワイド解析, 日本エピジェネティクス研究会, 日本, 6月19–20日 (2025)

船屋智史, 四方大樹, 阿部周策, 石内崇士, 的場章悟, 三浦健人, 越後貫成美, 佐々木裕之, 井上貴美子, 小倉淳郎. クローン胚におけるリプログラミング異常へのH3バリアントの関与, 第118回日本繁殖生物学会大会, 日本, 9月15–17日 (2025)

FUNAYA S, SHIKATA D, ABE S, ISHIUCHI T, MATOBA S, MIURA K, OGONUKI N, INOUE K, SASAKI H, OGURA A. Genome-wide analysis of histone variant H3 in somatic cell nuclear transfer embryos, THE 53rd NAITO CONFERENCE, SAPPORO, Japan, July 8–11 (2025)

井上貴美子. 体細胞核移植クローン胚で観察される RNA スプライシング異常, 第6回有性生殖研究会, 名古屋市, 日本, 2月23–24日 (2026)

時田駿, 渡邉奈穂美, 船屋智史, 長谷川歩未, 三浦健人, 的場章悟, 小倉淳郎, 井上貴美子. 胎盤特異的非典型刷り込み遺伝子の過剰発現は亜種交雑マウス胎盤の過形成を引き起こす, 第118回 日本繁殖生物学会大会, 東京, 日本, 9月15–17日 (2025)

廣瀬美智子, 冨島俊子, 長谷川歩未, 池郁生, 岡村俊宏, 持田慶司, 小倉淳郎, 井上貴美子. 実験動物としてのハムスターの有用性とその活用について, 第6回有性生殖研究会, 名古屋市, 日本, 2月23–24日 (2026)

廣瀬美智子, 長谷川歩未, 門田雅世, 渡邊奈緒美, 吉田圭介, 天野孝紀, 吉木淳, 小倉淳郎, 井上貴美子. Establishment of embryonic stem cells from wild-derived strains of mice, The 15th AMMRA & AMPC Meeting, 川崎市, Japan, September 18–19 (2025)

廣瀬美智子, 長谷川歩未, 持田慶司, 冨島俊子, 森下奈美, 堀内俊孝, 小倉淳郎. KOハムスター系統の凍結保存技術の開発, 第72回日本実験動物学会総会, 名古屋市, 日本, 5月21–23日 (2025)

Kubo N, Oguchi A, Masuya, Amano T, Kawaji H, Kasukawa T, Oki S, Takada T, Ogura A, Murakawa Y, Tamura M, Yoshiki A, Shiroishi T. Phenotypic Annotation of the Mouse Non-Coding Genome: A Next-Phase Proposal for IMPC, the 15th AMMRA & AMPC Meeting, 川崎市, Japan, September 18–19 (2025)

久保直樹, 小口綾貴子, 桝屋啓志, 天野孝紀, 川路英哉, 粕川雄也, 沖真弥, 高田豊行, 井上貴美子, 小倉淳郎, 村川泰裕, 田村勝, 吉木淳, 城石俊彦. マウス表現型解析の次なるターゲットとしてのノンコーディングゲノムの機能探索, 第48回日本分子生物学会年会, 横浜市, 日本, 12月3–5日 (2025)

Ayabe S, Sato K, Mizuno S, Nakashiba T, Nakata H, Takada T, Inoue K, Mochida K, Amano T, Masuya H, Tamura M, Ogura A, Shiroishi T, Yoshiki A. Expansion and Value-Addition of Mouse Resources by RIKEN BRC/NBRP, The 15th AMMRA & AMPC Meeting in Kawasaki (2025 AMMRA & AMPC), Kawasaki, Japan, September 18–19 (2025)

的場章悟. 体細胞クローンで探る発生保証機構, 学術変革A「次世代生命工学」キックオフシンポジウム, 京都市, 日本, 6月25–26日 (2025)

長谷川歩未. 野生由来マウスの生殖補助技術の開発, 第35回モロシヌス研究会, 東京, 日本, 11月25–26日 (2025)

持田慶司. 災害・緊急時のマウス精子の凍結保存法, 日本実験動物技術者協会東北支部　第11回実験動物技術研究交流大会, 仙台市, 日本, 11月29–29日 (2025)

持田慶司, 長谷川歩未, 井上貴美子, 小倉淳郎. マウス未受精卵の-80°C保存における卵丘細胞数の影響, 第118回日本繁殖生物学会大会, 東京, 日本, 9月15–17日 (2025)

持田慶司, 長谷川歩未, 守田昂太郎, 小倉淳郎, 井上貴美子. 多型解析に有用な野生由来系統を含む凍結配偶子パネル整備の取り組み, 第35回モロシヌス研究会, 東京, 日本, 11月25–26日 (2025)

Ogura A. Epigenomic changes during the mouse germline cycle revealed by nuclear transfer, International Symposium: Genome Architecture and Function, Yokohama, Japan, November 25–26 (2025)

守田昂太郎, 持田慶司, 長谷川歩未, 井橋俊哉, 森田健斗, 和島沙季, 小原実穂, 山海直, 井上貴美子, 小倉淳郎, 浅野雅秀. 化学的組成が明らかな保存液を用いたラットの精子凍結法と体外受精法の開発, 第48回日本分子生物学会年会, 横浜, 日本, 12月5–5日 (2025)

Ogura A. Advances and Applications of Genome Editing in Laboratory Animals in Japan, The 10th AFLAS Congress, Hangzhou, China, October 22–23 (2025)

長谷川歩未, 持田慶司, 井上貴美子, 小倉淳郎. 野生由来マウスの凍結配偶子からの亜種間交雑マウスの作出, 第118回日本繁殖生物学会大会, 東京, 日本, 9月15–17日 (2025)

井上貴美子. Functions of the large-scaled microRNA cluster derived from retrotransposons in rodent placentas, 筑波会議2025, つくば市, Japan, October 1–3 (2025)

井上貴美子, 川田健太郎, 四方大樹, 秋光信佳, 小倉淳郎. 体細胞核移植クローン（SCNT）胚で観察されるスプライシング異常, 第118回日本繁殖生物学会, 東京, 日本, 9月15–17日 (2025)

越後貫成美, 日野敏昭, 大澤優生, 藤原靖裕, 国枝哲夫, 水野聖哉, 杉山文博, 大月純子, 大浦聖矢, De La Casa-Esperon E, 古瀬民生, 岡田由紀, 田村勝, 伊川正人, 井上貴美子, 小倉淳郎. ディプロテン期精母細胞発生停止マウスからの産仔作出, 第118回日本繁殖生物学会, Tokyo, 日本, 9月15–17日 (2025)

守田昂太郎, 井橋俊哉, 岡村永一, 吉原亨, 本多新, 依馬正次, 浅野雅秀. piggyBac transposase mRNAを用いた高効率なトランスジェニックラットの作製, 第118回日本繁殖生物学会大会, 東京都世田谷区, 日本, 9月15–17日 (2025)

守田昂太郎, 本多新, 井上貴美子, 小倉淳郎, 浅野雅秀. ラットの胚性ゲノム活性化に関与する因子, 2025年度 文部科学省 学術変革領域研究 先端モデル動物支援プラットフォーム 若手支援技術講習会, 長野県茅野市, 日本, 9月3–5日 (2025)

Tatebe T, Ogura A, Inoue K. Analysis of Autophagy Degradation Systems in Somatic Cell Nuclear Transfer Embryos, Society for the Study of Reproduction (SSR) 2025 Annual Meeting, Washington D.C., United States, July 29–August 1 (2025)

的場章悟, 内田あや, 廣瀬美智子, 杉本道彦, 趙杜善, 井上梓, 松島綱治, 阿部訓也, 七野成之, 小倉淳郎. マウスクローン胚由来の胎盤幹細胞では非典型ゲノムインプリンティング破綻によって上皮間葉転換が亢進する, 第118回 日本繁殖生物学会大会, 東京, 日本, 9月15–17日 (2025)

Matoba S, Tanaka N, Miura K, Ozaki A, Kozawa Y, Tamura M, Ogura A. Quantitative dissection of sexual dimorphism in mice through Y-linked gene knockouts and multivariate phenotyping, SOX2025—7th International Workshop on SOX Transcription Factors—, Karuizawa, Japan, September 8–11 (2025)

守田昂太郎. ラットの胚性ゲノム活性化機構に関する研究, 令和7年度-11年度 文部科学省科学研究費補助金 学術変革領域研究A（研究領域提案型）次世代生命工学 第1回若手勉強会, 京都市, 日本, 6月25–25日 (2025)

建部貴輝. マウス体細胞核移植胚におけるオートファジー分解系の解析, 学術変革領域研究A 次世代生命工学 第1回若手勉強会, 京都市, 日本, 6月25–25日 (2025)

建部貴輝, 小倉淳郎, 井上貴美子. マウス体細胞核移植胚におけるオートファジー分解系の解析, 第66回 日本卵子学会学術集会, 広島市, 日本, 5月31日–6月1日 (2025)

小倉淳郎. 基調講演 精細胞を用いた顕微授精の開発と応用, 日本アンドロロジー学会 第44回学術大会, 神戸, 日本, 6月20–21日 (2025)

守田昂太郎, 持田慶司, 長谷川歩未, 井橋俊哉, 森田健斗, 和島沙季, 小原実穂, 山海直, 井上貴美子, 小倉淳郎, 浅野雅秀. 化学的組成が明らかなラットの精子凍結保存技術の開発, 筑波実験動物研究会 第33回総会・第65回講演会, つくば市, 日本, 6月13–13日 (2025)

越後貫成美, 日野敏昭, 大澤優生, 藤原靖裕, 井上貴美子, 国枝哲夫, 水野聖哉, 杉山文博, 大月純子, 大浦聖矢, de la Casa-Esperon E, 古瀬民生, 岡田由紀, 田村勝, 伊川正人, 小倉淳郎. ディプロテン期精母細胞発生停止マウスは顕微授精により産仔作出が可能である, 第72回日本実験動物学会, nagoya, 日本, 5月21–23日 (2025)

持田慶司, 長谷川歩未, 小倉淳郎. マウス未受精卵の-80°C保存の試み, 第72回日本実験動物学会総会, 名古屋市, 日本, 5月21–23日 (2025)

長谷川歩未, 持田慶司, 渡邊仁美, 竹中慎, 近藤玄, 高野友篤, 中馬新一郎, 小倉淳郎. 野生由来JF1系統の凍結配偶子からの亜種間交雑マウスの作出と凍結未受精卵の輸送の実例について, 第72回日本実験動物学会, 名古屋, 日本, 5月21–23日 (2025)

守田昂太郎, 本多新, 小倉淳郎, 浅野雅秀. ラットの胚性ゲノム活性化機構に関与する因子の同定, 第72回日本実験動物学会総会, 名古屋市, 日本, 5月21–23日 (2025)

Mouse Phenomics Division

Article

Takeda Y, Kuramoto-Ahuja T, Yonei-Tamura S, Shibuya H, Tamura M, Uesaka M, Tamura K. Ontogenic Development of the Acrocoracoid Process Responsible for the Evolution of Avian Flapping Flight, Zoological Science 43(1), 61–71 (2026), peer-reviewed, 10.2108/zs250113

Hang A, Shao A, Shea M, Roux MJ, Imai-Leonard DM, Adams DJ, Amano T, Amarie OV, Berberovic Z, Bour R, Bower L, Leonard BC, Brown SD, Cho SY, Clementson-Mobbs S, D'Souza AJ, Dickinson M, Eskandarian M, Flenniken AM, Fuchs H, Gailus-Durner V, Heaney J, Hérault Y, de Angelis MH, Hsu C, Jin S, Joynson R, Kang YK, Kim H, Masuya H, Nam K, Noh H, Nutter LM, Palkova M, Prochazka J, Raishbrook MJ, Riet F, Salazar J, Seavitt JR, Sedlacek R, Selloum M, Seo KY, Seong JK, Shin H, Shiroishi T, Sorg T, Stewart M, Tamura M, Tolentino H, Udensi U, Wells S, Wurst W, Yoshiki A, Meziane H, Yiu GC, Sieving PA, Lanoue L, Lloyd KC, McKerlie C, Moshiri A, Consortium ft. Ocular Phenotyping of Knockout Mice Identifies Genes Associated With Late Adult Retinal Phenotypes, Investigative Ophthalmology & Visual Science 66(6), 64 (2025), peer-reviewed, 10.1167/iovs.66.6.64

Briere A, Vo P, Yang B, Adams D, Amano T, Amarie O, Berberovic Z, Bower L, Brown SD, Burrill S, Cho SY, Clementson-Mobbs S, D'souza A, Eskandarian M, Flenniken AM, Fuchs H, Gailus-

Durner V, Hérault Y, de Angelis MH, Jin S, Joynson R, Kang YK, Kim H, Masuya H, Meziane H, Nam K, Noh H, Nutter LM, Palkova M, Prochazka J, Raishbrook MJ, Riet F, Salazar J, Sedlacek R, Selloum M, Seo KY, Seong JK, Shin H, Shiroishi T, Stewart M, Svenson K, Tamura M, Tolentino H, Wells S, Wurst W, Yoshiki A, Lanoue L, Lloyd KC, Leonard BC, Roux MJ, McKerlie C, Moshiri A, Consortium fT. Systematic Ocular Phenotyping of Knockout Mouse Lines Identifies Genes Associated With Age-Related Corneal Dystrophies, Investigative Ophthalmology & Visual Science 66(5), 7 (2025), peer-reviewed, 10.1167/iovs.66.5.7

古瀬民生. マウスホームケージモニタリング　～長期・自動的なデータ取得とその運用, 実験医学 別冊, 160–166 (2025), 査読有

Ogawa E, Oikawa T, Ayabe S, Miwa T, Mizuno S, Nozaki T, Kosaki K, Yoshiki A, Tamura M, Takenouchi T. Haploinsufficiency of *Runx2* restores the cranial sutures in a mouse model of *Pdgfrb*-related craniosynostosis, Human Molecular Genetics 34(22), 1856–1864 (2025), peer-reviewed, 10.1093/hmg/ddaf148

Ogonuki N, Hino T, Fujiwara Y, Osawa Y, Mizuno S, Sugiyama F, Kunieda T, Otsuki J, Oura S, Furuse T, Okada Y, Tamura M, de la Casa-Esperon E, Ikawa M, Inoue K, Ogura A. Spermatocyte injection into meiotic oocytes rescues diplotene, but not pachytene, arrest in azoospermic mutant mice, Human Reproduction Open 2025(4), hoaf067 (2025), peer-reviewed, 10.1093/hropen/hoaf067

Rahmawati NY, Dinh TT, Oikawa T, Shinogi A, Ikeda K, Kadota M, Tamura M, Amano T, Yoshiki A. Luminescent mouse model of endometriosis: three-dimensional morphology of lesions and cytokine profiles, Experimental Animals 74(4), 419–428 (2025), peer-reviewed, 10.1538/expanim.25-0044

Takada T, Miyazawa H, Yamagata M, Tamura M, Yoshiki A, Toyoda A, Noguchi H, Masuya H. MoG+3.0: expanded structural variant visualization and integration of genomic data from five newly analyzed mouse strains., Mammalian Genome, (2025), peer-reviewed

Tanaka N, Miura K, Ozaki A, Kozawa Y, Tamura M, Ogura A, Matoba S. Quantitative dissection of sexual dimorphism in mice through Y-linked gene knockouts and multivariate phenotyping, Scientific Reports 16(1), 2190 (2026), peer-reviewed, 10.1038/s41598-025-33814-w

Presentation

Masuya H, Yamagata Y, Yamagata M, Furuse T, Ayabe S, Shibuya H, Kadota M, Suzuki K, Kushida T, Tamura M, Yoshiki A, Niimi K, Fujisawa S, Shimogori T. AI Model Development for Daily Mouse Behaviors in RIKEN AGIS Project, AMMRA 2025, Kawasaki, Japan, September 18–19 (2025)

Kubo N, Oguchi A, Masuya, Amano T, Kawaji H, Kasukawa T, Oki S, Takada T, Ogura A, Murakawa Y, Tamura M, Yoshiki A, Shiroishi T. Phenotypic Annotation of the Mouse Non-Coding Genome: A Next-Phase Proposal for IMPC, the 15th AMMRA & AMPC Meeting, 川崎市, Japan, September 18–19 (2025)

久保直樹, 小口綾貴子, 桝屋啓志, 天野孝紀, 川路英哉, 粕川雄也, 沖真弥, 高田豊行, 井上貴美子, 小倉淳郎, 村川泰裕, 田村勝, 吉木淳, 城石俊彦. マウス表現型解析の次なるターゲットとしてのノンコーディングゲノムの機能探索, 第48回日本分子生物学会年会, 横浜市, 日本, 12月3–5日 (2025)

Shibuya H, Tamura M. Development of the novel contrast-enhanced CT imaging methods, The 15th AMMRA & AMPC Meeting, Kawasaki, Japan, September 18–19 (2025)

Furuse T, Kushida T, Shinogi A, Ozaki M, Yanagisawa R, Tamura M. Female-specific alteration in insulin release and glucose tolerance in a Glut1DS mouse model, The 15th AMMRA & AMPC Meeting, Kawasaki, Japan, September 18–19 (2025)

Furuse T. A tool for Glut1DS Research: A mutant mouse strain generated by random mutagenesis, Glut1 Deficiency Research Workshop, New York, United States, July 24–25 (2025)

澁谷仁寿. 造影CTを利用した軟組織イメージング技術の開発, SATテクノロジー・ショーケース2026, つくば市, 日本, 1月22日 (2026)

Tamura M. The Comprehensive Mouse Phenotyping Platform at RIKEN BioResource Research Center, 日本人類遺伝学会 第70回大会, 横浜市, Japan, December 18–20 (2025)

丸山萌香, 柳澤利賢, 朝岡拳斗, 澁谷仁寿, 竹村敬真, 田村勝, 鯉沼真吾, 中村岳史, 坂下美咲, 和田直之. ゼブラフィッシュ*rhoq*遺伝子変異体における骨格形態異常, 第48回日本分子生物学会年会, 横浜市, 日本, 12月3–5日 (2025)

田村勝. X線CTによるマウス軟組織形態イメージング, 第6回物構研コロキウム, 東海村, 日本, 3月4日 (2026)

山田郁子, 串田知子, 古瀬民生, 田村勝. C57BL/6Jマウスの行動表現型の性差解析について, 第48回日本分子生物学会年会, 横浜市, 日本, 12月3–5日 (2025)

田村勝. 理研・バイオリソース研究センターにおける網羅的表現型解析支援事業：日本マウスクリニック, 第48回日本分子生物学会年会, 横浜市, 日本, 12月3–5日 (2025)

田中晴空, 奥村和弘, 齋藤慈, 尾崎真央, 田村勝, 小出剛, 若菜茂晴, 若林雄一. 日本産野生由来近交系マウスMSM/Ms 系統に自然発症する副腎腫瘍の解析, 第35回モロシヌス研究会, 世田谷区, 日本, 11月25–26日 (2025)

田村勝. あなたのマウスお調べします：日本マウスクリニック 3次元形態イメージング解析編, 第4回つくば共創の場カンファレンス, つくば市, 日本, 7月25日 (2025)

古瀬民生, 串田知子, 斉藤来実, 山田郁子, 田村勝. 居住環境下における複数マウスの長期ホームケージモニタリングの進捗状況, 第35回モロシヌス研究会, 世田谷区, 日本, 11月25–26日 (2025)

田村勝. 組織をみる、情報をみる：軟組織造影X線CTと質量顕微鏡を用いた疾患モデル解析, 第47回バイオマテリアル学会大会, 八王子市, 日本, 11月9–11日 (2025)

澁谷仁寿, 田村勝. 造影CT を用いた先天性異常形態解析手法の開発, 第65回日本先天異常学会学術集会, 伊勢市, 日本, 7月25–27日 (2025)

田村勝. 大規模解析が解き明かす新たな疾患関連遺伝子群・IMPC（国際マウス表現型解析コンソーシアム）の取組みの紹介, LINK-J×理化学研究所共催セミナー, 中央区日本橋, 日本, 6月10日 (2025)

Ayabe S, Sato K, Mizuno S, Nakashiba T, Nakata H, Takada T, Inoue K, Mochida K, Amano T, Masuya H, Tamura M, Ogura A, Shiroishi T, Yoshiki A. Expansion and Value-Addition of Mouse Resources by RIKEN BRC/NBRP, The 15th AMMRA & AMPC Meeting in Kawasaki (2025 AMMRA & AMPC), Kawasaki, Japan, September 18–19 (2025)

Takada T, Usuda D, Kushida T, Mitsuhashi N, Moriya Y, Chiba H, Amano T, Tamura M, Yoshiki A, Toyoda A, Noguchi H, Kasukawa T, Masuya H. Enhancements of the mouse genome variation database MoG+ for supporting advanced biomedical research, 第72回日本実験動物学会総会, 名古屋市, Japan, May 21–23 (2025)

越後貫成美, 日野敏昭, 大澤優生, 藤原靖裕, 国枝哲夫, 水野聖哉, 杉山文博, 大月純子, 大浦聖矢, De La Casa-Esperon E, 古瀬民生, 岡田由紀, 田村勝, 伊川正人, 井上貴美子, 小倉淳郎. ディプロテン期精母細胞発生停止マウスからの産仔作出, 第118回日本繁殖生物学会, Tokyo, 日本, 9月15–17日 (2025)

Matoba S, Tanaka N, Miura K, Ozaki A, Kozawa Y, Tamura M, Ogura A. Quantitative dissection of sexual dimorphism in mice through Y-linked gene knockouts and multivariate phenotyping, SOX2025—7th International Workshop on SOX Transcription Factors—, Karuizawa, Japan, September 8–11 (2025)

越後貫成美, 日野敏昭, 大澤優生, 藤原靖裕, 井上貴美子, 国枝哲夫, 水野聖哉, 杉山文博, 大月純子, 大浦聖矢, de la Casa-Esperon E, 古瀬民生, 岡田由紀, 田村勝, 伊川正人, 小倉淳郎. ディプロテン期精母細胞発生停止マウスは顕微授精により産仔作出が可能である, 第72回日本実験動物学会, nagoya, 日本, 5月21–23日 (2025)

Masuya H, Furuse T, Ayabe S, Kadota M, Suzuki K, Yamagata Y, Takada T, Kushida T, Tamura M, Yoshiki A, Niimi K, Fujisawa S, Shimogori T. Toward The Development of AI that Comprehensively Learns Daily Behaviors of Mice and Marmosets, The 38th International Mammalian Genome Conference, Glasgow, United Kingdom, April 6–9 (2025)

吉川欣亮, 侯雪含, Ornjira P, 安田俊平, 三浦郁生, 田村勝, 設樂浩志. NOD/Shiマウスの難聴は複数のリスクアレルの相加的効果によって発症する, 第72回日本実験動物学会総会, 名古屋市, 日本, 5月21–23日 (2025)

山田郁子, 串田知子, 古瀬民生, 田村勝. マウスの生産方法がFear conditioning test の無動時間に及ぼす効果, 第72回日本実験動物学会総会, 名古屋市, 日本, 5月21–23日 (2025)

古瀬民生, 篠木晶子, 尾崎真央, 柳沢僚子, 串田知子, 田村勝. GLUT1欠損症モデルマウスにおける糖代謝表現型の解析, 第72回日本実験動物学会総会, 名古屋市, 日本, 5月21–23日 (2025)

iPSC-based Drug Discovery and Development Team

Article

Koyama T, Tsumura H, Okita R, Yamazaki K, Hasegawa A, Imamura K, Kato T, Iwata H, Kojima R, Inoue H, Matsumoto S, Okuno Y. Chemical genomics language model toward reliable and explainable compound-protein interaction exploration, Journal of Cheminformatics 18(1), 29 (2026), peer-reviewed, 10.1186/s13321-026-01155-z

Inoue H. Towards the establishment of treatments for neurodegenerative diseases using human iPSCs, Current Opinion in Neurobiology 95, 103132 (2025), non-peer-reviewed, 10.1016/j.conb.2025.103132

Morita S, Kondo T, Inoue H. Protocol for measuring lipid membrane fluidity in human iPSC-derived neural cells, STAR Protocols 7(2), 104440 (2026), peer-reviewed, 10.1016/j.xpro.2026.104440

Kim D, Kondo T, Imamura K, Tsukita K, Nagahashi A, Sakasai T, Inoue H. Apolipoprotein E Deficiency Impairs Human Microglial Proliferation Accompanied by Elevated Cellular Oxidative Stress, Journal of Cellular and Molecular Medicine 30(6), e71074 (2026), peer-reviewed, 10.1111/jcmm.71074

Adachi M, Banno H, Inoue H. Drug discovery research with iPSC

models of neurodegenerative diseases, Neuroscience Research 222, 104985 (2025), peer-reviewed, 10.1016/j.neures.2025.104985

Imamura K, Nagahashi A, Yamamoto T, Ueda N, Kawahara Y, Inoue H. Non-linear gene sets for digital biomarkers of amyotrophic lateral sclerosis, bioRxiv, (2025), peer-reviewed

Odonchimed S, Imamura K, Inoue H. Neurodegenerative disease and autophagy in iPSC-based models, Neuroscience Research 222, 104991 (2025), peer-reviewed, 10.1016/j.neures.2025.104991

Shima S, Kondo T, Inoue H. iPSC-derived neural organoids in dementia research: Recent advances and future directions, Neuroscience Research 221, 104980 (2025), peer-reviewed, 10.1016/j.neures.2025.104980

Dinh TT, Imura C, Shiokawa M, Ayabe S, Yoshiki A, Inoue H, Amano T. A partial deletion of the *Tardbp* 3´UTR affects TDP-43 regulation and leads to motor dysfunction in mice, Experimental Animals 75(1), 25–61 (2025), peer-reviewed, 10.1538/expanim.25-0061

Morita S, Kondo T, Tokuda H, Kaneda Y, Izumo T, Nakao Y, Inoue H. Polyunsaturated fatty acids in lipid membranes regulate human neuronal function and amyloid-β production, iScience 28(6), 112557 (2025), peer-reviewed, 10.1016/j.isci.2025.112557

Presentation

井上治久. 神経疾患研究におけるiPS細胞モデルの展開 ―創薬・遺伝子治療への応用―, 第25回日本再生医療学会総会, 神戸, 日本, 3月19日 (2026)

井上治久. 次世代医学研究を支えるオルガノイド研究基盤 ―プラットフォーム技術としての展望, オルガノイド研究基盤フォーラム, 京都, 日本, 3月9日 (2026)

井上治久. Immunity and Cognition: Challenges and Opportunities of iPSC Technology in Neuroimmunology, 第2回International Conference on Immunity and Cognition, 新潟, Japan, March 3 (2026)

井上治久. iPS細胞を用いたALS/MNDの研究, ALSフロンティアセミナー, 東京, 日本, 2月14日 (2026)

井上治久. iPS細胞による神経変性疾患の治療薬研究・開発, 第58回日本薬剤師会学術大会, 京都, 日本, 10月12日 (2025)

仲井理沙子, 近藤孝之, 今村恵子, 尾上浩隆, 岡田知久, 今村公紀, 伊佐正, 平田聡, 井上治久. ダウン症チンパンジーのiPS細胞を用いた脳病態の解析, 第25回日本再生医療学会総会, 神戸, 日本, 3月19日 (2026)

今村恵子, 神里興太, 日置寛之, 垣花学, 山本拓也, Marsala M, 西田敬ニ, 和泉唯信, 井上治久. 遺伝性運動ニューロン疾患に対する塩基編集技術を用いた遺伝子治療研究, 第25回日本再生医療学会総会, 神戸, 日本, 3月19日 (2026)

Dang S, 今村恵子, 近藤孝之, 加藤好一, 磯部武久, 塚原正義, 井上治久. 流体力学を応用した脊髄オルガノイドの作製, 第25回日本再生医療学会総会, 神戸, 日本, 3月19日 (2026)

田辺秀之, 仲井理沙子, 永橋文子, 濱嵜裕介, 平田聡, 井上治久, 今村公紀. Cytogenetic and karyotypic analysis of primate iPS cells by QFH-banding and M-FISH techniques, 日本人類遺伝学会第70回大会, 横浜, 日本, 12月17日 (2025)

柴田祥希, 近藤孝之, 仲井理沙子, 菅三佳, 井上治久. 3Dバイオプリンティング技術によるヒトiPS細胞由来神経構造体の構築, 第25回日本再生医療学会総会, 神戸, 日本, 3月19日 (2026)

近藤孝之, 石田葉子, 永橋文子, 仲西珠美, 清水梨奈, 瀧口真子, 月田香代子, 井上治久. ヒトiPS細胞を用いた次世代疾患モデル基盤の創出, 第25回日本再生医療学会総会, 神戸, 日本, 3月19日 (2026)

Imamura K, Furusawa M, Shibata K, Inoue H. High Throughput Compound Screening Unravels Pathogenesis of C9ORF72-ALS/FTD, PACTALS 2025, Melbourne, Australia, September 7 (2025)

Dang S, Imamura K, Kato Y, Inoue H. Fluid dynamics promote the induction of spinal cord organoids for transplantation, PACTALS 2025, Melbourne, Australia, September 7 (2025)

Imamura K, Yoshioka S, Kamizato K, Oki R, Hioki H, Tsukita K, Inoue I, Shimizu R, Takiguchi M, Shibukawa R, Niki T, Sakurai S, Kondo T, Kato T, Miyanohara A, Yamamoto T, Marsala M, Nishida K, Izumi Y, Inoue H, Kinoshita M. Therapeutic Base Editing Ameliorates Hereditary Motor Neuron Disease in Mouse- and Patient-Derived iPSC Organoid Models, Cell Symposia: Gene and cell-based therapies: Progress in clinical translation, San Diego, United States, November 2 (2025)

Suga M, Kondo T, Imamura K, Shibukawa R, Tsukita K, Kobayashi K, Ayaki T, Matsumto R, Ikeda A, Inoue H, Hitomi T. Patient iPSC Models Reveal Therapeutic Potential of Targeting Repeat Expansions in BAFME, Cell Symposia: Gene and cell-based therapies, San Diego, United States, November 2 (2025)

Dang S, Imamura K, Kondo T, Inoue H. Fluid Dynamics-Based Production of Spinal Cord Organoids toward Transplantation, Cell Symposia: Gene and cell-based therapies, San Diego, United States, November 2 (2025)

Okunomiya T, Watanabe D, Banno H, Kondo T, Imamura K, Inoue H, Takahashi R. Striosome circuitry activation inhibits

striatal dopamine release and locomotion in mice, society for Neuroscience 2025, SanDiego, United States, November 15 (2025)

Nakai R, Inoue H. Single-cell multiome analysis of neural organoids derived from CGG repeat expansion disease iPSCs, society for Neuroscience 2025, San Diego, United States, November 15 (2025)

井上治久. 医学的リスク回避に向けたiPS細胞とAIによる研究, 日本人類遺伝学会第70回大会, 横浜, 日本, 12月19日 (2025)

井上治久. Advances in Neurodegenerative Disease Research Utilizing iPS Cell Technology, 第48回分子学会年会, 横浜, Japan, December 4 (2025)

井上治久. iPS神経・オルガノイドを用いた認知症病態機構の研究, 第44回日本認知症学会, 新潟, 日本, 11月21日 (2025)

井上治久. iPS細胞を活用した神経変性疾患研究の進展：発症機構の解析、創薬、再生医療への応用, タウ研究会2025, 東京, 日本, 8月23日 (2025)

井上治久. 細胞培養技術の進化が拓く創薬・医療・基礎研究の未来：iPS細胞研究の現場から., 日本組織培養学会第97回大会, 山口, 日本, 8月22日 (2025)

井上治久. 遺伝子細胞治療を目指した神経変性疾患iPS細胞の研究, 第31回日本遺伝子細胞治療学会, 東京, 日本, 7月23日 (2025)

Inoue H. The iPS Neurodegeneration Initiative: Integrating patient cohorts and iPSC models, International Congress of Inborn Errors of Metabolism 2025, Kyoto, Japan, September 2–6 (2025)

Dinh TT, Ayabe S, Yoshiki A, Inoue H, Amano T. TDP-43 dysregulation and motor impairment in mice carrying a partial *Tardbp* 3´UTR deletion, 第48回日本分子生物学会年会, 神奈川県横浜市, Japan, December 3–5 (2025)

Okunomiya T, Watanabe D, Banno H, Kondo T, Imamura K, Takahashi R, Inoue H. Striosome circuitry stimulation inhibits striatal dopamine release and locomotor activity, 第 66 回日本神経学会学術大会, 大阪, Japan, May 21 (2025)

Niki T, Imamura K, Suga M, Morii F, Morita M, Tsuboi Y, Izumi Y, Inoue H. Disease modeling and drug discovery for axonopathy-related disorders using iPSC cohort, 第66回日本神経学会学術大会, osaka, Japan, May 21–24 (2025)

Book

Okunomiya T, Imamura K, Kashiyama T, Sakurai T, Hioki H, Inoue H. Lentiviral Vector-Mediated Gene Delivery for iPSC-Related Neuroscience Research, Methods Molecular Biology, Springer Nature, 227-237, (2025)

Blumenthal Y, Imamura K, Inoue H. Applications of Induced Pluripotent Stem Cells in Neurodegenerative Disease Drug Discovery and Development with Artificial Intelligence, Applications of Cell Culture, Springer Nature, 171-178, (2025)

Banno H, Okunomiya T, Inoue H. Drug Discovery and Development for Neurodegenerative Diseases Using Induced Pluripotent Stem Cells, Stem Cell Biology and Regenerative Medicine, Springer Nature, 201-225, (2025)

iPS Cell Advanced Characterization Research Team

Article

Chu S, Abe K, Li Y, Hayashi Y, Yokota H, Takagi D, Akutsu SN, Matsuura S, Hayata T, Tsai MD. Deep Learning Method for Classifying Spatial Patterning of Early Differentiated Human Induced Pluripotent Stem Cells using Micropattern Images, 2025 47th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC) 00, 1–4 (2025), peer-reviewed, 10.1109/embc58623.2025.11251796

Shimizu T, Takami M, Matsuo-Takasaki M, Noguchi M, Nakamura Y, Hayata T, Hayashi Y. Generation of human induced pluripotent stem cell lines derived from Wolf-Hirschhorn syndrome patients with chromosomal 4p deletion, Human Cell 38(6), 164 (2025), peer- reviewed, 10.1007/s13577-025-01292-x

Next Generation Human Disease Model Research Team

Article

Okamura E, Matsumoto S, Suzuki H, Tanimoto Y, Dinh TT, Mikami N, Muto M, Matsumoto T, Sugiyama F, Takahashi S, Woltjen K, Mizuno S, Ema M. Efficient generation of single-copy transgenic mice using *piggyBat* transposase from the little brown bat *Myotis lucifugus*, Biology of Reproduction, ioaf235 (2025), peer-reviewed, 10.1093/biolre/ioaf235

Hang A, Shao A, Shea M, Roux MJ, Imai-Leonard DM, Adams DJ, Amano T, Amarie OV, Berberovic Z, Bour R, Bower L, Leonard BC, Brown SD, Cho SY, Clementson-Mobbs S, D'Souza AJ, Dickinson M, Eskandarian M, Flenniken AM, Fuchs H, Gailus-

Durner V, Heaney J, Hérault Y, de Angelis MH, Hsu C, Jin S, Joynson R, Kang YK, Kim H, Masuya H, Nam K, Noh H, Nutter LM, Palkova M, Prochazka J, Raishbrook MJ, Riet F, Salazar J, Seavitt JR, Sedlacek R, Selloum M, Seo KY, Seong JK, Shin H, Shiroishi T, Sorg T, Stewart M, Tamura M, Tolentino H, Udensi U, Wells S, Wurst W, Yoshiki A, Meziane H, Yiu GC, Sieving PA, Lanoue L, Lloyd KC, McKerlie C, Moshiri A, Consortium ft. Ocular Phenotyping of Knockout Mice Identifies Genes Associated With Late Adult Retinal Phenotypes, Investigative Ophthalmology & Visual Science 66(6), 64 (2025), peer-reviewed, 10.1167/iovs.66.6.64

Briere A, Vo P, Yang B, Adams D, Amano T, Amarie O, Berberovic Z, Bower L, Brown SD, Burrill S, Cho SY, Clementson-Mobbs S, D'souza A, Eskandarian M, Flenniken AM, Fuchs H, Gailus-Durner V, Hérault Y, de Angelis MH, Jin S, Joynson R, Kang YK, Kim H, Masuya H, Meziane H, Nam K, Noh H, Nutter LM, Palkova M, Prochazka J, Raishbrook MJ, Riet F, Salazar J, Sedlacek R, Selloum M, Seo KY, Seong JK, Shin H, Shiroishi T, Stewart M, Svenson K, Tamura M, Tolentino H, Wells S, Wurst W, Yoshiki A, Lanoue L, Lloyd KC, Leonard BC, Roux MJ, McKerlie C, Moshiri A, Consortium fT. Systematic Ocular Phenotyping of Knockout Mouse Lines Identifies Genes Associated With Age-Related Corneal Dystrophies, Investigative Ophthalmology & Visual Science 66(5), 7 (2025), peer-reviewed, 10.1167/iovs.66.5.7

Rahmawati NY, Dinh TT, Oikawa T, Shinogi A, Ikeda K, Kadota M, Tamura M, Amano T, Yoshiki A. Luminescent mouse model of endometriosis: three-dimensional morphology of lesions and cytokine profiles, Experimental Animals 74(4), 419–428 (2025), peer-reviewed, 10.1538/expanim.25-0044

Yoshida K, Takada T, Muratani M, Amano T. Allele-specific gene expression in F1 hybrid mice reveals structural variants affecting macrophage characteristics, Scientific Reports 15(1), 37846 (2025), peer-reviewed, 10.1038/s41598-025-21643-w

Dinh TT, Imura C, Shiokawa M, Ayabe S, Yoshiki A, Inoue H, Amano T. A partial deletion of the *Tardbp* 3´UTR affects TDP-43 regulation and leads to motor dysfunction in mice, Experimental Animals 75(1), 25–61 (2025), peer-reviewed, 10.1538/expanim.25-0061

Presentation

廣瀬美智子, 長谷川歩未, 門田雅世, 渡邊奈緒美, 吉田圭介, 天野孝紀, 吉木淳, 小倉淳郎, 井上貴美子. Establishment of embryonic stem cells from wild-derived strains of mice, The 15th AMMRA & AMPC Meeting, 川崎市, Japan, September 18–19 (2025)

Dinh TT, Ayabe S, Yoshiki A, Inoue H, Amano T. TDP-43 dysregulation and motor impairment in mice carrying a partial *Tardbp* 3´UTR deletion, 第48回日本分子生物学会年会, 神奈川県横浜市, Japan, December 3–5 (2025)

Amano T, Yoshida K. Strain-Specific Gene Expression Modulated by Structural Variants in Mouse Peritoneal Macrophages, AMMRA2025, 神奈川県川崎市, Japan, September 18–19 (2025)

天野孝紀. 腎疾患モデルマウスによる患者由来バリアントの機能評価, 第15回都医学研シンポジウム, 東京都世田谷区, 日本, 11月25日 (2025)

Kubo N, Oguchi A, Masuya, Amano T, Kawaji H, Kasukawa T, Oki S, Takada T, Ogura A, Murakawa Y, Tamura M, Yoshiki A, Shiroishi T. Phenotypic Annotation of the Mouse Non-Coding Genome: A Next-Phase Proposal for IMPC, the 15th AMMRA & AMPC Meeting, 川崎市, Japan, September 18–19 (2025)

久保直樹, 小口綾貴子, 桝屋啓志, 天野孝紀, 川路英哉, 粕川雄也, 沖真弥, 高田豊行, 井上貴美子, 小倉淳郎, 村川泰裕, 田村勝, 吉木淳, 城石俊彦. マウス表現型解析の次なるターゲットとしてのノンコーディングゲノムの機能探索, 第48回日本分子生物学会年会, 横浜市, 日本, 12月3–5日 (2025)

Ayabe S, Sato K, Mizuno S, Nakashiba T, Nakata H, Takada T, Inoue K, Mochida K, Amano T, Masuya H, Tamura M, Ogura A, Shiroishi T, Yoshiki A. Expansion and Value-Addition of Mouse Resources by RIKEN BRC/NBRP, The 15th AMMRA & AMPC Meeting in Kawasaki (2025 AMMRA & AMPC), Kawasaki, Japan, September 18–19 (2025)

Takada T, Usuda D, Kushida T, Mitsuhashi N, Moriya Y, Chiba H, Amano T, Tamura M, Yoshiki A, Toyoda A, Noguchi H, Kasukawa T, Masuya H. Enhancements of the mouse genome variation database MoG+ for supporting advanced biomedical research, 第72回日本実験動物学会総会, 名古屋市, Japan, May 21–23 (2025)

天野孝紀. 疾患バリアント導入モデルマウスにおける腎機能解析と病態評価, 第72回日本実験動物学会総会, 愛知県名古屋市, 日本, 5月21–23日 (2025)

天野孝紀, 吉田圭介, 野津寛大. 患者由来の COL4A5 変異を導入した Alport 症候群モデルマウスの病態解析, 第65回日本先天異常学会学術集会, 三重県伊勢市, 日本, 7月25–27日 (2025)

Transcriptome-Epigenome Research Team

Presentation

久保直樹. Combined and differential roles of ADD domains of DNMT3A and DNMT3L on DNA methylation landscapes in

mouse germ cells, 第7回SMF論文表彰事業の受賞者の表彰式, 新宿区, Japan, November 8–8 (2025)

Kubo N, Oguchi A, Masuya H, Amano T, Kawaji H, Kasukawa T, Oki S, Takada T, Ogura A, Murakawa Y, Tamura M, Yoshiki A, Shiroishi T. Phenotypic Annotation of the Mouse Non-Coding Genome: A Next-Phase Proposal for IMPC, the 15th AMMRA & AMPC Meeting, 川崎市, Japan, September 18–19 (2025)

久保直樹, 佐々木裕之, Bing R. ヒストン修飾とゲノム3次元構造それぞれが関与する細胞分化過程の転写制御機構, 第18回日本エピジェネティクス研究会年会, 福井市, 日本, 6月19–20日 (2025)

久保直樹, 小口綾貴子, 桝屋啓志, 天野孝紀, 川路英哉, 粕川雄也, 沖真弥, 高田豊行, 井上貴美子, 小倉淳郎, 村川泰裕, 田村勝, 吉木淳, 城石俊彦. マウス表現型解析の次なるターゲットとしてのノンコーディングゲノムの機能探索, 第48回日本分子生物学会年会, 横浜市, 日本, 12月3–5日 (2025)

久保直樹. Exploring Diverse Epigenome and Genome Research for a Sustainable Future, 筑波会議2025, つくば市, Japan, October 1–3 (2025)

久保直樹. The functional role of the KMT2 (MLL) family in chromatin contacts and gene activation during embryonic stem cell differentiation, 第77回日本細胞生物学会・第58回日本発生生物学会　合同大会, 名古屋市, Japan, July 16–18 (2025)

Developmental Genome Plasticity Research Team

Article

Aikawa S, Shimizu-Hirota R, Sakashita A, He X, Hiratsuka D, Ishizawa C, Iida R, Fukui Y, Hiraoka T, Matsuo M, Takeda N, Ikawa M, Osuga Y, Hirota Y. HIF2α-induced lysyl oxidase safeguards successful pregnancy by remodelling collagens at the feto-maternal interface, Cell Death & Disease 17(1), 250 (2026), peer-reviewed, 10.1038/s41419-026-08485-8

Presentaion

Sakashita A. Retrotransposon-driven regulatory landscapes shape early developmental program in mammals, Tsukuba Conference 2025, Tsukuba, Japan, October 1–3 (2025)

Sakashita A. Endogenous retrovirus-driven regulatory landscapes shape early developmental program in mice, HFSP Science Summit Japan 2025, Tokyo, Japan, October 1–4 (2025)

Sakashita A. Endogenous retrovirus-driven regulatory landscapes shape early developmental program in mammals, Chromatin and transcription in early embryos 2025, Yokohama, Japan, November 6–6 (2025)

坂下陽彦. 内在性レトロウイルスを介した全能性制御機構の解明, JST創発的研究支援事業　第4回「融合の場」, 東京都千代田区, 日本, 7月29–31日 (2025)

Sakashita A. Exploring the conservation and divergence of transposable element functions during embryonic development in mammals, The 15th AMMRA & AMPC Meeting in Kawasaki (2025 AMMRA & AMPC), Kawasaki, Japan, September 18–19 (2025)

Hirai Research Collaborative Group (Mass Spectrometry and Microscopy Unit)

Article

Zenji A, Hata K, Segami S, Makita N, Kojima M, Yoshino MK, Nagai K, Ashikari M, Matsubara K, Yano M, Fukuoka S, Hayashi K, Sato Y, Hobo T, Inukai Y, Sakakibara H. *N*-glucosylation of indole-3-acetyl amino acids modulates auxin metabolism and growth traits in *Oryza sativa*, Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America (PNAS) 123(12), e2527570123 (2026), peer-reviewed, 10.1073/pnas.2527570123

Song F, Sato M, Toyama Y, Ishikawa T, Tokito F, Katsuda T, Toyooka K, Sakai Y, Nishikawa M. A proof-of-concept study on high pressure freezing for cryopreservation, PNAS Nexus, pgag065 (2026), peer-reviewed, 10.1093/pnasnexus/pgag065

Naoyoshi K, Takayuki M, Keisuke M, Toshihiko N, Julien P, Katsuma Y, Mayuko S, Yumi G, Kaori S, Nobuaki I, Kaisei M, Pamela G, Kiminori T, Sandrine Lévêque-For, Hiroyuki K, Takeshi F, Richard J. O'Connell, Ken S. Dihydroxyhexanoic acid biosynthesis controls turgor in pathogenic fungi, Science 391(6786), 700–706 (2026), peer-reviewed, 10.1126/science.aec9443

Shimotohno A, Matsubayashi Y, Du Y, Senthilvadivel V, Suzuki T, Kato H, Kesherwani M, Kono M, Mishiro-Sato E, Kano K, Kojima M, Takebayashi Y, Sakakibara H, Soma F, Tama F, Hirota T, Torii KU, Yamaguchi-Shinozaki K, Fukuda H. Local peptide signalling induces stomatal closure under drought stress, Nature Communications, (2025), peer-reviewed, 10.1038/s41467-025-66392-6

Johnston GA, Berry HM, Kojima M, Sakakibara H, Argueso CT. Immune activation suppresses reproductive growth in *Arabidopsis* through cytokinin signaling, Current Biology 36, 1–15 (2026), peer-reviewed, 10.1016/j.cub.2026.01.060

Bellegarde F, Tjahjono O, Yoshino-Kida M, Kiba T, Shibutani M, Kuriyama M, Irving LJ, Kojima M, Miyata K, Sakakibara H. Fluctuations in nitrate availability impact cytokinin biosynthesis through histone modifications of *IPT3* in *Arabidopsis* roots for growth acclimation, Plant Communications 6(11), 101531 (2025), peer-reviewed, 10.1016/j.xplc.2025.101531

Shimadzu S, Yonekura T, Furuya T, Kojima M, Ishizaki K, Asahina M, Ohashi-Ito K, Sakakibara H, Fukaki H, Fukuda H, Kondo Y. A cytokinin response maximum induces and activates bifacial stem cells for radial growth, Nature Plants 11(8), 1558–1571 (2025), peer-reviewed, 10.1038/s41477-025-02051-4

Xu X, Passalacqua M, Rice B, Demesa-Arevalo E, Kojima M, Takebayashi Y, Yu X, Harris B, Liu Y, Gallavotti A, Sakakibara H, Gillis J, Jackson D. Large-scale single-cell profiling of stem cells identifies redundant regulators of shoot development and yield trait variation, Developmental Cell, (2025), peer-reviewed, 10.1016/j.devcel.2025.07.024

Tanaka Y, Suzuki T, Mitsukuni K, Choi J, Nomura T, Kojima M, Takebayashi Y, Sakakibara H, Ouchi H, Inai M, Dohra H, Okamoto M, Kawagishi H. Comprehensive transcriptomic analysis revealing that 2-azahypoxanthine treatment induces the stress response in *Arabidopsis thaliana*, Bioscience Biotechnology and Biochemistry 90(1), 27–36 (2025), peer-reviewed, 10.1093/bbb/zbaf162

Monden K, Suzuki T, Kojima M, Takebayashi Y, Sugiura D, Nakagawa T, Sakakibara H, Hachiya T. Shoot Nitrate Status Regulates Arabidopsis Shoot Growth and Systemic Transcriptional Responses via Shoot Adenosine Phosphate‐Isopentenyltransferase 3, Physiologia Plantarum 177(5), e70542 (2025), peer-reviewed, 10.1111/ppl.70542

Takase H, Katagiri S, Ide T, Nagano A, Sakurai H, Kokubo H, Yanagisawa T, Okamoto M, Umezawa T. Cross-Species Analysis of ABA-Induced Phosphosignaling Landscapes in Rice, Soybean, and Arabidopsis, Proteomes 14(1), 4 (2026), peer-reviewed, 10.3390/proteomes14010004

Yasuda S, Shinozawa A, Weng Y, Rajendram A, Hirase T, Ishizaki H, Suzuki R, Ueda S, Sk R, Takebayashi Y, Yotsui I, Toyota M, Okamoto M, Saijo Y. Humidity-driven ABA depletion determines plant-pathogen competition for leaf water, Nature Communications 17(1), 787 (2025), peer-reviewed, 10.1038/s41467-025-67469-y

Katagiri S, Fukuhara D, Fujiyama K, Fujioka H, Sugimoto Y, Okamoto M. Evolutionary and functional significance of ShPP2C1 in the parasitic life strategy of *Striga*, Journal of Experimental Botany, eraf412 (2025), peer-reviewed, 10.1093/jxb/eraf412

Yamawo A, Ishikawa H, Takekawa M, Nakashima N, Ohsaki H, Mukai H, Kanno Y, Seo M, Todoroki Y, Takeuchi J, Sawa S. Isopod feces–mediated shifts in germination timing enhance seedling establishment, New Phytologist 249(4), 1909–1919 (2025), peer-reviewed, 10.1111/nph.70750

Okabe Y, Tsujimoto-Inui Y, Maruyama S, Tsuneizumi K, Takeshita T, Sato M, Toyooka K, Abe T, Matsunaga S. Heavy-ion beam-induced mutants of *Medakamo hakoo* indicate potential associations between photosynthesis and cell size, cell cycle, and cell wall morphology, Journal of Plant Research 139(1), 119–132 (2025), peer-reviewed, 10.1007/s10265-025-01680-2

Dang T, Fuji Y, Kumaishi K, Usui E, Kobori S, Sato T, Narukawa M, Toda Y, Sakurai K, Yamasaki Y, Tsujimoto H, Hirai MY, Ichihashi Y, Iwata H. I-SVVS: integrative stochastic variational variable selection to explore joint patterns of multi-omics microbiome data, Briefings in Bioinformatics 26(3), bbaf132 (2025), peer-reviewed, 10.1093/bib/bbaf132

Nomura Y, Lu Y, Harada K, Enomoto H, Yano R, Ezura K, Kojima M, Takebayashi Y, Sakakibara H, Ezura H, Ariizumi T. Spatiotemporal localization of jasmonate in the regulation of fruit set in tomato, Journal of Experimental Botany 76(21), 6527–6547 (2025), peer-reviewed, 10.1093/jxb/eraf349

Matsuura-Tokita K, Suzuki T, Kimata Y, Takebayashi Y, Ueda M, Nakano T, Sakakibara H, Nakano A, Higashiyama T. Brassinosteroids promote pollen tube guidance by coordinating gene expression in male and female reproductive tissues, Cell Reports 44(7), 115815 (2025), peer-reviewed, 10.1016/j.celrep.2025.115815

Bessho-Uehara K, Omori T, Reuscher S, Nagai K, Agata A, Kojima M, Takebayashi Y, Suzuki T, Sakakibara H, Ashikari M, Hobo T. Spatio-Temporal Regulation of Gibberellin Biosynthesis Contributes to Optimal Rhizome Bud Development, Rice 18(1), 39 (2025), peer-reviewed, 10.1186/s12284-025-00798-0

Gachie SW, Muhire A, Li D, Kawamoto A, Takeda-Kamiya N, Goto Y, Sato M, Toyooka K, Yoshimura R, Takami T, Zhang L, Kurisu G, Terachi T, Sakamoto W. The thylakoid membrane remodeling protein VIPP1 forms bundled oligomers in tobacco chloroplasts, Plant Physiology 198(1), kiaf137 (2025), peer-reviewed, 10.1093/plphys/kiaf137

木原久美子, 松岡功宜, 山田明徳, 松島慶, 橋本恵, 豊岡公徳, 守屋繁春, 本郷裕一. 高知県にて存在が確認されたオオシロアリ

の分子系統解析, MOKUZAI HOZON (Wood Protection) 51(5), 172–191 (2025), 査読有, 10.5990/jwpa.51.172

Kurotani K, Shinozaki D, Okada K, Tabata R, Kawakatsu Y, Sugita R, Utsugi Y, Okayasu K, Mori M, Tanoi K, Goto Y, Sato M, Toyooka K, Yoshimoto K, Notaguchi M. Autophagy is induced during plant grafting to promote wound healing, Nature Communications 16(1), 3483 (2025), peer-reviewed, 10.1038/s41467-025-58519-6

Sato N, Jimbo H, Yoshitomi T, Shoji T, Sato M, Takeda-Kamiya N, Toyooka K, Wada H. Further evidence supporting the existence and accumulation of triacylglycerol and acylplastoquinol in cyanobacteria, Plant Physiology 199(3), kiaf478 (2025), peer-reviewed, 10.1093/plphys/kiaf478

Inoue N, Kubo K, Tsuge K, Sasaki R, Oikawa A, Goto M, Yanagita T, Nagao K. Metabolomic Analysis of Fermented Nori Powders: Divergence of Betaine Structural Analogs Production by Three Types of koji Fungal Fermentation, Molecules 30(20), 4104 (2025), peer-reviewed, 10.3390/molecules30204104

Goto-Ito S, Kato S, Takahashi M, Sakamoto A, Yamagata A, Lee Y, Ehara H, Sato M, Toyooka K, Ohkuma M, Ito T. Structural analysis of a symbiotic system involving a *Nanobdellati* archaeon by cryo-electron tomography, The Journal of Biochemistry 179(1), 21–30 (2025), peer-reviewed, 10.1093/jb/mvaf049

藤田美紀. 自動表現型解析の作物展開, アグリバイオ 10(1), 18–22 (2025), 査読無

Murakami K, Sato M, Ikeda Y, Horii T, Nagatoshi Y, Fujita M, Fujie T, Fujita Y, Shintake J. Plant robotics for sustainable and environmentally friendly robots: insights from actuation characteristics, Advanced Science, e12896 (2025), peer-reviewed, 10.1002/advs.202512896

Kobayashi Y, Sugita R, Fujita M, Yasui Y, Murata Y, Ogata T, Nagatoshi Y, Fujita Y. CqHKT1 and CqSOS1 mediate genotype-dependent Na^+ exclusion under high salinity conditions in quinoa, Frontiers in Plant Science, (2025), peer-reviewed, 10.3389/fpls.2025.1597647

Sato N, Jimbo H, Yoshitom T, Takano K, Shoji T, Sato M, Takeda N, Toyooka K, Wada H. Updated identification of the cyanobacterial triacylglycerol and acylplastoquinol: accumulation of triacylglycerol and lipid globules in senescing cells, Proc Natl Acad Sci USA, (2025), peer-reviewed

Presentation

藤田泰成, 小林安文, 藤田美紀, 小賀田拓也, 永利友佳理, 安井康夫. キヌア：優れた栄養特性と過酷な環境への適応能力を持つ新たなモデル実験植物, 第67回日本植物生理学会年会, 千代田区, 日本, 3月13–15日 (2026)

佐藤輝, 藤本聡, 藤田美紀, 高橋史憲, 桑田啓子, 松永幸大, 篠崎和子, 篠崎一雄. 浸透圧ストレス誘導性液液相分離を介した新規ABA 合成制御転写因子の機能解析, 第67回日本植物生理学会年会, 千代田区, 日本, 3月13–15日 (2026)

藤田美紀, 永利友佳理, 藤田泰成, 篠崎一雄. 作物型自動表現型解析システムCRIPPS を用いたダイズの乾燥応答評価, 第67回日本植物生理学会年会, 東京都千代田区, 日本, 3月13–15日 (2026)

乾弥生, 岡部耀二, 尾崎颯聖, 丸山真一朗, 常泉和秀, 竹下毅, 佐藤繭子, 豊岡公徳, 阿部知子, 松永幸大. 最小遺伝子セットを持つ微細緑藻メダカモの重イオンビーム変異体単離とアルカリ性ストレス応答, 第67回日本植物生理学会年会, 千代田区, 日本, 3月13–15日 (2026)

丸山千尋, 片桐壮太郎, 大島千聖, 菅野裕理, 竹林裕美子, 藤山敬介, Weng Y, 久城哲夫, 岡本昌憲. シロイヌナズナCYP707A3遺伝子の水応答性の発現誘導に関与するシス配列探索の戦略, 日本植物生理学会, 東京都, 日本, 3月13–15日 (2026)

丸山千尋, 片桐壮太郎, 大島千聖, 菅野裕理, 竹林裕美子, 藤山敬介, Weng Y, 久城哲夫, 岡本昌憲. シロイヌナズナCYP707A3遺伝子の水応答性の発現誘導に関わるシス配列の探索, 植物化学調節学会, 宇都宮市, 日本, 11月1–3日 (2025)

Nomura Y, Shinozaki Y, Kawakatsu T, Kojima M, Takebayashi Y, Sakakibara H, Edura H, Ariizumi T. Integrated Analysis of Tissue-Specific Transcriptomes and Transcription Factor Binding Sites Reveals Jasmonate-Mediated Fruit Set In Tomato, Plant and Animal Genome 33, San Diego, United States, January 8–14 (2026)

ボールデンシャミーヤ龍生, 片桐壮太郎, WENG Y, 菅野裕理, 竹林裕美子, 蝶野真喜子, 石井孝佳, 岡本昌憲. アブシシン酸不活性化酵素遺伝子変異コムギの耐乾性評価, 育種学会, 水戸市, 日本, 3月21–22日 (2026)

小嶋美紀子, 竹林裕美子, 岡本昌憲, 平井優美, 榊原均. LC-MS/MS を基盤とした網羅的植物ホルモン定量分析プラットフォームと研究支援, 日本育種学会第149回講演会, 水戸市, 日本, 3月21–22日 (2026)

後藤友美, 佐藤繭子, 豊岡公徳. 高圧凍結CLEM法：根端ERボディにおけるβ-グルコシダーゼ液胞輸送解析, 日本顕微鏡学会第81回学術講演会, 福岡, 日本, 6月9–11日 (2025)

佐藤繭子, 後藤友美, 豊岡公徳. 生物試料における高圧凍結・凍結置換法の技術検討, 日本顕微鏡学会 第81 回学術講演会, 福岡市, 日本, 6月9–11日 (2025)

小嶋美紀子, 竹林裕美子, 岡本昌憲, 平井優美, 榊原均. LC-MS/MSを用いた植物ホルモンの網羅的ハイスループット分析・定量技術支援, 第67回日本植物生理学会年会, 東京, 日本, 3月13–15日 (2026)

竹林裕美子, 鈴木洋弥, 平井優美, 瀬尾光範. Nano-LC/MSを用いた植物微小領域中植物ホルモン定量分析の確立, 植物化学調節学会第60回記念大会, 栃木県宇都宮市, 日本, 11月1–3日 (2025)

竹林裕美子, 鈴木洋弥, 平井優美, 瀬尾光範. 低流量液体クロマトグラフィー/高分解能質量分析計を用いた 微小領域植物ホルモン分析法の開発, 日本分析化学会第74年会, 北海道札幌市, 日本, 9月24–26日 (2025)

Takebayashi Y, Suzuki H, Hirai MY, Seo M. Technical improvement of plant hormone quantification from very small tissues, Asia-Oceania Mass Spectrometry Conference 2025, 沖縄県石垣市, Japan, June 22–25 (2025)

竹林裕美子, 鈴木洋弥, 平井優美, 瀬尾光範. A method to quantify plant hormones from very small tissues, 第67回日本植物生理学会, 東京都千代田区, 日本, 3月13–15日 (2026)

藤山敬介, 山田彩加, 小笹祐吏, 佐藤光羽, 小嶋美紀子, 竹林裕美子, 菅野裕理, 竹内純, 大西利幸, 轟泰司, 岡本昌憲. ABA生合成酵素ABA2が触媒する反応機構の解明と真の反応生成物の同定, 第67回日本植物生理学会年会, 千代田区, 日本, 3月13–15日 (2026)

藤山敬介, 山田彩加, 小笹祐吏, 佐藤光羽, 小嶋美紀子, 竹林裕美子, 菅野裕理, 竹内純, 大西利幸, 轟泰司, 岡本昌憲. ABA生合成酵素ABA2が触媒する反応機構の解明と真の反応生成物の同定, 植物化学調節学会第60回大会, 宇都宮市, 日本, 11月1–3日 (2025)

Weng Y, 佐藤祐樹, 竹林裕美子, 菅野裕理, 二瓶賢一, 岡本昌憲. コムギにおけるSAR関連分子の移動性に関する解析, 植物化学調節学会, UTSUNOMIYA, 日本, 11月1–3日 (2025)

Fujita M, Nagatoshi Y, Fujita Y. Evaluation of Drought Responses in Soybean Cultivars Using the Crop-Type Automated Phenotyping System CRIPPS, International Symposium on Advancing Soybean Breeding: Genetics, Genomics, Biotechnology and Agronomy, Chiyoda-ku, Japan, February 25–25 (2026)

豊岡公徳, 齋藤夕子, 小島聡美, 後藤友美, 佐藤繭子. 根圏電顕イメージング法の開発：生物断面研磨SEM法で根圏微生物を捉える, 第67回日本植物生理学会年会, 千代田区, 日本, 3月13–16日 (2026)

豊岡公徳. 植物試料における切片・断面SEM観察法の展開, 公益社団法人日本顕微鏡学会 第68回シンポジウム, 名古屋市, 日本, 11月13–14日 (2025)

齋藤夕子, 佐藤繭子, 後藤友美, 豊岡公徳. 非滅菌土壌で育てたシロイヌナズナ根圏の微生物観察：断面研磨SEMによる可視化, 日本植物学会第89回大会, 福岡市, 日本, 9月18–20日 (2025)

豊岡公徳. 電顕生物試料作製：様々な生物と固定・包埋, 日本顕微鏡学会第81回学術講演会, 福岡市, 日本, 6月9–11日 (2025)

豊岡公徳, 齋藤夕子. 断面研磨SEM法で根圏微生物を捉える, 日本顕微鏡学会第81回学術講演会, 福岡市, 日本, 6月9–11日 (2025)

Fuji Y, Mori T, Takeda N, Jitsui M, Toyooka K, Seki H, Takahashi H, Hirai M. Imaging Mass Spectrometry Reveals Triterpenoid Localization in Soybean Secondary Aerenchyma, American Society for Mass Spectrometry, 73rd Conference on Mass Spectrometry and Allied Topics, ボルチモア, United States, June 1–5 (2025)

黛隆宏, 石井公太郎, 畑下昌範, 高城啓一, 小嶋美紀子, 竹林裕美子, 榊原均, 東山哲也, 阿部知子, 風間裕介. トレニアフリル変異体で見られたサイトカイニン感受性の増大, 日本植物学会第89回大会, 福岡市, 日本, 9月17–20日 (2025)

黛隆宏, 石井公太郎, 畑下昌範, 高城啓一, 小嶋美紀子, 竹林裕美子, 榊原均, 東山哲也, 阿部知子, 風間裕介. フリル状の花弁をもつトレニア変異体frilly petal unduration1の形態変化と原因遺伝子の探索, 北陸植物学会第15回大会, 金沢市, 日本, 11月9日 (2025)

平岩尚樹, Luengwilai K, 山根久代, 及川彰, 佐々木亮介, 石橋美咲, 田尾龍太郎. 質量分析によるドリアンの風味特性の生化学的解析, 第178回質量分析関西談話会, 大阪市, 日本, 12月20日 (2025)

佐々木亮介, 平井優美. 代謝物一斉解析手法におけるCE-MSシステムの運用と展開, 第45回キャピラリー電気泳動シンポジウム, 東京, 日本, 12月11–12日 (2025)

Chang J, Wan W, Harada K, Tanaka N, Sato R, Fujita M. Leaf sampling using robotic manipulators, ROBOMECH2025 in Yamagata, Yamagata, Japan, June 4–7 (2025)

Ihara Y, Nakamura Y. Development of a HPLC-based high-separation method for lipidomics targeting glycerolipids, Asian-Oceanian Symposium on Plant Lipids, 松江, Japan, November 25–28 (2025)

原健, 竹光浩範, 及川彰, 佐々木亮介, 郷司浩平, 栗山健一. 網羅的成分分析によるみりんの調理機能に寄与する成分の解明, 日本食品化学工学会第72回大会, 藤沢市, 日本, 8月27–29日 (2025)

大塚貴生, 浅田怜志, 佐々木亮介, 山本剛之, 古賀一成, 及川彰, 中島泰仁. 水道水の水質が食品の風味に及ぼす影響, 第19回メタボロームシンポジウム, 神戸市, 日本, 10月15–17日 (2025)

林田祐輝, 佐々木亮介, 牧隆宏, 岸田史生, 及川彰, 石橋美咲. イチゴにおいて花芽分化時の環境で変動する代謝物の器官間差, 園芸学会令和7年度秋季大会, 高知県高知市, 日本, 9月20–22日 (2025)

Miura M, Oikawa A, Jones DL, Funakawa S. Effects of repeated freeze-thaw cycling on microbial activity in a temperate forest soil, 日本土壌肥料学会2025年度新潟大会, Niigata, 日本, 9月17–19日 (2025)

Yanagawa Y, Okumura T, Makita Y, Fujita M, Koyama S, Kuriyama T, Hiraoka N, Kawauchi M, Matsui M, Igawa T, Koga K. Effect of plasma irradiation to seeds in *Sorghum bicolor*, 第35回日本MRS年次大会, 北九州, Japan, November 10–12 (2025)

佐藤輝, 藤本聡, 藤田美紀, 高橋史憲, 桑田啓子, 松永幸大, 篠崎和子, 篠崎一雄. 浸透圧ストレス特異的な核内液液相分離によるABA合成制御メカニズムの解析, 日本植物学会第89回大会, 福岡, 日本, 9月18–20日 (2025)

小林安文, 杉田亮平, 藤田美紀, 安井康夫, 村田善則, 小賀田拓也, 永利友佳理, 藤田泰成. CqHKT1およびCqSOS1が高塩環境下でのキヌアの遺伝子型依存的なNa⁺排除に関与する, 日本植物学会第89回大会, 福岡, 日本, 9月18–20日 (2025)

藤田美紀, 永利友佳理, 藤田泰成. 作物型全自動表現型解析システムCRIPPSによるダイズ品種の生育評価, 日本植物学会第89回大会, 福岡, 日本, 9月18–20日 (2025)

Okamoto S, Sasaki R, Makino Y, Kawade K, Oikawa A, Ishida T, Hirai M, Sawa S. CLE2 and its homologs positively regulate sucrose status in roots, 7th International Conference on Plant Vascular BIology, Osaka, Japan, July 7–12 (2025)

藤田美紀, 張竣博, 万偉偉, 田中信行, 高橋恒一, 原田研介. 植物の環境応答解析を促進する自動植物表現型解析システムRIPPS の開発, ロボティクス・メカトロニクス 講演会 2025, 山形, 日本, 6月4–7日 (2025)

藤田美紀. 自動植物表現型解析システムRIPPS/CRIPPS の開発と植物の環境応答解析. LADEC2025, 江東区, 日本, 9月25–26日 (2025)

Book

鈴木智子, 佐藤繭子, 豊岡公徳. 植物試料の観察, 表面分析技術選書 走査電子顕微鏡　第2版, 丸善出版, 5.4,120-134, (2025)

Ichihashi Research Collaborative Group (Holobiont and Resilience Research Team)

Article

Fuki Fujiwara, Yukari Okano, Daisuke Takata, Hayato Maruyama, Ryota Arakawa, Natsuko I Kobayashi, Kie Kumaishi, Megumi Narukawa, Yui Nose, Tsuyoshi Isawa, Takuro Shinano, Kae Miyazawa, Naoto Nihei, Yasunori Ichihashi. A cohort study of sustainable cultivation methods in mandarin orange orchards across Japan, Plant Biotechnology 42(4), 459-466, (2025), peer-reviewed, 10.5511/plantbiotechnology.25.0605a

Shoichiro Hamamoto, Hirotaka Saito, Hisaya Matsunami, Naoto Nihei, Yasunori Ichihashi, Takahiro Tatsuno, Per Moldrup, Taku Nishimura. High-resolution monitoring and modeling of subsurface CO2 dynamics in soybean field, Geoderma 460, 117419, (2025), peer-reviewed, 10.1016/j.geoderma.2025.117419

Chihiro Furumizu, Yasunori Ichihashi. Making a difference through presentations: Let's speak, communicate, and connect!, Frontiers in Education 10(2025), peer-reviewed, 10.3389/feduc.2025.1465227

Presentation

山﨑真一、中安大、金井恵子、水野里江、海田るみ、増田幸子、柴田ありさ、白須賢、永野惇、藤井義晴、杉山暁史、青木裕一, 機械学習モデルを用いた有用微生物群集の設計と評価, 第67回日本植物生理学会年会, 東京, 日本, 3月15日 (2026)

山﨑 真一, 二川 倫, 大峡 広智, 富田 寛也, 甲野 翔太, 能勢 結衣, 志田 洋介, 小笠原 渉, 市橋 泰範, 有機農法を長期継続した水田土壌における微生物叢のメタゲノム解析, 日本農芸化学会2026年度京都大会, 京都, 日本, 3月12日 (2026)

矢部修平. 第5回原核光合成生物シンポジウム, 東京, 日本, 3月12日 (2026)

市橋泰範. 土壌は記憶する, Agri-Entrepreneur Summit 2026, 東京, 日本, 3月12日 (2026)

市橋泰範. 土壌は記憶する マルチオミクスが拓く有機農業の未来, 第15回オーガニック・エコフェスタ2026, 小松島, 日本, 2月14日 (2026)

市橋泰範. 土とデジタルと未来, 京都植物バイテク談話会・第68回植物バイテクシンポジウム, 京都, 日本, 2月4日 (2026)

市橋泰範. 種を超えて紡がれる土壌・植物・微生物のシステ

ム生物学, 第57回種生物学シンポジウム, 東京, 日本, 12月21日 (2025)

市橋泰範. 土壌の生命からアブダクションで拓く地球レジリエンス, 植物科学シンポジウム2025, 東京, 日本, 12月8日 (2025)

Chongyang Yang, Shuhei Yabe, Yui Nose, Kenichi Furuhashi, Naoto Nihei, Yasunori Ichihashi, Agricultural Management-Induced Shifts in Microbial Community Contributions to Soil Carbon Stabilization, CANVAS2025, Salt Lake City, America, November 10 (2025)

Nao Okuma, Kie Kumaishi, Atsushi Fukushima, Natsuko I. Kobayashi, Shoichiro Hamamoto, Miyako Kusano, Megumi Narukawa, Yasuhiro Date, Keitaro Tanoi, Naoto Nihei, Yasunori Ichihashi, Functional Prediction of Plant Environmental-Response Genes via Agricultural Field Multi-Omics × Machine Learning, CANVAS2025, Salt Lake City, America, November 10 (2025)

市橋泰範. 農業生態系を解き明かすマルチオミクスとAIが拓く新展開, 農業Week, 千葉, 日本, 10月1日 (2025)

矢部修平, 武藤清明, 大久保智司, 豊岡公徳, 齋藤夕子, 山﨑真一, 大熊直生, 楊重陽, 二瓶直登, 市橋泰範. 日本微生物資源学会第31回大会, 東京, 日本, 9月19日 (2025)

大熊 直生, 熊石 妃恵, 福島 敦史, 小林 奈通子, 濱本 昌一郎, 草野 都, 成川 恵, 伊達 康博, 田野井 慶太朗, 二瓶 直登, 市橋 泰範, 農業圃場マルチオミクス × 機械学習解析による新規な植物-微生物相互作用関連遺伝子の同定とその機能解析, 植物学会第89回大会, 福岡, 9月18日 (2025)

二川 倫, 大峡 広智, 山﨑 真一, 富田 寛也, 甲野 翔太, 能勢 結衣, 市橋 泰範, 志田 洋介, 小笠原 渉. 水稲栽培期間における水田の土壌微生物叢の動態, 日本土壌肥料学会2025年度新潟大会, 新潟, 日本, 9月17日-19日 (2025)

山﨑 真一, 二川 倫, 大峡 広智, 富田 寛也, 能勢 結衣, 志田 洋介, 小笠原 渉, 市橋 泰範, 有機農法が水田土壌微生物群集に及ぼす長期的影響の解析, 日本土壌肥料学会2025年度新潟大会, 新潟, 日本, 9月17日 (2025)

Chongyang Yang, Shuhei Yabe, Yui Nose, Kenichi Furuhashi, Naoto Nihei, Yasunori Ichihashi, Soil Carbon Stabilization Mediated by Plant-Associated Microbes under Different Agricultural Practices, 日本土壌肥料学会2025年度新潟大会, 新潟, 日本, 9月17日 (2025)

大熊 直生, 熊石 妃恵, 福島 敦史, 小林 奈通子, 濱本 昌一郎, 草野 都, 成川 恵, 伊達 康博, 田野井 慶太朗, 二瓶 直登, 市橋 泰範, 圃場から取得したマルチオミクスと機械学習による植物の環境応答遺伝子の機能予測, 植物微生物研究会 第34回研究交流会, つくば, 9月16日 (2025)

矢部修平, 市橋泰範. 日本微生物生態学会第38回東京大会, 東京, 日本, 9月8–9日 (2025)

大熊 直生, 村島 和基, 丸山 隼人, 二瓶 直登, 市橋泰範, 根粒共生遺伝子と根圏窒素固定細菌：農業環境における機能と多様性, 日本微生物生態学会第38回東京大会, 東京, 9月8日 (2025)

山﨑　真一、長峯邦明、奥井楓人、青柳まりか、原田翔生、山本 敏央、林 誠、市橋 泰範, 水田マルチオミクス解析による植物-微生物相互作用の推定とバイオセンサーを用いた相互作用モニタリング, 第42回日本植物バイオテクノロジー学会（神戸）大会, 神戸, 日本, 9月6日 (2025)

受賞

Awards

2025.6.1
情報知識学会
Japan Society of Information and Knowledge
情報知識学会論文賞
Japan Society of Information and Knowledge Best paper Award 2025
●**大波 純一 開発研究員**（遺伝子材料開発室）
Onami Jun-ichi, Research & Development Scientist（Gene Engineering Division）

2025.9.9
日本微生物生態学会
Japanese Society of Microbial Ecology
優秀ポスター賞
Poster Award
●**髙橋 一樹 基礎科学特別研究員**（微生物材料開発室）
Kazuki Takahashi, Special Postdoctoral Researcher（Microbe Division: JCM）

2025.9.9
日本微生物生態学会
Japanese Society of Microbial Ecology
若手賞
The 3rd Young Scientist Award of the Japanese Society of Microbial Ecology（JSME）
●**西原 亜理沙 特別研究員**（微生物材料開発室）
Arisa Nishihara, Postdoctoral Researcher（Microbe Division: JCM）

2025.9.9
日本微生物生態学会
Japanese Society of Microbial Ecology
奨励賞
Encouragement Award
●**加藤 真悟 上級研究員**（微生物材料開発室）
Shingo Kato, Senior Research Scientist（Microbe Division: JCM）

2025.9.16
公益社団法人 日本繁殖生物学会
The Society for Reproduction and Development
優秀発表賞
SRD Outstanding Presentation Award
● **Dinh Quoc PHAM 国際プログラム・アソシエイト**（統合発生工学研究開発室）
Dinh Quoc PHAM, International Program Associate（Integrative Developmental Engineering Division）

2025.9.19
日本微生物資源学会
Japan Society for Microbial Resources
日本微生物資源学会 学会賞
Japan Society for Microbial Resources and Systematics Award
●**坂本 光央 専任研究員**（微生物材料開発室）
Mitsuo Sakamoto, Senior Research Scientist（Microbe Division: JCM）

2025.10.23
Chinese Association for Laboratory Animal Sciences
Selected poster
●**佐藤 佳祐 特別任期制研究員**（実験動物開発室）
Keisuke Sato, Special Fixed Term Contract Researcher（Experimental Animal Division）

2025.11.8
公益財団法人杉山記念財団
Public Interest Incorporated Foundation, Sugiyama Memorial Foundation
令和７年度ＳＭＦ論文表彰 奨励賞
2025 SMF Paper Award, Encouragement Award
●**久保 直樹 チームディレクター**（遺伝子発現エピゲノム研究チーム）
Naoki Kubo, Team Director（Transcriptome-Epigenome Research Team）



加藤 真悟 上級研究員（微生物材料開発室）、日本微生物生態学会奨励賞
Shingo Kato, Senior Research Scientist (Microbe Division: JCM), Encouragement Award by Japanese Society of Microbial Ecology

2025.11.25
モロシヌス研究会
Molossinus Colloquium
2025 年度 森脇和郎賞
Moriwaki Kazuo Award
●**綾部 信哉 専任研究員**（実験動物開発室）
Shinya Ayabe, Senior Research Scientist（Experimental Animal Division）

2025.11.25
モロシヌス研究会
Molossinus Colloquium
2025 年度 森脇和郎賞
Moriwaki Kazuo Award
●**長谷川 歩未 テクニカルスタッフII**（統合発生工学研究開発室）
Ayumi Hasegawa, Technical Staff II（Integrative Developmental Engineering Division）

2025.11.14
日本乳酸菌学会泊まり込みセミナー
Japan Society for Lactic Acid Bacteria's Accommodation-included seminar
若葉賞
Young Scientist Award
●**久富 敦 特別研究員**（微生物材料開発室）
Atsushi Hisatomi, Postdoctoral Researcher（Microbe Division: JCM）



久保 直樹 チームディレクター（遺伝子発現エピゲノム研究チーム）、公益財団法人杉山記念財団 令和 7 年度 SMF 論文表彰 奨励賞
Naoki Kubo, Team Director (Transcriptome-Epigenome Research Team), 2025 SMF Paper Award, Encouragement Award by Public Interest Incorporated Foundation, Sugiyama Memorial Foundation

2026.3.9
2025 年度「理研梅峰賞」
FY2025 RIKEN BAIHO Award
●**的場 章悟 専任研究員**（統合発生工学研究開発室）
Shogo Matoba, Senior Research Scientist（Integrative Developmental Engineering Division）

2026.3.9
2025 年度「理研桜舞賞」
FY2025 RIKEN OHBU Award
●**小澤 恵代 テクニカルスタッフII**（マウス表現型研究開発室）
Yasuyo Kozawa, Technical Staff II（Mouse Phenomics Division）

広報活動
Publicity Activities

社会とのつながり
Interaction with the General Public

バイオリソース事業の意義や活動を広く市民にご理解頂けるよう、情報発信に努めています。
We are working to make information available to help more people understand the significance of bioresources project and learn about the activities of these projects that rely on the support of the public.

■ つくばちびっこ博士
Tsukuba Chibikko Hakase

つくばちびっ子博士は、小中学生が「最優秀ちびっ子博士」を目指し、つくば市内にある研究機関で行う展示やイベントに参加する科学体験イベントです。バイオリソース研究センターでもこのイベントに協力し、科学にふれあう場を提供しています。

◎ 2025 年 7 月 31 日（木）
小中学生を対象にしたもので、iPS 細胞について学ぶことをテーマとし、顕微鏡を用いた iPS 細胞の観察や細胞保存施設の見学、ピペットやチップを使った実験の体験を行う企画となりました。多くの応募の中から抽選で 55 人の参加を確定し大好評でした。
〈タイトル〉「iPS 細胞を観察してみよう！」
〈参加研究室〉iPS 細胞高次特性解析研究チーム、細胞材料開発室
〈開催方式〉バイオリソース研究センター (つくば市)
〈参加人数〉60 人

Tsukuba Chibikko Hakase is a science learning event featuring exhibitions and events held at research institutes located in Tsukuba, which attempts to encourage local elementary and junior high school students to become great “little scientists.” The BioResource Research Center also participates in the event, providing an opportunity for children to experience science.

◎July 31, 2025
This program was designed for elementary and junior high school students. With a focus on learning about iPS cells, participants observed iPS cells under a microscope, toured the cell banking facility, and conducted hands-on experiments using pipettes and tips. Sixty participants were selected by lottery from a large number of applicants, and the event was a huge success.
〈Title〉Let’s Observe iPS Cells!
〈Participating Laboratory〉iPS Cell Advanced Characterization and Development Team, Cell Engineering Division
〈Method〉BioResource Research Center (Tsukuba)
〈Participants〉60 people



図 1　ちびっこ博士ポスター
Fig. 1 Tsukuba Chibikko Hakase Poster

■ 2025 年度筑波地区一般公開
RIKEN Tsukuba Campus Open Day

理研筑波地区の一般公開を 10 月 25 日（土）に開催しました。講演会・ラボツアー・研究施設見学・体験型イベントブースなど、事前申込制で 697 人の場者に楽しんでもらいました。

◎ 2025 年 10 月 25 日（土）
〈テーマ〉バイオリソース研究センターってどんなところ？
〈開催形式〉現地・理化学研究所 筑波地区
〈来場者〉697 名
※事前予約制
◎見学ツアー（現地開催）
・研究者の助手体験 2025 (遺伝子材料開発室)
～みえないものをみてみよう～
・生命の起源 (統合発生工学研究開発室)
～命が誕生する瞬間を見てみよう～
・マウスクリニックの見学 (マウス表現型研究開発室)
・細胞保存施設の見学 (細胞材料開発室)

◎講演会（現地開催）
◆植物ってこんなに変わる！？ー花の形を決める遺伝子たちー

川勝 泰二 室長 , 実験植物開発室
◆今の時代、研究者を目指すってどうなの？ー科学の未来と自分・子供の未来を考えるー
久保 直樹 チームディレクター , 遺伝子発現エピゲノム研究チーム

The RIKEN Tsukuba Campus Open Day was held on Saturday, October 25, 2024. 697 visitors enjoyed lectures, lab tours, research facility tours, and hands-on event booths with advance registration required.

◎October 26, 2025
〈Theme〉What is the BioResource Research Center?
〈Format〉On-site, RIKEN Tsukuba
〈Visitors〉 697
*Reservations required in advance.

◎Tour (On-site)
・Researcher Assistant Experience 2025 (Gene Engineering Division)
-Let's see the invisible
・Origins of Life (Integrative Developmental Engineering Division)
-Let's see the moment when life is born
・Tour of Mouse Clinic（Mouse Phenomics Division）
・Tour of cell preservation facility (Cell Engineering Division)

Lectures (On-site)
◆Can Plants Really Change This Much!?—The Genes That Determine Flower Shape—
Taiji Kawakatsu, Director, Experimental Plant Division
◆What's It Like to Aim for a Career in Research These Days?—Reflecting on the Future of Science and the Future of Ourselves and Our Children—
Naoki Kubo, Team Director, Transcriptome-Epigenome Research Team



図 2　2025 年一般公開チラシ
Fig. 2 Flyer for RIKEN Tsukuba Campus Open Day FY2025

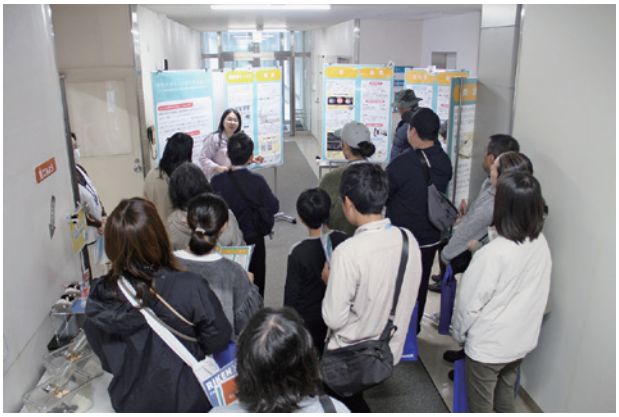


図 3　2025 年一般公開の様子
Fig. 3 Shot of RIKEN Tsukuba Campus Open Day in FY2025

■ SAT テクノロジーショーケース 2026
SAT Technology Showcase 2026

つくばをはじめ首都圏で活躍する研究者・技術者が、最新の研究成果やアイディアを持ち寄り交流する、つくばならではの異分野交流を目的としたテクノロジーショーケース 2026 ではポスター発表、特別シンポジウムをはじめ、企画展示や共催機関広報展示、先進技術企業展、日本弁理士会関東会による発明無料相談などが行われました。対面開催となり、理研 BRC も広報展示に出展しました。

◎ 2026 年 1 月 22 日（木）
〈テーマ〉異分野交流による知の触発 in つくば
〈開催形式〉ハイブリッド開催 (現地・オンライン)
〈場所〉つくば国際会議場
〈主催〉つくばサイエンス・アカデミー

Technology Showcase 2026 was designed for researchers and engineers in Tsukuba and the greater Tokyo metropolitan area to bring their latest research results and ideas to the event and exchange them with each other in different fields. The Technology Showcase 2026, which aimed to promote interdisciplinary exchange unique to Tsukuba, featured poster presentations, special symposiums, exhibitions by co-sponsoring organizations, an advanced technology company's exhibition, and free invention consultation by the Japan Patent Attorneys Association Kanto. RIKEN BRC also participated in the public relations exhibition.

◎January 22, 2026
〈Theme〉Stimulation of Knowledge through Interdisciplinary Exchange in Tsukuba
〈Format〉Hybrid event (on-site and online)
〈Venue〉Tsukuba International Congress Center
〈Organizer〉Science Academy of Tsukuba

■ 第39回『理化学研究所と産業界との交流会』 RIKEN-Industry Exchange Meeting

理研未来革新アライアンスが開催する第 39 回理化学研究所と産業界との交流会にて研究成果のポスター展示に参加しました。
◎ 2026 年 2 月 20 日（金） 15:00 - 20:00
@オークラ東京
講演会の部 15:00-17:15
情報交換会の部 17:30-20:00

研究内容ポスター発表
・実験動物開発室 吉木 淳 室長
・細胞材料開発室 中村 和昭 室長

Participated in the poster exhibition of research results at the 39th RIKEN-Industry Exchange Meeting held by Industry Memberships to Create the Future with RIKEN.

◎February 20, 2026 15:00 - 20:00
The Hotel Okura Tokyo
Lecture Session 15:00-17:15
Information Exchange Session 17:30-20:00

Research Poster Presentation
・By Director, Atsushi Yoshiki, Experimental Animal Division
・By Director, Kazuaki Nakamura, Cell Engineering Division



図 4 ポスター発表 (吉木室長・中村室長)
Fig. 4 Exchange Meeting Posters

■ 専門学校へのプロモーション活動 Promotional Activities for Vocational Schools

東京バイオテクノロジー専門学校の 1 年生 37 名と教員 2 名を対象に、バイオリソース研究センター（BRC）への訪問プログラムを実施しました。
理研および BRC の概要紹介に加え、技術職の魅力を伝えるために BRC の各研究室による業務紹介のポスター発表を行いました。さらに、BRC 職員が学生からのキャリアパスや日々の業務に関するさまざまな質問に答えるキャリア相談会や、実際の職場環境を見学してもらうための 2 つの研究室のラボツアーも実施しました。本プログラムは、学生が BRC で働くことを具体的にイメージできるよう構成しました。準備段階から同校のキャリア支援課と連携を図ることで、将来につながるパイプを構築し、事後アンケートの結果からも、学生に BRC を強く印象付ける機会となりました。

A visit to the BRC was conducted for 37 first-year students and 2 teachers from Tokyo College of Biotechnology.The program included an introduction to RIKEN and the BRC, poster presentations from various BRC labs showcasing their work to highlight the appeal of technical careers, a career counseling session where BRC staff answered various questions from students about career paths and daily routines, and a tour of two labs to show them the actual work environment. This program was designed to help the students visualize working at the BRC. By communicating with the College's career support department from the preparation stage, a connection for future career development was established. A post-visit survey was conducted with the students, successfully leaving a strong impression of the BRC.

■ プレスリリース　Press Release

発表日 Date	タイトル Title	著者 Author	雑誌 Journal
2025. 4. 30	生物群集はエネルギー地形の高低に従い変化する ―データ駆動型の生物多様性の変化予測を実現― Linking energetic instability to compositional changes in biological communities	Taku Kadoya, Kenta Suzuki, and Akira Terui	Proceedings of the National Academy of Sciences 10.1073/pnas.2422701122
2025. 5. 19	ヒトiPS細胞を用いて神経細胞における脂質の役割を解明 ー高度不飽和脂肪酸が神経機能と脳病態を制御するー Polyunsaturated fatty acids in lipid membranes regulate human neuronal function and amyloid-β production	Satoshi Morita, Takayuki Kondo, Hisanori Tokuda, Yoshihisa Kaneda, Takayuki Izumo, Yoshihiro Nakao, Haruhisa Inoue	iScience 10.1016/j.isci.2025.112557
2025. 5. 29	“難培養”微生物を育てる鍵はオーダーメイド! 鉄酸化菌の高効率培養に成功、環境浄化へ期待 Custom-made medium approach for effective enrichment and isolation of chemolithotrophic iron-oxidizing bacteria	Tomoki Uchijima , Shingo Kato , Kazuya Tanimoto , Fumito Shiraishi , Natsuko Hamamura , Kohei Tokunaga , Hiroko Makita , Momoko Kondo , Moriya Ohkuma , Satoshi Mitsunobu	FEMS Microbiology Ecology https://doi.org/10.1093/femsec/fiaf051
2025. 6. 9	卵子染色体の正常性維持におけるヒストン修飾の新たな役割を解明 ～ヒストン修飾 H3K4me3 は卵染色体や紡錘体の安定性を制御する～ Characterization of H3K4me3 in mouse oocytes at the metaphase II stage	Atsushi Takasu, Toshiaki Hino, Osamu Takenouchi, Yasuki Miyagawa, Zhihua Liang, Shota Tanaka, Tomoya Mimura, Chisato Ida, Yuki Matsuo, Yuna Lee, Haruka Ikegami, Miho Ohsugi, Shogo Matoba, Atsuo Ogura, Kazuo Yamagata, Kazuya Matsumoto, Tomoya S Kitajima, Kei Miyamoto	Journal of Biological Chemistry 10.1016/j.jbc.2025.110308
2025. 8. 26	環境保全型養殖への魚体画像診断イノベーション ー抗病性に貢献する好熱菌発酵飼料の機能性を評価ー A putative research model for sustainable fisheries driven by noninvasive diagnostic imaging	Hirokuni Miyamoto, Shunsuke Ito, Kenta Suzuki, Shingo Tamachi, Shion Yamada, Takayuki Nagatsuka, Takashi Satoh, Motoaki Udagawa, Hisashi Miyamoto, Hiroshi Ohno, and Jun Kikuchi*	The Innovation Life 10.59717/j.xinn-life.2025.100155
2025. 10. 2	細菌がつくるナノサイズの遺伝子カプセルが進化を促す ー疾患診断におけるバイオマーカーとしての展開に期待ー Enrichment of Horizontally Transferred Gene Clusters in Bacterial Extracellular Vesicles via Non Lytic Mechanisms	Sotaro Takano, Satoshi Takenawa, Naradasu Divya, Kangmin Yan, Xinxin Wen, Tomoko Maehara, Nobuhiko Nomura, Nozomu Obana, Masanori Toyofuku, Michihiko Usui, Wataru Ariyoshi, Akihiro Okamoto	The ISME Journal 10.1093/ismejo/wraf193
2025. 11. 20	マーモセットクローン ES 細胞を樹立 ーヒト疾患モデル霊長類作製の基盤技術にー Derivation of embryonic stem cells from cloned blastocysts using improved somatic cell nuclear transfer in common marmosets	Shogo Matoba, Yoko Kurotaki, Satoshi Funaya, Yuko Yamada, Narumi Ogonuki, Haruka Shinohara, Masafumi Yamamoto, Nao Yoneda, Takaya Homma, Yuichiro Higuchi, Erika Sasaki, Atsuo Ogura	Stem Cell Reports 10.1016/j.stemcr.2025.102710
2026. 1. 20	微生物資源が秘める CO_2 削減への新たな可能性 ー遺伝情報と CO_2 固定能力を統合的に解析して体系化ー Exploring the diversity and metabolic potential of CO_2-fixation mediated by RubisCO in prokaryotes in the Japan Collection of Microorganisms	Arisa Nishihara, Shingo Kato, Moriya Ohkuma	Microbes and Environments 10.1264/jsme2.ME25035
2026. 1. 21	マウスの「オスらしさ／メスらしさ」を定量マップ化 ー Y 染色体上の遺伝子が体サイズや臓器重量を細かく調節ー Quantitative dissection of sexual dimorphism in mice through Y-linked gene knockouts and multivariate phenotyping	Nobuhiko Tanaka, Kento Miura, Ai Ozaki, Yasuyo Kozawa, Masaru Tamura, Atsuo Ogura and Shogo Matoba	Scientific Reports 10.1038/s41598-025-33814-w
2026. 2. 9	胎仔精巣からの体外精子形成に成功 ー逆転写酵素阻害剤と低酸素培養で胎仔期からの精子発生プロセスを再現ー Reverse transcriptase inhibitors enable the generation of fertile spermatids from fetal mouse testes in vitro	Mayuka Nishida, Yukina Ono-Sunagare, Sayuri Kato, Yu Ishikawa-Yamauchi, Takafumi Matsumura, Mitsuru Komeya, Shogo Matoba, Kimiko Inoue, Narumi Ogonuki, Atsuo Ogura, Takehiko Ogawa, Takuya Sato	Communications Biology https://doi.org/10.1038/s42003-026-09613-y
2026. 2. 24	マウス多能性幹細胞から精巣組織の再構築に成功 ～機能的な体細胞を誘導し、精子形成不全の回復と産子獲得を実証～ Generation of Functionally Competent Testicular Somatic Cells from Pluripotent Stem Cells	Takuya Sato, Takashi Yoshino, Mai Ohtsuka, Takahiro Suzuki, Takafumi Matsumura, Yuki Matsudaira, Yu Ishikawa-Yamauchi, Shiori Maeda, Haruka Yabukami, Yoshiakira Kanai, Miki Inoue, Yuichi Shima, Makoto Tachibana, Shogo Matoba, Kimiko Inoue, Narumi Ogonuki, Atsuo Ogura, Katsuhiko Hayashi, Takehiko Ogawa	Science Advances 10.1126/sciadv.adz0269
2026. 3. 27	ヒトミクログリアにおけるアルツハイマー病重要分子 APOE の新たな機能を解明 Apolipoprotein E Deficiency Impairs Human Microglial Proliferation Accompanied by Elevated Cellular Oxidative Stress	Dayoung Kim, Takayuki Kondo, Keiko Imamura, Kayoko Tsukita, Ayako Nagahashi, Tomoki Sakasai Haruhisa Inoue	Journal of Cellular and Molecular Medicine 10.1111/jcmm.71074
2026. 3. 30	マウス遺伝子操作の精度を飛躍的に向上 ー高感度発光技術で「遺伝子発現の抑制漏れ」を正確評価ー Assessing leaky expression of Cre-dependent DNA constructs in the mouse genome using sensitive bioluminescent reporters	Toshiaki Nakashiba, Takashi Sugiyama, Satoshi Iwano, Mizuho Iwama, Atsushi Yoshiki, Atsushi Miyawaki, Kuniya Abe	Cell Reports Methods 10.1016/j.crmeth.2026.101369

人材育成の取り組み

Efforts to Foster Personnel

■ 第 12 回 Wakate BRC Conference
The 12th Wakate BRC Conference

- 2025 年 7 月 11 日（金）
  Fri. July 11, 2025
- ハイブリッド開催（現地・オンライン）
  Hybrid event (onsite and online)
- 講演・ポスター発表・懇親会
  Lectures, Poster Presentations, Reception



図 1　第 12 回 Wakate BRC Conference（WBC）ポスター
Fig. 1 The 12th Wakate BRC Conference（WBC）Poster



図 2　第 12 回 Wakate BRC Conference 集合写真
Fig. 2 The 12th Wakate BRC Conference group photo

Wakate BRC Conference（WBC）は研究室からメンバーを募り運営される BRC 内の交流イベントで、年に 1 度の講演会等のイベントを開催しています。2025 年度は各研究室の新規着任者の紹介の他、各研究室の「ポスター発表」を実施し、ポスター賞も設けました。（図 1、図 2）。

The Wakate BRC Conference (WBC) is a social event within the BRC that is run by inviting members from laboratories and holds events such as lectures once a year, etc. In FY2025, in addition to the introduction of new arrivals from each laboratory, and We held “poster presentations” for each laboratory and established a poster award. (Figures 1, 2).

■ 研究業務報告会 Progress Report Session

主に若手スタッフが研究や事業業務に関する活動を報告する「研究業務報告会」を全 23 回（ハイブリッド）開催し、センター内の交流深化と人材育成を図りました（表 1）。

A total of 23 “Progress Report Session” were held (hybrid event), where mainly young staff members reported on their activities related to research and business operations, in order to deepen exchanges within the center and develop human resources (List 1).

■ BRC セミナー BRC Seminar

理研 BRC では人材育成の取り組みの一環として BRC セミナーを開催しています。最新の研究動向を追いながら外部の講師を招いて学ぶセミナーとなっています。BRC セミナーは外部の研究者にも公開しております。今年度は全 7 回開催しました（表 2）。

RIKEN BRC holds BRC seminars as part of its human resource development efforts. The seminars follow the latest research trends and are open to outside researchers. A total of 7 seminars were held this year (List 2).

■ 技術研修 Technical Training

提供するバイオリソースをより効率的に利用いただくために、利用者の皆様に向けての技術研修を実施しています。2025 年度は 11 回の技術研修を開催しました（表 3）。

To ensure more efficient use of the bioresources we provide, we conduct technical training for users. 11 technical training sessions were held in FY2024 (List 3).

■研究業務報告会　Progress Report Session

実施日	発表担当	発表者	発表タイトル
2025.4.9	遺伝子材料開発室 Gene Engineering Division	中島 謙一　テクニカルスタッフ II	高毒性遺伝子に挑む厳密制御発現系の開発～ SARS-CoV-2 リソース整備を通して～ Development of tightly controlled expression system to tackle highly toxic genes, during establishing SARS-CoV-2 gene resources.
2025.4.23	実験動物開発室 Experimental Animal Division	佐藤 佳祐　特別任期制研究員	マウスリソースにおける微生物学的品質管理 Microbiological quality control in mouse bioresorce
2025.5.8	遺伝子発現エピゲノム研究チーム Transcriptome-Epigenome Research Team	久保 直樹　チームディレクター	新チーム立ち上げの進捗とこれからの研究について Progress in Team Formation and Future Research Plans
2025.5.15	品質管理支援ユニット Support Unit for Quality Management	小林 正智　品質管理支援ユニットリーダー	BRC 独自の品質管理システム 信頼性、継続性、先導性を担保する仕組みづくりに向けて Quality management system unique to BRC Toward the establishment of management system that supports Trust, Sustainability and Leadership)
2025.6.5	次世代ヒト疾患モデル研究チーム Next Generation Human Disease Model Research Team	齋藤 彩圭　特別研究員	亜種由来系統間 F1 マウスを用いた表現型解析と疾患研究への展開 Phenotypic characterization using F1 hybrid mice derived from distinct subspecies and its implications for disease research
2025.6.25	実験植物開発室 Experimental Plant Division	安部 洋　専任研究員	グローバルコモンズ課題に資するシロイヌナズナ葉圏細菌リソース整備と解析 Development and analysis of *Arabidopsis thaliana* phyllosphere bacterial resource for global commons project.
2025.7.3	細胞材料開発室 Cell Engineering Division	中村 和昭　室長	これまでの研究活動と細胞材料開発室の業務 My previous research activities and the work of the Cell Engineering Division.
2025.7.17	iPS 創薬基盤開発チーム iPSC-based Drug Discovery and Development Team	森田 賢　客員研究員	脂質膜の高度不飽和脂肪酸が神経機能とアミロイドβ産生を制御する Polyunsaturated fatty acids in lipid membranes regulate human neuronal function and amyloid-β production
2025.8.4	統合情報開発室 Integrated Bioresource Information Division	山縣 真允　テクニカルスタッフ I	IPA 基準に準拠した統合情報のインフラ改善 Improvement of Information Infrastructure for the Integrated BioResource Information Division Based on IPA Standards
2025.8.19	微生物材料開発室 Microbe Division	酒井 博之　基礎科学特別研究員	新規 Nanobdellati アーキア培養株の確立と性状解析 Cultivation and characterization of novel *Nanobdellati* archaea
2025.9.4	iPS 細胞高次特性解析研究チーム iPS Cell Advanced Characterization Research Team	清水 智哉　研修生	染色体異常疾患患者由来 iPS 細胞を用いた神経堤症の病態モデリング Disease modeling of neurocristopathy using induced pluripotent stem cell derived from patients with chromosomal abnormality.
2025.9.25	マウス表現型研究開発室 Mouse Phenomics Division	山田 郁子　開発技師	C57BL/6 マウスの行動表現型の性差解析について Analysis of Sex Differences in Behavioral Phenotypes of C57BL/6 Mice
2025.10.3	平井連携研究グループ -CSRS 質量分析・顕微鏡解析ユニット Mass Spectrometry and Microscopy Unit	平井 優美　技術基盤部門 部門長（兼務：代謝システム研究チーム チームディレクター、質量分析・顕微鏡解析ユニット ユニットリーダー）	メタボロミクスを基盤とした植物代謝研究 Metabolomics-based research of plant metabolism
2025.10.14	CSRS ホロビオント・レジリエンス研究チーム Holobiont and Resilience Research Team	山﨑 真一　研究員	水田生態系におけるイネ - 微生物相互作用と土壌微生物叢の動態解析 Rice-microbe interactions and soil microbiome dynamics in paddy field ecosystems

実施日	発表担当	発表者	発表タイトル
2025.10.30	統合発生工学研究開発室 Integrative Development Engineering Division	井上 貴美子　室長	統合発生工学研究開発室の紹介とその研究内容について Introduction of the Integrative Developmental Engineering Division and its research activities
2025.11.6	研究 DX 基盤開発チーム Research DX Foundation Team	田爭 祐喜、Jen-Chien Chang、早津徳人　専門技術員 (全員)	BRC における研究 DX 基盤開発の進展：NGS プロジェクトを中心に Progress in Developing a Research DX Platform at BRC: Focusing on the NGS Project
2025.11.13	実験植物開発室 Experimental Plant Division	川勝 泰二　室長	植物におけるエピゲノム多様性・ダイナミクス Epigenomic diversity and dynamics in plants
2025.11.27	統合情報開発室 Integrated Bioresource Information Division	湯原 直美　テクニカルスタッフ II 並木 由理　テクニカルスタッフ II	BRC サイトの変遷と AI チャットの導入について Overview of the BRC Website's Development and the Implementation of an AI Chatbot
2025.12.11	ゲノム可塑性発生制御研究チーム Developmental Genome Plasticity Research Team	坂下 陽彦　チームディレクター	研究チームのオデッセイ : 創設の背景と今後の展望について The Odyssey of Our Research Team: From Conception to New Horizon
2025.12.18	遺伝子材料開発室 Gene Engineering Division		
2026.1.8	実験動物開発室 Experimental Animal Division	中田 初美　専任技師 橋本 知美　テクニカルスタッフ II	マウスリソースにおける遺伝的品質管理：検査手法と事例紹介 Genetic Quality Control of Mouse Resources: Testing Methods and Case Studies
2026.1.22	細胞材料開発室 Cell Engineering Division	羽鳥 真功　開発技師	新規寄託オルガノイドの整備状況 The current status of newly deposited cancer organoids preparation
2026.2.12	微生物材料開発室 Microbe Division	遠藤 力也　研究員	JCM 酵母コレクションの整備状況と課題 Current Status and Challenges of the JCM Yeast Collection
2026.2.25	統合情報開発室 Integrated Bioresource Information Division	湯原 直美　テクニカルスタッフ II 並木 由理　テクニカルスタッフ II	BRC サイトの変遷と AI チャットの導入について Overview of the BRC Website's Development and the Implementation of an AI Chatbot
2026.2.26	予備日		
2026.3.5	遺伝子材料開発室 Gene Engineering Division	木嶋 順子　テクニカルスタッフ II	当室オリジナルな ECM リソース整備
2026.3.12	予備日		

（表 1）(List 1)

■ BRC セミナー　BRC Seminar

日時	講演タイトル	講演者所属	講演者名前	招聘担当	備考
2025.5.16 16:00〜17:00	物質・材料研究機構におけるオープンサイエンス基盤の開発と運用省力化の取り組み	国立研究開発法人 物質・材料研究機構 技術開発・共用部門 材料データプラットフォーム データ基盤ユニット 、主幹エンジニア	田辺 浩介 Dr. Kosuke Tanabe	遺伝子材料開発室・大浪純一	Hybrid
2025.6.6 10:00〜12:00	Effects of multiple concurrent global change drivers on soils and ecosystems	Freie Universitaet Berlin Institut fuer Biologie	Prof. Dr. Matthias C. Rillig	環境資源科学研究センター　ホロビオント・レジリエンス研究チーム 市橋泰範	Hybrid
2025.6.23 15:30〜17:00	The Gateway to Biological Research. BioOne!	Korea Bioinformation Center（KOBIC）, Korea Research Institute for Bioscience & Biotechnology（KRIBB）	Dr. Tae-Eun Jin	統合情報開発室・桝屋啓志	Hybrid
2025.6.23 15:30〜17:00	The Resource Research Circulation (RRC): A Publication Database for the National BioResource Project and Its Applications	NBRP information center, National Institute of Genetics(NIG), Research Organization of Information and Systems	川本 祥子 Dr. Shoko Kawamoto	統合情報開発室・桝屋啓志	Hybrid
2025.10.2 16:00〜17:00	哺乳動物のエピジェネティクス制御と三毛猫遺伝子探索プロジェクト	九州大学高等研究院 特別主幹教授 Kyushu University Institute for Advanced Study	佐々木 裕之 Dr. Hiroyuki Sasaki	遺伝子発現エピゲノム研究チーム 久保 直樹	Hybrid
2025.10.3 14:00〜15:00	微生物におけるセリン生合成経路・酵素の多様性	理化学研究所 環境資源科学研究センター 生体機能触媒研究チーム 上級研究員	千葉 洋子 Dr. Yoko Chiba	環境資源科学研究センター ホロビオント・レジリエンス研究チーム 市橋 泰範	Hybrid
2026 .1.26 16:00〜17:00	計算社会科学の方法論と事例	筑波大学大学院 人文社会ビジネス科学学術院准教授	吉田 光男 Dr. Mitsuo Yoshida	遺伝子材料開発室・大浪純一	Hybrid

（表 2）(List 2)

■ 技術研修　Technical Training

期間	課題名	受講者数	実施研究室
2025.5.30	ヒト iPS 細胞の培養に関する技術研修 Training course for human iPS cells	1	細胞材料開発室 Cell Engineering Division
2025.6.2-5	マウス可視的表現型解析法 Modified SHIRPA に関する技術研修 The Modified SHIRPA Technical Training Course	2	マウス表現型研究開発室 Mouse Phenomics Division
2025.7.4	ヒト iPS 細胞の培養に関する技術研修 Training course for human iPS cells	2	細胞材料開発室 Cell Engineering Division
2025.9.5	ヒト iPS 細胞の培養に関する技術研修 Training course for human iPS cells	3	細胞材料開発室 Cell Engineering Division
2025.10.1-2	形質転換等シロイヌナズナを用いた実験系の構築に関わる研修 Training course on basic technologies required for *Arabidopsis* research	2	実験植物開発室 Experimental Plant Division
2025.11.4-6, 12-13	マウス可視的表現型解析法 Modified SHIRPA に関する技術研修 The Modified SHIRPA Technical Training Course	1	マウス表現型研究開発室 Mouse Phenomics Division
2025.11.14	ヒト iPS 細胞の培養に関する技術研修 Training course for human iPS cells	4	細胞材料開発室 Cell Engineering Division
2025.12.8-11	マウス可視的表現型解析法 Modified SHIRPA に関する技術研修 The Modified SHIRPA Technical Training Course	2	マウス表現型研究開発室 Mouse Phenomics Division
2026.1.16	ヒト iPS 細胞の培養に関する技術研修 Training course for human iPS cells	6	細胞材料開発室 Cell Engineering Division
2025.1.17	腸内細菌の分離・培養・分類に関する技術研修 Training for the isolation, cultivation, and classification of gut bacteria	3	微生物材料開発室 Microbe Division, JCM
2026.3.6	ヒト iPS 細胞の培養に関する技術研修 Training course for human iPS cells	6	細胞材料開発室 Cell Engineering Division

（表 3）(List 3)

安全管理の取り組み

Initiatives in the Area of Safety Management

理研筑波地区では、事業とその推進を支える研究活動が、各種法令、指針に基づき、安全かつ適切に行なわれるよう努めております。

RIKEN Tsukuba Campus endeavors to ensure that the bioresource project and research activities that support promotion of the project are conducted in a safe and proper manner that complies with the relevant laws and guidelines.

1. 遺伝子組換え実験安全管理 Safety management of genetic recombinant experiments

（1）遺伝子組換え生物等規制法

遺伝子組換え生物の取り扱い等は、法律により、拡散防止措置や廃棄物処理、運搬の手続きが求められています。

（2）遺伝子組換え実験安全委員会

研究計画は、外部の専門家を含めた委員会において、法令への適合性について審査を受けます。

●2025 年度末現在の課題数：23 件
（P1・P1A・P1P・P2・P2A）

（3）教育訓練の実施

実験従事者は、法令、規程、執るべき拡散防止措置及び安全取扱い等について教育訓練を受講します。

（4）実験施設・設備の点検

安全管理課は、実験室の拡散防止措置、表示等の確認及び機器の検査を定期的に実施しています。

(1) Act on the Conservation and Sustainable Use of Biological Diversity through Regulations on the Use of Living Modified Organisms.

Based on the Act, living modified organisms (LMO) must be handled taking necessary measures to prevent their spread and must be disposed of properly. The Act also specifies procedures for transportation of LMO.

(2) Genetic Recombinant Experiment Safety Committee

Research protocols are reviewed by the safety committee, which includes outside experts, for compliance with the Act.

●The number of approved protocols as of the end of FY 2025: 23(P1・P1A・P1P・P2・P2A)

(3) Education and training

Personnel who perform genetic recombinant experiments receive educational trainings on relevant laws, regulations, measures to prevent the spread of LMO, and safe handling of them.

(4) Inspection of experimental facilities and equipment

The Tsukuba Safety Section conducts periodic checks on required signs and other measures to prevent the spread of LMO and inspects equipment in laboratories.



図 1　遺伝子組換え実験安全委員会 審議の様子
Fig. 1 Genetic Recombinant Experiment Safety Committee (Scenes of deliberation)

2. 動物実験管理 Management of animal experiments

（1）動物の愛護及び管理に関する法律・研究機関等における動物実験等の実施に関する基本指針

理研筑波地区で実施する動物実験は、動物愛護の観点、科学的な観点から動物実験等を適切に実施するためのガイドライン（基本指針）を遵守し、適切な管理を実施しています。

（2）動物実験審査委員会

研究計画は、外部の専門家を含めた委員会において、特に 3R（苦痛度軽減、代替法、使用動物数の低減）を重点とし、科学的、倫理的な側面から実験実施が妥当か否かの審査を受けます。

さらに審査体制、実験動物の管理、飼育施設、教育訓練状況等に関し、基本指針への適合性について自己点検・評価を毎年行い、更に外部検証も実施しています。

● 2024 年度自己点検・評価結果

実験報告	適正：14 件、要改善：0 件
飼育管理報告	適正：5 件、要改善：0 件

（3）教育訓練の実施

動物実験従事者は、基本指針等及び動物の取扱い等についての教育訓練を毎年受講します。

（4）飼育施設等の点検・確認

飼育・保管・実験に応じた設備等の適正維持のため、

定期的に点検・確認を実施しています。

(1) Act on Welfare and Management of Animals and Fundamental Guidelines for Proper Conduct of Animal Experiments and Related Activities in Academic Research Institutions

At RIKEN Tsukuba Campus, animal experiments are conducted and managed properly with consideration of both animal welfare and scientific rationale, complying with the Fundamental Guidelines.

(2) Institutional Animal Care and Use Committee

The Institutional Animal Care and Use Committee, which includes outside experts, reviews research proposals from a scientific and ethical perspectives, especially in consideration of the principles of the 3Rs (Reduction of the number of animals used, Refinement of experiments to minimize pain and suffering, and Replacement with alternative techniques).

In addition, the committee conducts self-inspection and evaluation every year on the review system, management of experimental animals, animal rearing facilities, the status of implementation of education and training, etc. in conformity with the Fundamental Guidelines. Furthermore, the results of self-inspection and evaluation are verified by external authorities.

● Results of self-inspection and evaluation for FY 2024

Experiment reports: Appropriate 14, improvement required 0

Rearing management reports: Appropriate 5, improvement required 0

(3) Education and training

Personnel who conduct animal experiments receive educational trainings every year on the Fundamental Guidelines and appropriate handling of experimental animals.

(4) Inspection/check of animal rearing facilities

We conduct periodic inspections and checks in order to maintain facilities appropriate for animal rearing, storage, and experimentation.

3. 研究倫理
Research ethics

（1）生命・医学系指針、ES 指針ほか

ヒト由来試料の取扱いは、適用を受ける指針に基づき行われます。これら指針の根本にある考え方は、被験者（試料提供者）の尊厳、人権、個人情報を守るための機関の長、研究責任者等の責務、インフォームド・コンセント及び試料の管理等を適正に行うことにあります。

（2）倫理審査委員会

研究計画の倫理的及び科学的妥当性について、医学、生物学、法律、生命倫理に関する専門家及び一般の立場の方を含めた委員会で審査を受け研究を実施しています。

● 2025 年度末現在の課題数：22 件

（3）教育訓練の実施

研究者等は、指針及び規程等を踏まえた倫理講習を受講します。

(1) Ethical Guidelines for Medical and Biological Research Involving Human Subjects, Ethical Guideline for Human ES cells, etc.

RIKEN researchers handle human derived materials in accordance with the applicable guidelines. The concept underlying these guidelines is that both the institutional officials and the principal investigators are responsible for protecting human dignity, human rights and personal information of the research subjects who provide biological specimens for research. Based on this concept, researchers ensure that informed consent is obtained from the research subjects and that all materials are managed properly.

(2) Research Ethics Committee

The Research Ethics Committee, which comprises specialists in medicine, biology, and law and bioethics, as well as lay persons, reviews research proposals in terms of research ethics and scientific validity.

● The number of approved protocols as of the end of FY 2025:22

(3) Education and training

Researchers and personnel concerned receive educational trainings based on the ethical guidelines and regulations.

4. 高圧ガス管理
Management of high-pressure gas

（1）高圧ガス製造設備

貴重なバイオリソースを長期間安定して保存するため、液化窒素を用いて凍結保存容器で保管しています。これら容器へ液化窒素を供給するため液化窒素貯槽（5基）を設置し、さらに非常時でも液化窒素の供給を絶やさないため、液化窒素製造装置（14 台）を整備しています。

2025 年度は、老朽化が進んでいた情報・微生物棟用の液化窒素貯槽について、安全性の確保及びバイオリソースの将来にわたる確実な保存・継承を目的として新規貯槽への更新を実施しました。

（2）高圧ガス保安会議

筑波地区は第一種製造者として茨城県より製造の許可を受けているため、高圧ガス保安法に基づき、保安管理体制を整備しています。保安管理状況を把握し、危害予防に努めるため、定期的に保安会議を開催しています。

(1) High-pressure gas production equipment

In order to preserve valuable bioresources stably for a long

period of time, we store them in liquid nitrogen in cryopreservation containers. We have installed 5 liquid nitrogen tanks that provide liquid nitrogen to these containers and 14 liquid nitrogen production facilities that enable continued supply of liquid nitrogen in case of emergency.

In fiscal year 2025, we replaced the aging liquid nitrogen storage tank for the Informatics and JCM Building with a new one, with the aim of ensuring safety and securing the reliable long-term preservation and succession of bioresources.

(2) High-pressure gas security committee

RIKEN Tsukuba Campus established the security management system based on the High-Pressure Gas Safety Act because we are approved as a Class 1 Producer by Ibaraki Prefecture. The high-pressure gas security committee meets periodically in order to understand the security management situation and thereby prevent high-pressure gas related hazards.

5. その他安全管理
Other issues on safety management

（1）安全管理が必要なもの

前述の 1 ～ 3 の実験には、化学薬品、高圧ガス、放射性物質及び微生物などの取扱いを伴う場合が多く、各法令等に基づく規程等を定め、適正な取扱いを実施しています。また、研究廃棄物、実験排水等についても法令等を遵守し、適正な管理を行っています。

（2）労働安全

労働者の安全確保、設備の健全性の確認等のため、定期的に研究室の巡視点検を行うとともに、安全のためのマニュアルや安全衛生情報紙によりその時々のトピックス、事例などを踏まえ、労働安全確保のための啓発や周知活動を実施しています。

(1) Items that require safety management

The above-mentioned research activities frequently involve use of chemicals, high-pressure gas, radioactive materials, and microorganisms. The Safety Center has established in-house rules based on the relevant laws and regulations to ensure that they are handled in an appropriate manner. The Safety Center also manages disposal of laboratory waste, the laboratory drainage system, etc., carefully following the applicable laws and regulations.

(2) Occupational safety

RIKEN Tsukuba Campus conducts periodical patrol inspection in the laboratories in order to ensure the safety of workers and check the integrity of equipment. In addition, we provide safety manuals and circulate a monthly report with up-to-date topics and case studies on safety and health so that all personnel are aware of dangers and hazards associated with their activities.

6. 事業の透明性確保のための活動
Ensuring transparency of our activities

理研 BRC の事業活動の意義やこれまでの歴史を知っていただくことを目的に、地域住民の方々には、事業活動と安全管理に関する状況を毎年報告する地元説明会を開催し、活動の透明性を確保すべく努めています。

Aiming to provide an opportunity to learn about the history of RIKEN and the significance of RIKEN BRC activities, we hold an annual explanatory meeting for local residents, at which we thoroughly report on our activities, especially our safety management practices, in order to ensure transparency in our activities.



図 2　液化窒素貯槽更新工事
Fig. 2 Liquid nitrogen storage tank replacement work

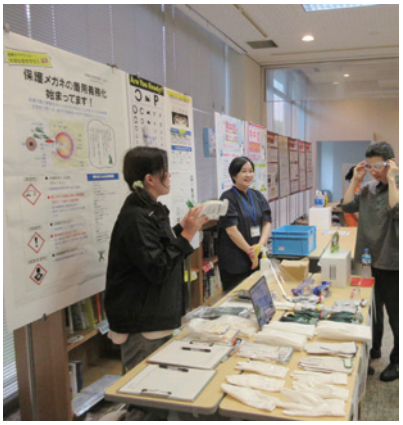


図 3　保護具配布会の様子（保護手袋や保護メガネ等を配布し、使用方法等を周知するポスターを掲示）
Fig. 3 Scenes from the protective equipment distribution event (where protective gloves and safety goggles were distributed and posters were displayed to promote proper usage).

安全管理のための講習　Safty Manegement Traing Program

Program	Participants	No. of participants
遺伝子組換え実験 Genetic recombinant experiments	遺伝子組換え実験を行う予定のある者 Those who plan to conduct genetic recombination experiments	計 42 名 42 participants
微生物使用実験 Handling of microorganisms	微生物等を取り扱う予定のある者 Those who plan to handle microorganisms, etc.	計 25 名 25 participants
動物実験 Animal experiments	動物実験従事者または飼育技術者の登録を希望する者 Persons wishing to register as animal experiment workers or breeding technicians	計 31 名 31 participants
動物実験従事者及び飼育技術者再教育訓練 Education and training for employees conducting animal experiments and animal caretakers	全動物実験従事者及び飼育技術者 Employees who will newly commence animalexperiments and employees who wish to register as animal caretakers	計 157 名 157 participants
人を対象とする研究 Research involving human subjects	人を対象とする研究を行う者 Those who conduct research on humans	計 9 名 9 participants
ヒト ES 細胞使用実験 Experiment using human ES cells	ヒト ES 細胞研究に関する実験を行う者 Those who conduct experiments related to human ES cell research	計 6 名 6 participants
麻薬・向精神薬・覚醒剤使用者 People who use narcotics, psychotropic drugs, or stimulants	麻薬・向精神薬・覚醒剤を使用する者 Those who use narcotics, psychotropic drugs, stimulants	計 27 名 27 participants
毒物劇物使用者 poisonous and deleterious substance user	毒物劇物を使用する者 Those who use poisonous and deleterious substances	計 25 名 25 participants
一般試薬使用者 General reagent user	一般試薬を使用する者 Those who use general reagents	計 53 名 53 participants
高圧ガス（液化窒素を含む）の取扱い Handling high-pressure gas (including liquefied nitrogen)	高圧ガス（液化窒素を含む）を取扱う者 Persons who handle high-pressure gas (including liquefied nitrogen)	計 55 名 55 participants
液化窒素液取り作業者 Liquefied nitrogen removal worker	CE タンクから液化窒素の液取りを行う者 Person who removes liquefied nitrogen from CE tank	計 18 名 18 participants
放射線 Radiation	新たに放射線管理区域に立入る予定のある者 Persons planning to enter a radiation controlled area for the first time	計 14 名 14 participants
X線 X-ray	X線装置を使用する予定のある者 Those who plan to use X-ray equipment	計 2 名 2 participants
放射線業務従事者等再教育訓練 Secondary education and training for employees working with radiation	全放射線業務従事者及び全エックス線装置等取扱者 Employees working with radiation, X-ray equipment and the like	計 89 名 89 participants

予算と人員

Budget & Personnel Organization

予算
Budget

（百万円／ million yen）

●運営費交付金／Government Funding for Operation*	1,965
●バイオリソース分譲収入及び技術研修収入／User's Fee and Technical Training Fee**	187
●外部資金獲得額／External Research Grants***	363

* 筑波事業部の予算を含まない
** 2025 年度実績／FY2025 achievement
*** 間接経費と一般管理費を含まない

人材
Personnel Organization

●研究系職員／ Developmental Research Staff	**326 名**
●定年制・無期雇用職員／ Permanent Research Scientist, Indefinite-term Employee	38 名
●任期制研究職員／ Fixed-term Research Scientist	36 名
●特別嘱託職員／Special Temporary Employee	1 名
●テクニカルスタッフ／ Technical Staff	58 名
●アシスタント／ Assistant	16 名
●パートタイマー／ Part-time Worker	58 名
●学振特別研究員 PD ／ JSPS PD Researcher	3 名
●基礎科学特別研究員／ Special Postdoctoral Researcher	1 名
●大学院生リサーチアソシエイト／ Junior Research Associate	3 名
●国際プログラム・アソシエイト／ International Program Associate	1 名
●理研スチューデント・リサーチャー D ／ RIKEN Student Researcher D	1 名
●理研スチューデント・リサーチャー M ／ RIKEN Student Researcher M	3 名
●客員研究員／ Visiting Scientist	48 名
●研修生・研究生・実習生／ Student Trainee・Research Fellow・Intern	18 名
●派遣職員／ Agency Staff	41 名
●事務職員／ Administrative Employee & Tsukuba Safety Center Staff	**67 名**

合計 393 名
（2026.3.31）

評価

Evaluations

理研における評価

Evaluation System in RIKEN

リソース検討委員会
Resource Committees

それぞれのバイオリソースに関する整備方針・戦略について、評価並びに助言・提言。

Every year, six Resource Committees offer evaluation and advice, and formulate proposals concerning plans and strategies for each of the bioresources held by the RIKEN BRC.

レビュー委員会
Review Committees

基盤技術開発事業及びバイオリソース関連研究開発プログラムに属する 6 研究室の成果に対し、2 ～ 3 年ごとに評価並びに助言・提言。

Every 2-3 years, the Review Committee evaluates the outcomes produced by six laboratoriesbelonging to th Key Technology Development Division or the Bioresource Frontier Programs, and offer advice and formulate proposals.

バイオリソース研究センターアドバイザリー・カウンシル
BioResource Research Center Advisory Council (BRAC)

国内外有識者 5 名と各リソース検討委員長、レビュー委員長により、理研 BRC の活動全般を評価し、センター長に対して助言と提言。

Consists of six international and domestic experts and the chairpersons of each of the Center's s six Resource Committees and a Review Committee, the RIKEN BRAC evaluates the BRC's s activities as a whole, and formulates proposals for the BRC's director.

評価・助言
Evaluation and Advice

日本語 → https://web.brc.riken.jp/ja/reports
English → https://web.brc.riken.jp/en/reports

理研アドバイザリー・カウンシル
RIKEN Advisory Council (RAC)

国内外有識者と各センターAC委員長により、理研の活動全般を評価、理事長に対して提言。

Consists of International and domestic experts and the chairpersons of the Advisory Councils of some of RIKEN's centers, the RAC conducts evaluations of RIKEN's activities as a whole, and formulates proposals for RIKEN's president.

評価・助言
Evaluation and Advice

日本語 → https://www.riken.jp/about/plans_reports/evaluations/rac/
English → https://www.riken.jp/en/news_pubs/pubs/reports/rac/index.html

外部評価

External Evaluation

独立行政法人評価
Evaluation as independent administrative institution

総合科学技術・イノベーション会議
Council for Science, Technology and Innovation

リソース検討委員会　委員
Resource Committees Members

◎：委員長　Chairperson
〇：副委員長　Vice Chairperson

●実験動物検討委員会
Resource Committee of Experimental Animals
◎伊川 正人 IKAWA, Masahito
国立大学法人大阪大学 微生物病研究所附属 感染動物実験施設 教授
金井 正美 KANAI, Masami
国立大学法人東京科学大学 大学院医歯学総合研究科 疾患モデル動物解析学分野　教授
吉川 欣亮 KIKKAWA, Yoshiaki
公益財団法人東京都医学総合研究所 基礎医科学研究分野 プロジェクトリーダー
笹岡 俊邦 SASAOKA, Toshikuni
国立大学法人新潟大学 脳研究所生命科学リソース研究センター 動物資源開発研究分野 教授
高倉 彰 TAKAKURA, Akira
公益財団法人実中研 常務理事、副所長、基盤技術部門長
〇高橋 智 TAKAHASHI, Satoru
国立大学法人筑波大学 医学医療系 トランスボーダー医学研究センター＜生命科学動物資源センター＞ 教授
高橋 雅英 TAKAHASHI, Masahide
学校法人藤田学園　藤田医科大学　学園学術アドバイザー　特命教授　兼 研究統括監理部 統括学術プログラム・ディレクター
兼 国際再生医療センター 名誉センター長
真下 知士 MASHIMO, Tomoji
国立大学法人東京大学 医科学研究所 実験動物研究施設 先進動物ゲノム研究分野 ゲノム編集研究分野（兼）教授
松岡 秀明 MATSUOKA, Hideaki
アステラス製薬株式会社 イノベーションラボ イノベーションコアラボ長

●実験植物検討委員会
Resource Committee of Experimental Plants
磯部 祥子 ISOBE, Sachiko
国立大学法人東京大学大学院 農学生命科学研究科 園芸学研究室 教授
〇榊原 均 SAKAKIBARA, Hitoshi
国立大学法人東海国立大学機構 名古屋大学 大学院生命農学研究科 植物情報分子研究室 教授
瀬尾 茂美 SEO, Shigemi
国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構 生物機能利用研究部門 作物生長機構研究領域 作物病害制御機構グループ グループ長
塚谷 裕一 TSUKAYA, Hirokazu
国立大学法人東京大学 大学院 理学系研究科 教授
長谷部 光泰 HASEBE, Mitsuyasu
大学共同利用機関法人自然科学研究機構 基礎生物学研究所 生物進化研究部門 教授
◎三村 徹郎 MIMURA, Tetsuro
学校法人京都先端科学大学 バイオ環境学部 バイオサイエンス学科 教授
三浦 謙治 MIURA, Kenji
国立大学法人筑波大学 生命環境系 教授

●細胞材料検討委員会
Resource Committee of Cellular Materials
青井 貴之 AOI, Takashi
国立大学法人神戸大学 医学研究科未来医学講座 教授
〇阿久津 英憲 AKUTSU, Hidenori
国立研究開発法人国立成育医療研究センター研究所 再生医療センター　センター長
伊藤 弓弦 ITO, Yuzuru
国立大学法人筑波大学 生命環境系 教授
小原 有弘 KOHARA, Arihiro
国立研究開発法人医薬基盤・健康・栄養研究所 創薬資源研究支援センター センター長
坂本 一樹 SAKAMOTO, Kazuki
大鵬薬品工業株式会社 新薬プロジェクト推進部 部長
◎戸口田 淳也 TOGUCHIDA, Junya
国立大学法人京都大学 iPS 細胞研究所 教授

●遺伝子材料検討委員会
Resource Committee of Genetic Materials
五十嵐 和彦　IGARASHI, Kazuhiko
国立大学法人東北大学 大学院医学系研究科 生物化学分野 教授
太田 紀夫 OTA, Toshio
国立研究開発法人科学技術振興機構 NBDC 事業推進部 主任専門員
佐々木 洋 SASAKI, Hiroshi
国立大学法人大阪大学 大学院 生命機能研究科 初期胚発生研究室 教授
〇豊田 敦 TOYODA, Atsushi
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
ゲノム・進化研究系 比較ゲノム解析研究室 特任教授
◎菅野 純夫 SUGANO, Sumio
一般社団法人柏の葉オーミクスゲート　理事長
永井 健治 NAGAI, Kenji
国立大学法人大阪大学 産業科学研究所 生体分子機能科学研究分野 栄誉教授
福田 光則 FUKUDA, Mitsunori
国立大学法人東北大学 大学院生命科学研究科 脳生命統御科学専攻膜輸送機構解析分野 教授

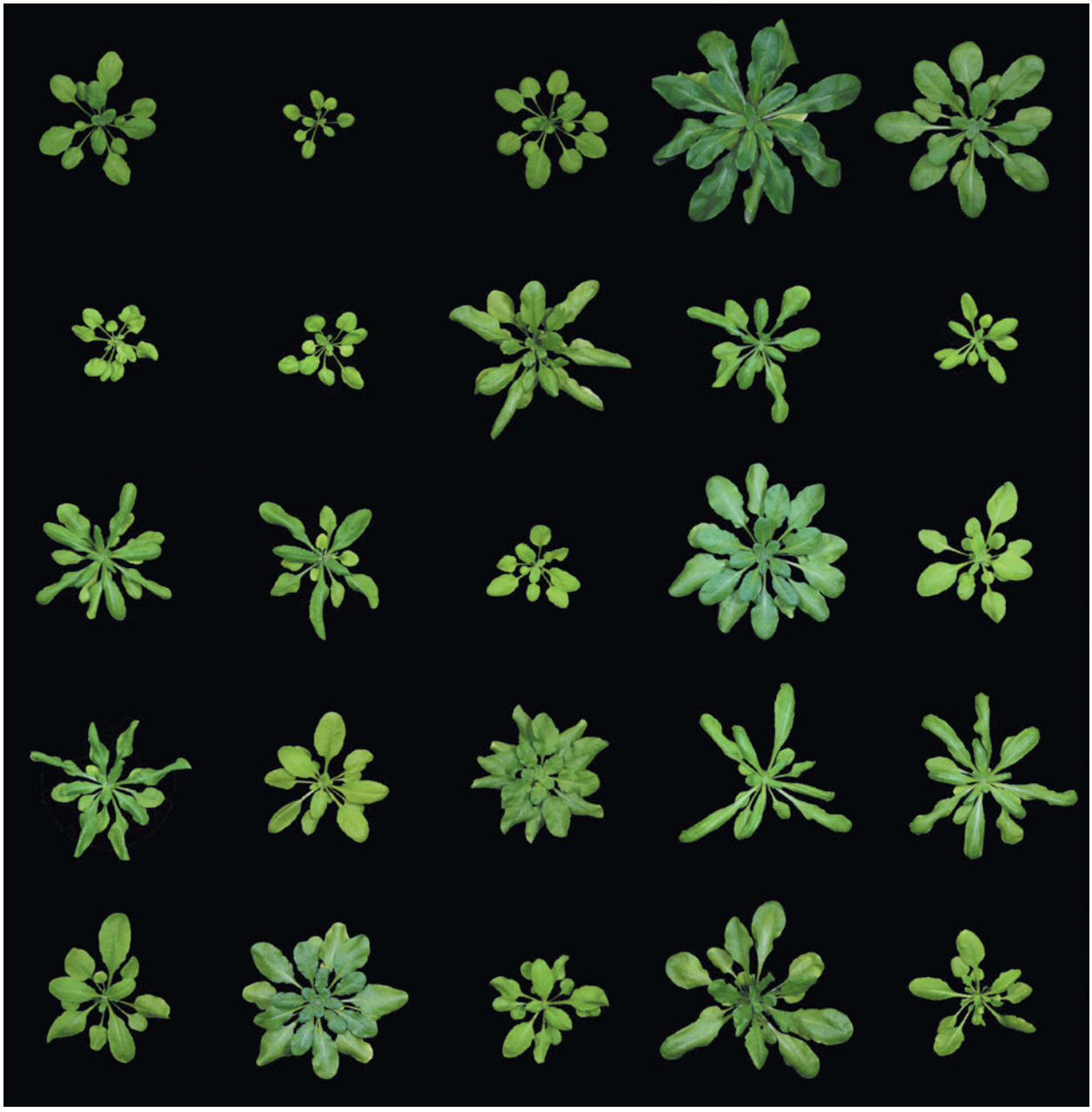
●微生物材料検討委員会
Resource Committee of Microbial Materials
太田 寛行 OHTA, Hiroyuki

国立大学法人茨城大学 学長
河地 正伸 KAWACHI, Masanobu
国立研究開発法人国立環境研究所 生物多様性領域 特命研究員
関口 勇地 SEKIGUCHI, Yuji
国立研究開発法人産業技術総合研究所 バイオメディカル研究部門 総括研究主幹
新谷 政己 SHINTANI, Masaki
国立大学法人静岡大学 工学部 化学バイオ工学科 教授
〇野田 悟子 NODA, Satoko
国立大学法人茨城大学 理工学研究科 教授
◎野村 暢彦 NOMURA, Nobuhiko
国立大学法人筑波大学 生命環境科系 野村暢彦研究室 教授
宝来 真志 HOURAI, Shinji
一般財団法人バイオインダストリー協会 生物資源総合研究所 所長
矢口 貴志 YAGUCHI, Takashi
国立大学法人千葉大学 真菌医学研究センター バイオリソース管理室 准教授（室長）

●情報検討委員会
Resource Committee of Information
荻島 創一 OGISHIMA, Soichi
国立大学法人東北大学 高等研究機構 未来型医療創成センター
< 兼 東北メディカル・メガバンク機構 医療情報 ICT 部門 > 教授
川村 隆浩 KAWAMURA, Takahiro
国立大学法人東京大学 情報基盤センター　データ科学研究部門 教授
川本 祥子 KAWAMOTO, Shoko
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 情報研究系 系統情報研究室 准教授
五斗 進 GOTO, Susumu
大学共同利用機関法人情報・システム研究機構 データサイエンス共同利用基盤施設
ライフサイエンス統合データベースセンター 教授
〇中村 保一 NAKAMURA, Yasukazu
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 情報研究系 教授
< 兼 生命情報・DDBJ センター 国際連携部門長 >
◎宮崎 智 MIYAZAKI, Satoru
学校法人東京理科大学 薬学部・生命創薬科学科 宮崎研究室 薬学部長 教授

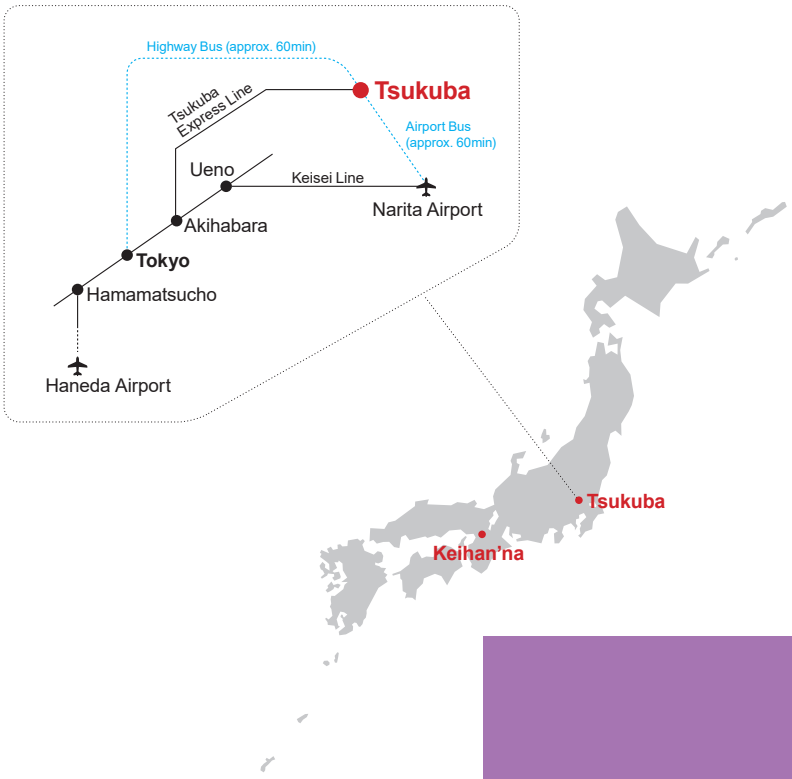
表紙写真について

Cover Photo



シロイヌナズナは、世界中（主に北半球）に自生する一年生のアブラナ科植物である。実験植物開発室では、世界各地から収集したシロイヌナズナの野生系統を保存・提供している。これらの野生系統は、葉の形や開花時期が多様であるだけでなく、さまざまな環境への適応性も示す。表紙の写真は、日本国内で採取された 25 系統のシロイヌナズナを、抽台前後の時期に撮影したものである。

Arabidopsis thaliana is an annual plant of the Brassicaceae family found in diverse habitats across the world, mainly in the Northern Hemisphere. The Experimental Plant Division preserves and distributes natural accessions of *A. thaliana* collected from many regions around the globe. These accessions exhibit variation not only in leaf morphology and flowering time but also in their adaptation to diverse habitats and environmental conditions. The cover image shows 25 accessions collected in Japan, photographed before and after bolting.



Microbe

Experimental Plant

Gene Engineering

Cell Engineering

Experimental Animal

TSUKUBA CAMPUS

Address: 3-1-1 Koyadai, Tsukuba, Ibaraki, 305-0074, Japan
Phone: +81-29-836-9111
Fax: +81-29-836-9109

KEIHANNA CAMPUS

Address: 1-7 Hikaridai, Seika-cho, Soraku-gun, Kyoto, 619-0237, Japan

2026.09

RIKEN 2026-023