



大学共同利用機関法人 自然科学研究機構

生命創成探究センター

〒444-8787 愛知県岡崎市明大寺町字東山5-1

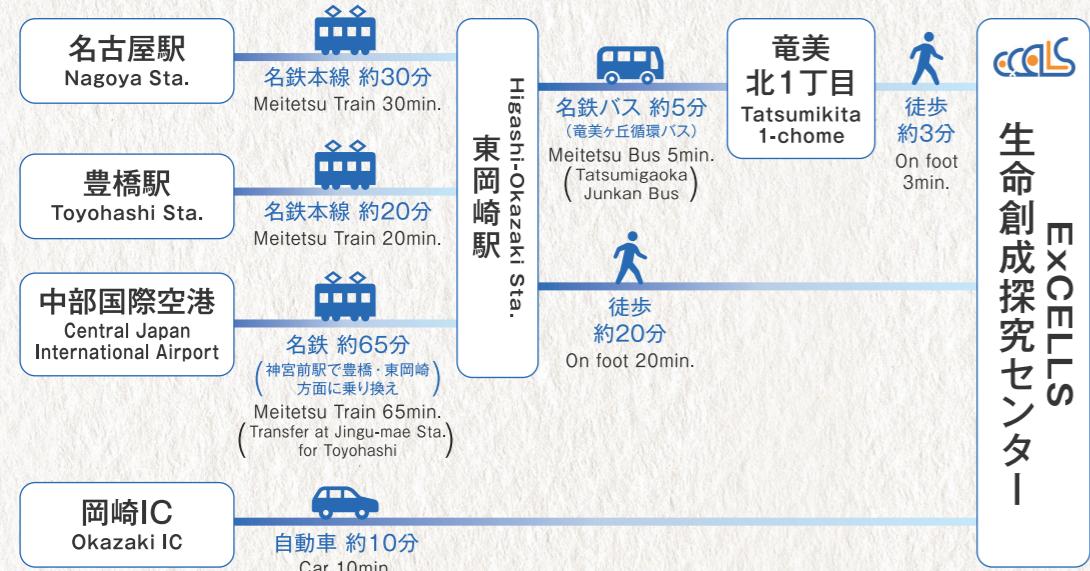
TEL.0564-59-5201 / FAX.0564-59-5202

E-mail : info@excells.orion.ac.jp

<https://www.excells.orion.ac.jp/>



アクセス Access

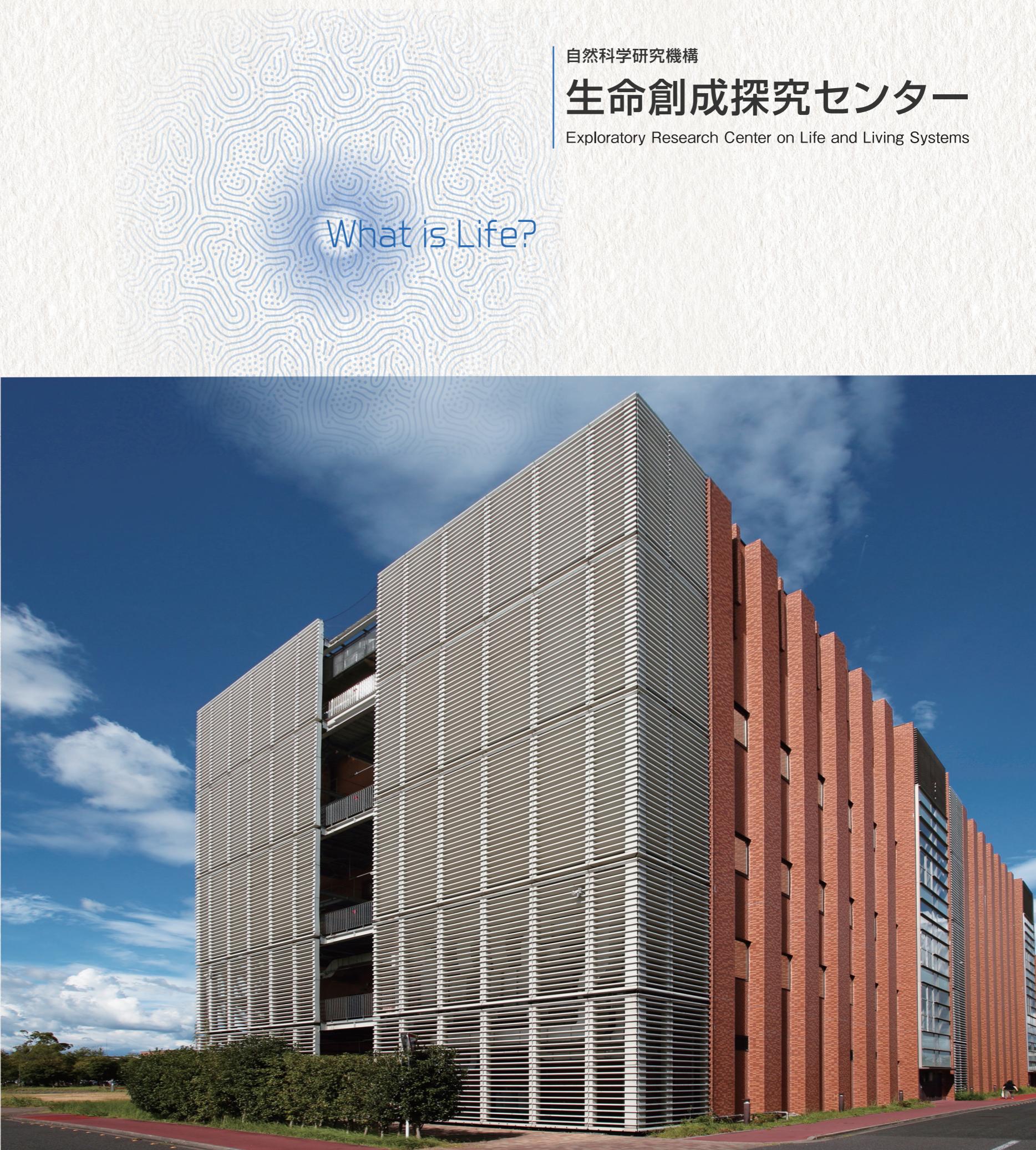


What is Life?

自然科学研究機構

生命創成探究センター

Exploratory Research Center on Life and Living Systems



2024.06

メッセージ
Message
from the Director
of ExCELLS



生命創成探究センター
センター長 根本 知己
NEMOTO, Tomomi
Director, ExCELLS

生命創成探究センターは、旧岡崎国立共同研究機構以来の学際的な研究活動の伝統を受け継ぎ、歴史ある岡崎の地に2018年4月に発足した新しい研究運動体です。新しい酒は新しい皮袋に盛れとあるように、自然科学研究機構の岡崎統合バイオサイエンスセンター、新分野創成センター、岡崎3研究所から、新進気鋭の研究者が集合し、旧来の知の世界の矩を越えた生命の概念の再構築を行うことを究極のミッションといたしました。すなわち、「命とは何か」という人類共通の根源的な知的疑問に、先端的かつ多様な科学技術や国内外を含む多層的な知的連携によって果敢に挑戦しています。発足以来の6年の間に、「みる・よむ・つくる」をキーワードに、物質と生命の境界はどこにあるのか、極限環境下で活動する生命とは何か、生命活動を支える分子は如何にして生命機能を創発しているのか、生命は人工的に構築できるのかといったテーマにアプローチし、多くの新しい知見を得つつあります。私たちは、今後、この生命創成探究センターの先端的な研究を、「先端共創プラットフォーム事業」としてさらに先鋭化すると共に、「連携強化プラットフォーム事業」としてその成果を社会との共創に還元し推進をしていきたいと考えています。一方で、我が国の基礎的研究を取り巻く環境は決して安泰とは言えないのが実情です。経験豊富な諸先輩方の協力を得ながら、センター長として、この伝統ある岡崎の地に発足した生命創成探究センターの発展に微力ながら力を尽くす所存です。皆様の一層のご支援、ご鞭撻を賜りますようお願い申し上げます。

The Exploratory Research Center on Life and Living Systems (ExCELLS) is a newly established research entity, inaugurated in April 2018 in the historically significant city of Okazaki, carrying on the tradition of interdisciplinary research activities from the former Okazaki National Institutes. As the saying goes, "Pile up new wine into new wineskins," ExCELLS brings together promising researchers from the Okazaki Institute for Integrative Bioscience, the Center for Novel Science Initiatives, and the three Okazaki Institutes (IMS, NIBB, NIPS) to embark on the ultimate mission of reconstructing the concept of life, transcending the boundaries of conventional knowledge. Our resolute pursuit revolves around the fundamental and universal intellectual question of "What is life?". It involves courageous challenges through advanced and diverse scientific techniques and multidimensional intellectual collaborations encompassing both domestic and international spheres. Over the past six years since its inception, we have started exploring new themes guided by the keywords "Observe, Read, and Create," such as the location of the boundary between matter and life, the nature of life in extreme environments, the emergence of molecules that underpin biological activities, and the possibility of artificially constructing life. These endeavors have yielded numerous new insights. Moving forward, we aspire to further expand the cutting-edge research of ExCELLS by transforming it into the Advanced Co-creation Platform (ACP), and we aim to contribute to society by returning and promoting the outcomes of our research through the Collaboration Enhancement Platform (CEP). However, it is important to recognize the challenging environment surrounding foundational research in our country. As the director, I am dedicated to developing ExCELLS, which was established in this esteemed city of Okazaki, with the invaluable support and cooperation of experienced colleagues. We sincerely request your continued support and encouragement in our endeavors.



What is Life?

Exploratory Research Center
on Life and Living Systems

「生きているとは何か?」という人類共通の根源的な問いに真正面から立ち向かう大規模研究拠点は、世界的にも例がありません。ExCELLSは、これまでにない独創的な視点を持った多様な研究者が集い、次世代の生命科学研究を開拓する、新しい研究センターです。「みる・よむ・つくる」を基軸に、学際的かつ独創的な研究を展開していきます。

ExCELLS aims to achieve an integrative understanding of living systems beyond reductionism utilizing large-scale data analyses and synthetic biological approaches. ExCELLS provides a unique platform for cross-disciplinary research in an inter-university, collaborative environment, using the "Observe, Read, and Create" approach.



創成研究領域 Department of Creative Research



革新的な計測手法を開発し、複雑な生命システム全体の中における各構成要素のダイナミックな振る舞いをありのままに観測します。さらに、その背景にある物理化学的諸量の変化の可視化を行っていきます。
To develop innovative methods for observing dynamic behaviors of biomolecules in situ and for visualizing changes in quantities of various physical components in complex living systems.



計測・観測を通じて蓄積されていく多様な生命情報の中に隠されている意味を解読し、理論体系化し、予測します。そのための情報科学・理論科学・計算科学的アプローチを発展させます。
To develop theoretical and computational approaches to decode, interpret, and predict biological patterns from varying data.



生命システムを実験的に構成すること、あるいは計算機上で構築することを通じて、外部環境の変動の中で秩序創発していくロバストな生命の本質を統合的に理解することを目指します。
To understand the design principles of dynamically ordering, and robust systems in varying environment by creating experimental and computational living systems.

極限環境生命探査室 Section for Exploration of Life in Extreme Environments



深海、地下、極地、大気圏外などにおける生命体の活動を探査・解析することを目指して、生命的始原形態と環境適応戦略を理解する研究を実施しています。
ExCELLS also explores living systems in extreme environments to elucidate original modes of living and adaptation strategies of organisms.

生命創成探究センターは、自然科学研究機構の直轄センターです。自然科学研究機構は宇宙、エネルギー、物質、生命など各々違った使命を持つ5つの研究所と機構直轄の2センターで構成された国際的・先端的な研究を推進する自然科学分野の国際的研究拠点です。生命創成探究センターは2018年4月、コミュニティ横断型の異分野融合研究を展開し、様々な大学・研究機関等の研究者との共同研究を活性化して、新たな生命科学研究を推進するための研究組織として誕生しました。



- 01 センター長挨拶 Message from the Director of ExCELLS
- 02 What is Life Exploratory Research Center on Life and Living Systems
- 03 組織図 Organization Chart
- 04 目次 Index
- 05 研究グループ Research Groups

創成研究領域 Department of Creative Research

- | | |
|---|---|
| 05 生物画像情報解析グループ
Bioimage Informatics Group | 16 金属生命科学研究グループ
Metabolobiology Group |
| 06 生命分子動態計測グループ
Biomolecular Dynamics Observation Group | 17 神経ネットワーク創発研究グループ
Neuronal Networks Research Group |
| 07 生命分子動態シミュレーション研究グループ
Biomolecular Dynamics Simulation Group | 18 生命分子創成研究グループ
Protein Design Group |
| 08 生体分子相互作用計測グループ
Biomolecular Interaction Research Group | 19 定量生物学研究グループ
Quantitative Biology Group |
| 09 生命分子動秩序創発研究グループ
Biomolecular Organization Research Group | 20 生命時空間制御研究グループ
Spatiotemporal Regulations Group |
| 10 バイオフォトニクス研究グループ
Biophotonics Research Group | 21 糖鎖構造機能解析グループ
Structural Glycobiology Group |
| 11 心循環ダイナミズム創発研究グループ
Cardiocirculatory Dynamism Research Group | 22 温度生物学研究グループ
Thermal Biology Group |
| 12 認知ゲノム研究グループ
Cognitive Genomics Research Group | 連携研究グループ Collaborative Research Group |
| 13 生命分子設計化学研究グループ
Designer Biomolecular Chemistry Group | 23 細胞シミュレーション研究グループ
Cell Modeling and Simulation Group |
| 14 神経分子動態生物学研究グループ
Dynamic Molecular Neurobiology Group | 24 染色体工学研究グループ
Chromosome Engineering Research Group |
| 15 連関系光生物学研究グループ
Interconnective photobiology Group | 25 理論生物学研究グループ
Theoretical Biology Group |

極限環境生命探査室 Section for Exploration of Life in Extreme Environments

- | | |
|--|--|
| 26 深海・地下生命研究グループ
Deep-Sea and Deep Subsurface Life Research Group | 30 共同利用・共同研究の推進 Promotion of Collaborative Researchs and Joint Researchs |
| 27 極限環境生命分子研究グループ
Extreme Environmental Biomolecular Research Group | 31 共同利用機器 Equipments for Cooperative Studies |
| 28 極限環境耐性研究グループ
Extremotolerance Research Group | 37 研究体制発展のための2つのプラットフォーム Two Platforms for Research System Development |
| 29 物質-生命境界領域研究グループ
Material-Life Boundary Research Group | 40 連携協定 Collaboration Agreement |
| | 41 イベント Events |

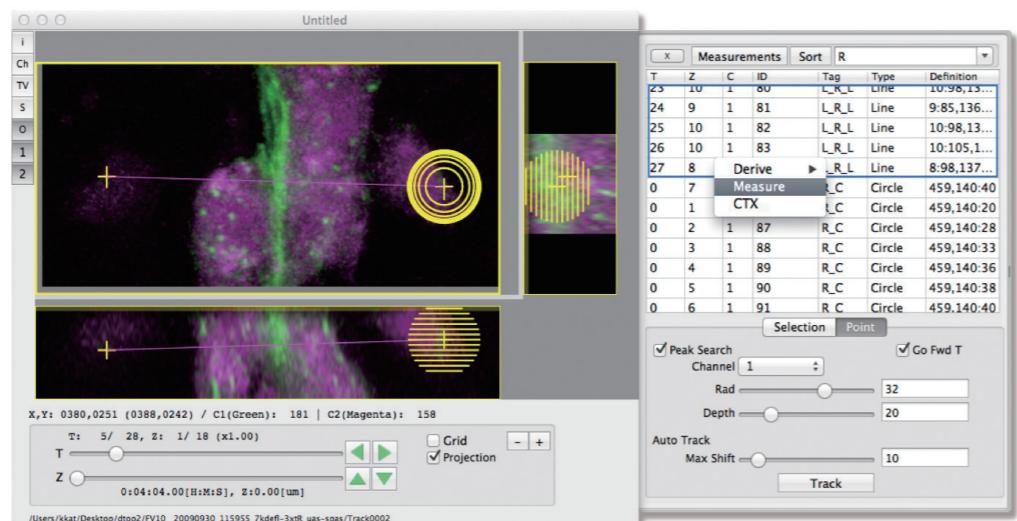
生物画像情報解析グループ | Bioimage Informatics Group



東島 真一 教授(併任)
HIGASHIJIMA, Shin-ichi
Professor



太田 裕作 特任助教
OHTA, Yusaku
Project Assistant Professor



共焦点レーザ顕微鏡により取得した時間軸を含む4次元撮像から、半自動的に生物学的特徴を採取するためのGUIアプリケーション。ネイティブ実装とすることで、軽快かつ高機能な操作系を実現している。

A native/lightweight application for semi-automatic biological feature collection tasks on 4D confocal stacks with an intuitive graphical user interface.

近年の顕微観察技術の発展は、多次元化や自動化に伴い多量の画像データを生成するようになりました。また、生物を対象とした顕微観察画像は形状が不定かつ時間的に安定した性状を示すことがなく、定量的な分析を実施するのは困難です。そのため、私たちは生物学的に意味のある画像特徴を抽出するためのアルゴリズム開発ならびに機械学習基盤の導入などを実施し、生物画像の定量的な分析を行っています。

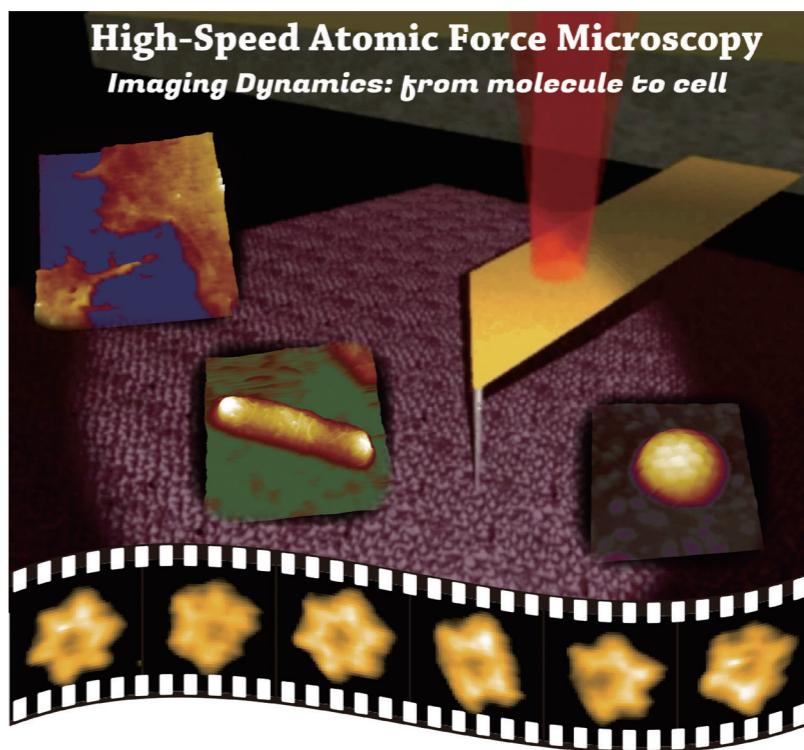
また、開発した技法を画像処理・解析パイプライン化することで、大規模な画像データ解析基盤を構築し、効率的な生物画像データ解析を実践しています。

Modern microscopic techniques used in the biological and medical fields yield large amounts of imaging data that generally include multiple dimensions, such as depth and temporal axes. These specimens take on various shapes and are temporally unstable, thus making it difficult to quantitatively analyze biological specimens. To this end, we are developing algorithms and also applying machine-learning techniques for extracting image features out of multi-dimensional images for the purpose of conducting data analysis on bio-medical images. We are also embedding these techniques into the image processing pipeline to generate large amounts of imaging data. By combining these methodologies, we are aiming to create more efficient biological data analysis or medical diagnostic techniques.

【参考文献】

- I. Kondrychyn, D. J. Kelly, N. T. Carretero, A. Nomori, K. Kato, J. Chong, H. Nakajima, S. Okuda, N. Mochizuki, L. K. Phng, "Marcks1 modulates endothelial cell mechanoresponse to haemodynamic forces to control blood vessel shape and size", *Nat. Commun.* 11(1), 5476 (2020).
- M. Kurihara, K. Kato, C. Sanbo, S. Shigenobu, Y. Ohkawa, T. Fuchigami, Y. Miyanari, "Genomic Profiling by ALAP-Seq Reveals Transcriptional Regulation by PML Bodies through DNMT3A Exclusion", *Mol. Cell.* 78(3):493-505.e8 (2020).
- Y. Ohta, T. Furuta, T. Nagai, K. Horikawa, "Red fluorescent cAMP indicator with increased affinity and expanded dynamic range", *Sci. Rep.* 8 1-9 (2018).
- K. Kato, B. Dong, H. Wada, M. Tanaka-Matakatsu, Y. Yagi, S. Hayashi, "Microtubule-dependent balanced cell contraction and luminal-matrix modification accelerate epithelial tube fusion", *Nat. Commun.* 7 11141 (2016).
- Y. Ohta, T. Kamagata, A. Mukai, S. Takada, T. Nagai, K. Horikawa, "Nontrivial Effect of the Color-Exchange of a Donor/Acceptor Pair in the Engineering of Förster Resonance Energy Transfer (FRET)-Based Indicators", *ACS Chem. Biol.* 11 1816-22 (2016).

生命分子動態計測グループ | Biomolecular Dynamics Observation Group



内橋 貴之 客員教授
UCHIHASHI, Takayuki
Visiting Professor

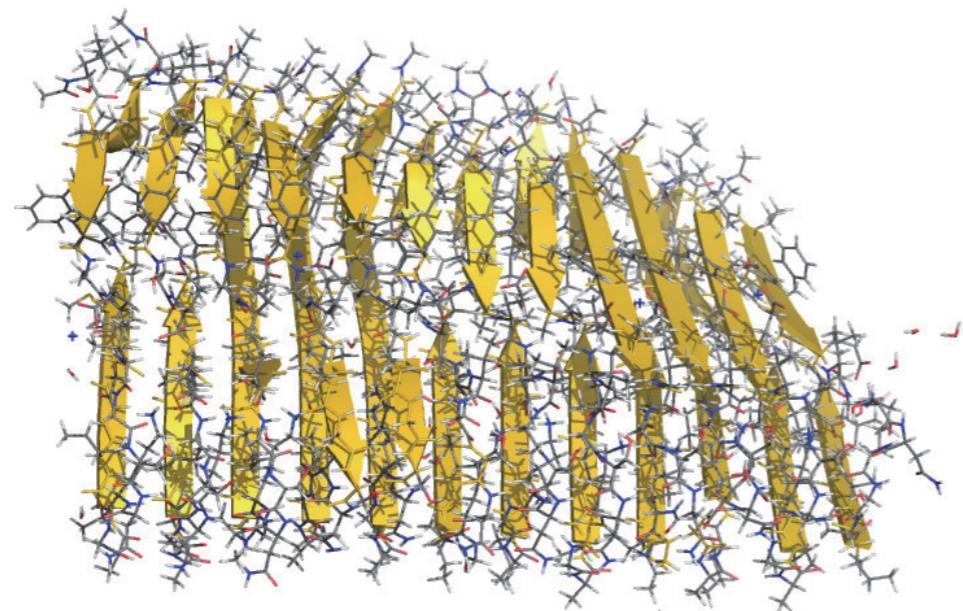
【参考文献】

- C. Ganser, T. Uchihashi, "Measuring mechanical properties with high-speed atomic force microscopy", *Microscopy* 73, 14 (2024).
- C. Cho, C. Ganser, T. Uchihashi, K. Kato, J.-J Song, "Structure of the human ATAD2 AAA+ histone chaperone reveals mechanism of regulation and inter-subunit communication", *Communications Biology* 6, 993 (2023).
- E. H.-L. Chen, C.-H. Wang, Y.-T. Liao, F.-Y. Chan, Y. Kanaoka, T. Uchihashi, K. Kato, L. Lai, Y.-W. Chang, M.-C. Ho, R. P.-Y. Chen, "Visualizing the membrane disruption action of antimicrobial peptides by cryo-electron tomography", *Nature Communications* 14, 5464 (2023).
- Y.-C. Chien, Y.-S. Wang, D. Sridharan, C.-W. Kuo, C.-T. Chien, T. Uchihashi, K. Kato, T. Angata, T.-C. Meng, S.-T D. Hsu, K.-H. Khoo, "High Density of N- and O-Glycosylation Shields and Defines the Structural Dynamics of the Intrinsically Disordered Ectodomain of Receptor-type Protein Tyrosine Phosphatase Alpha", *JACS Au* 3, 1864 (2023).
- S. Nishiguchi, R. Kasai, T. Uchihashi, "Antiparallel dimer structure of CELSR cadherin in solution revealed by high-speed-atomic force microscopy", *PNAS* 120, e2302047120 (2023).
- S. Nishiguchi, T. Furuta, T. Uchihashi, "Multiple dimeric structures and strand-swap dimerization of E-cadherin in solution visualized by high-speed atomic force microscopy", *PNAS* 119, e2208067119 (2022).

生命分子動態シミュレーション研究グループ | Biomolecular Dynamics Simulation Group



奥村 久士 準教授
OKUMURA, Hisashi
Associate Professor



アミロイド β ペプチドのアミロイド線維
Amyloid fibril of amyloid- β peptides.

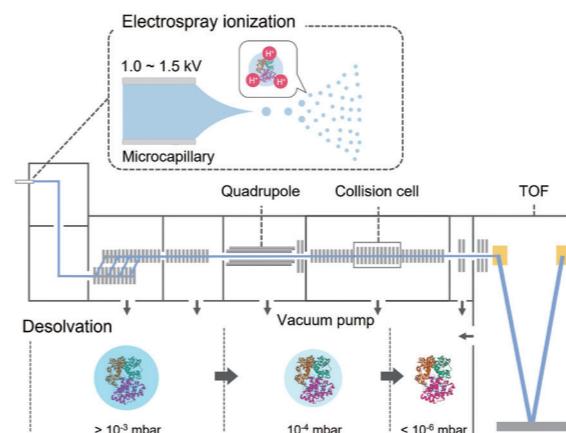
タンパク質やペプチドのような生体分子は自由エネルギー極小状態を持つため、通常の分子動力学(MD)シミュレーションではこれらの極小状態に引っかかってしまいます。この問題を解決するためこれまでにレプリカ置換法などの新しい拡張アンサンブル法を提案してきました。この方法を使っていくつかのタンパク質やペプチドの折り畳み過程を明らかにしました。さらに、タンパク質が凝集しオリゴマーやアミロイド纖維を形成することによって引き起こされる神経変性疾患への応用にも関心を持っています。レプリカ置換MDシミュレーションによりタンパク質凝集体形成メカニズムの解明に取り組んでいます。

Biomolecules such as proteins and peptides have complicated free-energy landscape with many local minima. The conventional canonical-ensemble molecular dynamics (MD) simulations tend to get trapped in a few of the local-minimum states. To overcome these difficulties, we have proposed new generalized-ensemble algorithms, such as replica-permutation method. We apply these methods to reveal folding processes of some proteins and peptides. We are also interested in neurodegenerative diseases that are caused by protein aggregates such as oligomers and amyloid fibrils. To understand formation of these protein aggregates, we perform replica-permutation MD simulations of these systems.

【参考文献】

- S. Itoh, M. Yagi-Utsumi, K. Kato, and H. Okumura, "Key residue for aggregation of amyloid- β peptides", *ACS Chem. Neurosci.* 13 3139-3151 (2022).
- S. Tanimoto, S. G. Itoh, H. Okumura, "Bucket brigade" using lysine residues in RNA-dependent RNA polymerase of SARS-CoV-2", *Biophys. J.* 120, 3615-3627 (2021).
- H. Okumura, S. G. Itoh, K. Nakamura, T. Kawasaki, "Role of water molecules in the laser-induced disruption of amyloid fibrils observed by nonequilibrium molecular dynamics simulations", *J. Phys. Chem. B* 125, 4964-4976 (2021).
- Y. Tachi, Y. Okamoto, H. Okumura, "Conformational change of amyloid- β 40 associated with binding to GM1-glycan cluster", *Sci. Rep.* 9, 6853 (11 pages) (2019).
- S. G. Itoh, M. Yagi-Utsumi, K. Kato, H. Okumura, "Effects of a hydrophilic/hydrophobic interface on amyloid- β peptides studied by molecular dynamics simulations and NMR experiments", *J. Phys. Chem. B* 123, 160-169 (2019).
- S. G. Itoh, H. Okumura, "Oligomer formation of amyloid- β (29-42) from its monomers using the Hamiltonian replica-permutation molecular dynamics simulation", *J. Phys. Chem. B* 120, 6555-6561 (2016).
- H. Okumura, S. G. Itoh, "Amyloid fibril disruption by ultrasonic cavitation: Nonequilibrium molecular dynamics simulations", *J. Am. Chem. Soc.* 136, 10549-10552 (2014).

生体分子相互作用計測グループ | Biomolecular Interaction Research Group



Native MSの測定原理。サンプルのエレクトロスプレーイオン化法によるソフトなイオン化と装置内の真空中度を徐々に上げることによる穏和な脱溶媒和、そして揮発性緩衝液の使用により分子複合体を維持したままの質量分析を可能とする。

Schematic image of Native MS. Combination of electrospray ionization and gradual desolvation of samples dissolved in volatile buffer make it possible to keep whole structures of molecular complexes on mass spectrometry.

私たちのグループでは、解離会合を伴うタンパク質間相互作用について、ネイティブ質量分析法(Native MS)を使って解析を進めています。Native MSは生体高分子複合体や合成超分子のような非共有結合性の相互作用により形成された分子複合体について、その複合体を維持したまま質量決定することを可能とします。そのため、Native MSによる分子複合体の正確な質量決定を通じ、複合体の化学量論や解離定数に関する情報を得ることができます。また、私たちのグループではLC-MS/MSも可能であり、タンパク質の翻訳後修飾の同定なども行っています。当グループの質量分析技術を使った研究はExCELLSの共同利用研究として実施可能ですので、ぜひお気軽にお問い合わせ下さい。

We have been studying dynamic protein complexes using native mass spectrometry (native MS). Native MS enables molecular complexes formed through non-covalent interactions such as biological macromolecular complexes and synthetic supramolecules to keep their whole structures on mass spectrometry. Due to this strong point of native MS, we can determine the stoichiometries and dissociation constants of molecular complexes through mass spectrometry at high resolution and accuracy. Researchers who are interested in our mass spectrometry techniques can have collaboration researches with us under the collaboration scheme of ExCELLS.

【参考文献】

- S. Yanaka, R. Yogo, H. Yagi, M. Onitsuka, N. Wakaizumi, Y. Yamaguchi, S. Uchiyama, and K. Kato, "Negative interference with antibody-dependent cellular cytotoxicity mediated by rituximab from its interactions with human serum proteins", *Front Immunol.* 14 1090898 (2023).
- Y. Yamaguchi, N. Wakaizumi, M. Irisa, T. Maruno, M. Shimada, K. Shintani, H. Nishiumi, R. Yogo, S. Yanaka, D. Higo, T. Torisu, K. Kato, and S. Uchiyama, "The Fab portion of immunoglobulin G has sites in the CL domain that interact with Fc gamma receptor IIIa", *mAbs* 14(1) 2038531 (2022).
- Y. Kamiya, T. Satoh, A. Kodama, T. Suzuki, K. Murayama, H. Kashida, S. Uchiyama, K. Kato, H. Asanuma, "Intrastrand backbone-nucleobase interactions stabilize unwound right-handed helical structures of heteroduplexes of L-aTNA/RNA and SNA/RNA", *Commun. Chem.* 3(156) (2020).
- M. Yagi-Utsumi, A. Sikdar, C. Song, J. Park, R. Inoue, H. Watanabe, R.N. Burton-Smith, T. Kozai, T. Suzuki, A. Kodama, K. Ishii, H. Yagi, T. Satoh, S. Uchiyama, T. Uchihashi, K. Joo, J. Lee, M. Sugiyama, K. Murata, K. Kato, "Supramolecular tholos-like architecture constituted by archaeal proteins without functional annotation", *Sci. Rep.* 10(1) 1540 (2020).
- Y. Zhan, T. Kojima, K. Ishii, S. Takahashi, Y. Haketa, H. Maeda, S. Uchiyama, S. Hiraoka, "Temperature-controlled repeatable scrambling and induced-sorting of building blocks between cubic assemblies", *Nat. Commun.* 10(1) 1440 (2019).



内山 進 客員教授
UCHIYAMA, Susumu
Visiting Professor

生命分子動秩序創発研究グループ | Biomolecular Organization Research Group



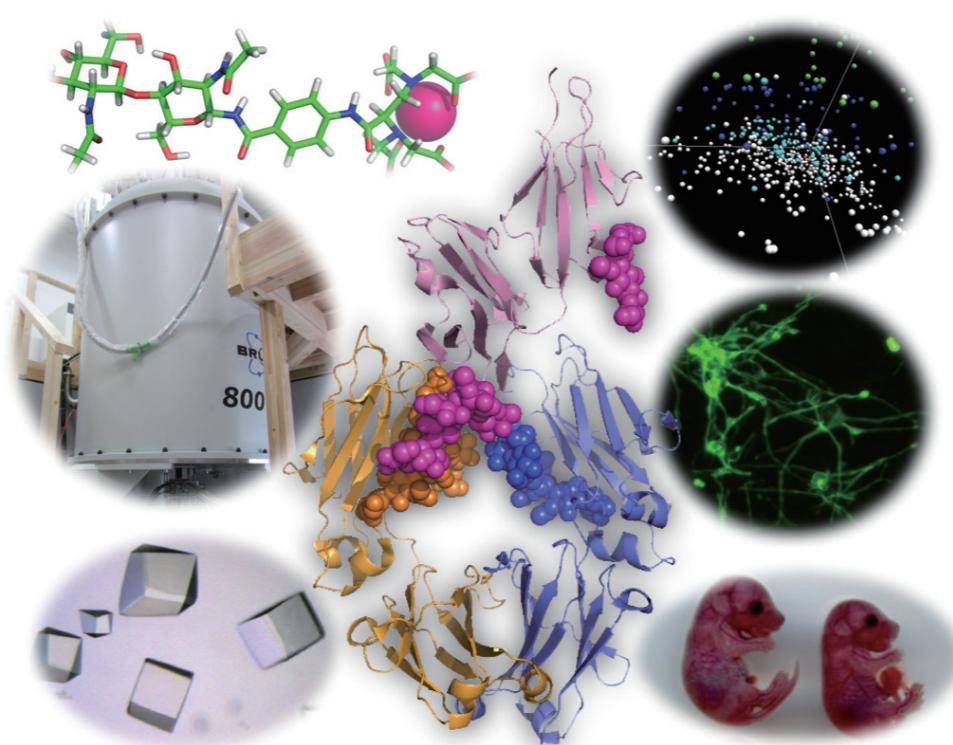
加藤 晃一 教授
KATO, Koichi
Professor



矢木 真穂 准教授(兼任)
YAGI-UTSUMI, Maho
Associate Professor



谷中 洋子 准教授(兼任)
YANAKA, Saeko
Associate Professor



分野横断的なアプローチにより生命分子の動秩序創発の原理を探究します。
We explore the principles underlying biomolecular organization by multidisciplinary approaches.

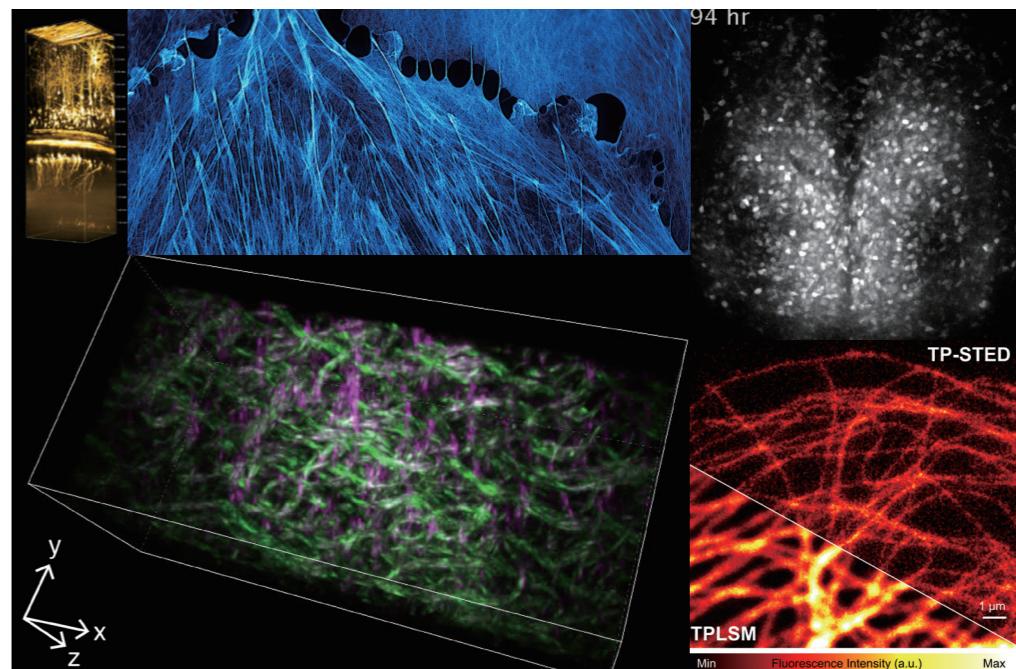
生命現象の特質は、システムを構成する多数の分子素子がダイナミックな離合集散を通じて秩序構造を形成し、外的環境との相互作用を行いつつ、自律的に時間発展していくことにあります。従来の要素還元的アプローチは生命体を構成する分子素子に関する情報の網羅的な集積を実現しました。しかしながら、それらの生命素子が自律的に柔軟かつロバストな高次秩序を形成するメカニズムを理解することが、「生きているとは何か?」を考えるうえで本質的に重要です。私達は、分野横断的なアプローチにより、内的複雑性を秘めた生命分子素子が動的な秩序を形成して高次機能を創発する仕組みを解き明かすことを目指しています。

Living systems are characterized by the dynamic assembly and disassembly of various self-organized biomolecules in response to external environmental changes. Omics-based approaches developed in recent decades have provided a comprehensive understanding of biomolecules as parts of living organisms. However, fundamental questions concerning how these biomolecules are ordered autonomously to form flexible and robust systems remain unanswered. To acquire an integrative understanding of the principles underlying biomolecular organization, we employ multidisciplinary approaches based on detailed analyses of dynamic structures and interactions of biomolecules using molecular and cellular biology techniques accompanied by synthetic and computational techniques.

【参考文献】

- S. Yanaka, R. Yogo, H. Yagi, M. Onitsuka, N. Wakaizumi, Y. Yamaguchi, S. Uchiyama, K. Kato, "Negative interference with antibody-dependent cellular cytotoxicity mediated by rituximab from its interactions with human serum proteins", *Front. Immunol.* 14, 1090898 (2023).
- T. Satio, H. Yagi, C.W. Kuo, K.H. Koo, K. Kato, "An embeddable molecular code for Lewis X modification through interaction with fucosyltransferase 9", *Commun. Biol.* 5, 676 (2022).
- T. Watanabe, H. Yagi, S. Yanaka, T. Yamaguchi, K. Kato, "Comprehensive characterization of oligosaccharide conformational ensembles with conformer classification by free-energy landscape via reproductive kernel Hilbert space", *Phys. Chem. Chem. Phys.* 23, 9753-9760 (2021).
- H. Yagi, M. Yagi-Utsumi, R. Honda, Y. Ohta, T. Saito, M. Nishio, S. Ninagawa, K. Suzuki, T. Anzai, Y. Kamiya, K. Aoki, M. Nakanishi, T. Satoh, K. Kato, "Improved secretion of glycoproteins using an N-glycan-restricted passport sequence tag recognized by cargo receptor", *Nature Commun.* 11, 1368 (2020).

バイオフォトニクス研究グループ | Biophotonics Research Group



様々な生体試料のバイオイメージング
Bio-imaging of various biological samples.



根本 知己 教授
NEMOTO, Tomomi
Professor



榎木 亮介 准教授
ENOKI, Ryosuke
Associate Professor



大友 康平 准教授(兼任)
OTOMO, Kohei
Associate Professor

バイオフォトニクス研究グループでは、先端的なレーザー技術、非線形光学、ナノ材料科学などの科学技術を駆使し、革新的なバイオイメージング方法論の開発とその生命科学への応用を探求しています。今まで我々は、生きたままの状態で非侵襲的に身体の深部を観察可能な2光子イメージング法を開拓してきました。このテクノロジーに基づいて、生体試料における一分子超解像イメージング、超長期観察や光操作へと展開しています。これらを活用し、生理機能の定量的な解析法を確立することで、脳神経回路や開口放出、分泌、生体リズム、がんモデルなどの生体機能の分子基盤の解明とその創発原理の理解を目指します。

The Biophotonics Research Group focuses on developing innovative bio-imaging methodologies and their application to life sciences, utilizing advanced laser technology, nonlinear optics, nanomaterials science, and other scientific techniques. To date, we have been at the forefront of pioneering two-photon imaging methods that allow us to non-invasively observe deep layers within organs in a living state. Building upon this technology, we are currently engaged in the development of single-molecule super-resolution imaging, ultra-long-term observation, and optical manipulation of biological specimens. Our quantitative analysis methods for physiological functions aim to unravel the molecular foundations and underlying principles of various biological functions, including neural functions, exocytosis/secretion, biological rhythms, and cancer.

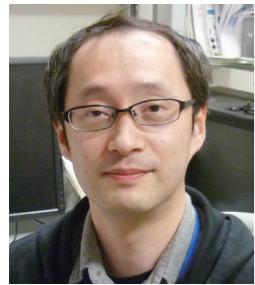
【参考文献】

- M. Ataka, K. Otomo, R. Enoki, H. Ishii, M. Tsutsumi, Y. Kozawa, S. Sato, T. Nemoto, "Multibeam continuous axial scanning two-photon microscopy for *in vivo* volumetric imaging in mouse brain", *Biomed. Opt. Express* 15, 1089-1101 (2024).
- S. Hiro, K. Kobayashi, T. Nemoto, R. Enoki, "In-phase Cytosolic-Nuclear Ca²⁺ Rhythms in Suprachiasmatic Nucleus Neurons", *Front. Neurosci.* 17, 1323565-1 - 1323565-10 (2023).
- R. Enoki, N. Kon, K. Shimizu, K. Kobayashi, S. Hiro, C.-P. Chang, T. Nakane, H. Ishii, J. Sakamoto, Y. Yamaguchi, T. Nemoto, "Cold-induced Suspension and Resetting of Ca²⁺ and Transcriptional Rhythms in the Suprachiasmatic Nucleus Neurons", *iScience* 26, 108390-1 - 108390-17 (2023).
- M. Tsutsumi, T. Takahashi, K. Kobayashi, T. Nemoto, "Fluorescence Radial Fluctuation Enables Two-Photon Super-Resolution Microscopy," *Front. Cell. Neurosci.* 17, pp. 1243633-1 - 1243633-10 (2023).
- H. Ishii, K. Otomo, C.-P. Chang, M. Yamasaki, M. Watanabe, H. Yokoyama, T. Nemoto, "All-synchronized picosecond pulses and time-gated detection improve the spatial resolution of two-photon STED microscopy in brain tissue imaging", *PLoS One* 18, e0290550-1 - e0290550-14 (2023).

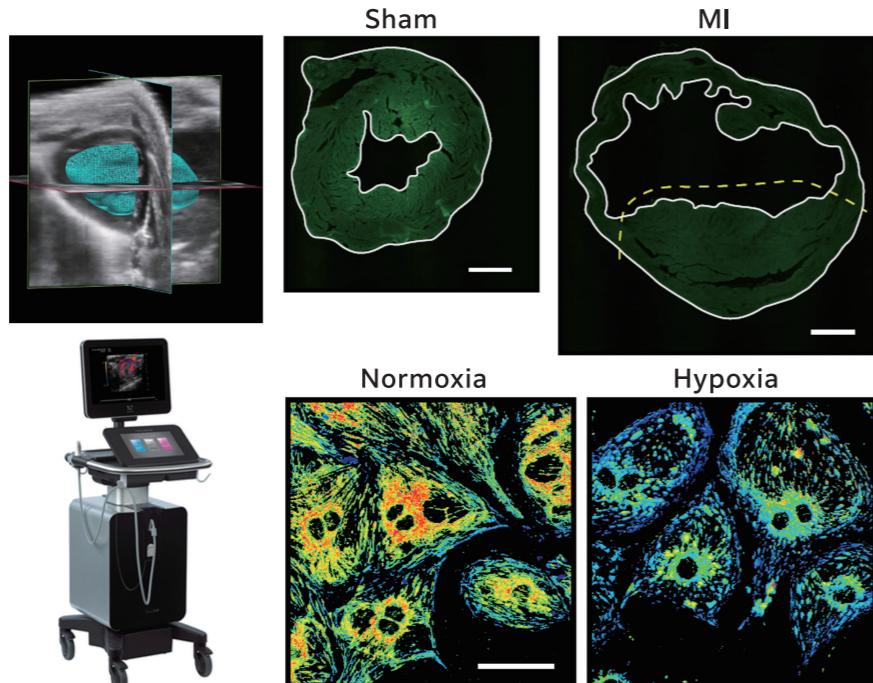
心循環ダイナミズム創発研究グループ | Cardiocirculatory Dynamism Research Group



西田 基宏 教授
NISHIDA, Motohiro
Professor



西村 明幸 特任准教授
NISHIMURA, Akiyuki
Project Associate Professor



(左)心臓左室の4次元イメージング。(右上段)正常マウスと心筋梗塞マウスの心臓における硫黄動態イメージング。(右下段)低酸素ストレス条件下での心筋細胞内での硫黄動態イメージング。

Four-dimensional imaging of the left ventricular of mouse heart (left). Changes in sulfur metabolism in the heart of myocardial infarction (MI) model mouse (right upper) and cardiomyocytes under hypoxic stress (right lower).

生体の心循環システムは、心筋、血管平滑筋、骨格筋といった様々な筋細胞組織によって精密に制御されています。我々はエネルギー産生器官であるミトコンドリアの品質管理に関する筋細胞に共通する制御機構を明らかにし、これを基に健康長寿社会の実現に資する革新的な医療戦略を構築することを目指しています。その一例として、我々はミトコンドリア品質管理体制に関するレドックス(酸化還元)動態が、発生や疾患といった様々な環境条件下で変化する様子を組織イメージング解析から計測することで、筋組織の分化・再生・修復を司るメカニズムの解析を進めています。

The cardiocirculatory system is precisely maintained by the multilevel interactions among muscular organs including heart, blood vessels, and skeletal muscles. We aim to elucidate the common mechanism underlying the regulation of muscular potentiality via mitochondrial quality control, and establish an innovative strategy to promote healthy life expectancy in mammals. For example, we observe the dynamics of redox homeostasis under various conditions such as development and disease using tissue imaging analysis to elucidate the mechanism of muscle tissue differentiation, regeneration and repair.

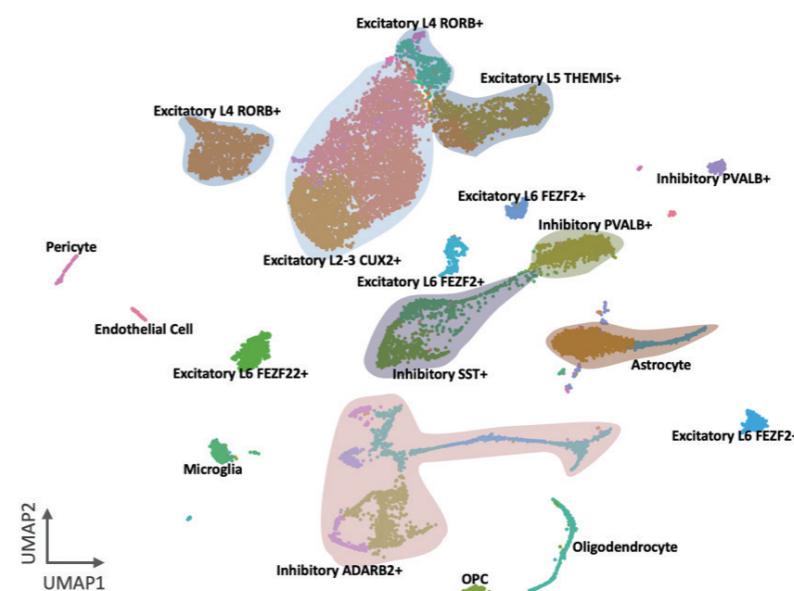
【参考文献】

- A. Nishimura, L. Zhou, Y. Kato, X. Mi, T. Ito, Y. Ibuki, Y. Kanda, M. Nishida, "Supersulfide prevents cigarette smoke extract-induced mitochondria hyperfission and cardiomyocyte early senescence by inhibiting Drp1-filamin complex formation", *J. Pharmacol. Sci.*, 154, 127-135 (2024). ■ X. Tang, A. Nishimura, K. Ariyoshi, K. Nishiyama, Y. Kato, EA. Vasileva, NP. Mishchenko, SA. Fedoreyev, VA. Stonik, HK. Kim, J. Han, Y. Kanda, K. Umezawa, Y. Urano, T. Akaike and M. Nishida, "Echinochrome Prevents Sulfide Catabolism-Associated Chronic Heart Failure after Myocardial Infarction in Mice", *Mar. Drugs*, 21, 52 (2023). ■ S. Oda, K. Nishiyama, Y. Furumoto, Y. Yamaguchi, A. Nishimura, X. Tang, Y. Kato, T. Numaga-Tomita, T. Kaneko, S. Mangmool, T. Kuroda, R. Okubo, M. Sanbo, M. Hirabayashi, Y. Sato, Y. Nakagawa, K. Kuwahara, R. Nagata, G. Iribe, Y. Mori and M. Nishida, "Myocardial TRPC6-mediated Zn²⁺ influx induces beneficial positive inotropy through β-adrenoceptors", *Nat. Commun.*, 13, 6374 (2022). ■ K. Nishiyama, A. Nishimura, K. Shimoda, T. Tanaka, Y. Kato, T. Shibata, H. Tanaka, H. Kurose, Y-T. Azuma, H. Ihara, K. Kumagai, T. Akaike, P. Eaton, K. Uchida and M. Nishida, "Redox-dependent internalization of purinergic P2Y6 receptor limits colitis progression.", *Sci. Signal.* 15, eabj0644 (2022). ■ A. Nishimura, K. Shimoda, T. Tanaka, T. Toyama, K. Nishiyama, Y. Shinkai, T. Numaga-Tomita, D. Yamazaki, Y. Kanda, T. Akaike, Y. Kumagai and M. Nishida, "Depolysulfidation of Drp1 induced by low-dose methylmercury exposure increases cardiac vulnerability to hemodynamic overload", *Sci. Signal.* 12, eaaw1920 (2019).

認知ゲノム研究グループ | Cognitive Genomics Research Group



郷 康広 教授(兼任)
GO, Yasuhiro
Professor



マーモセット大脳新皮質における1細胞核トランскriプトーム解析。多様な神経細胞やグリア細胞が認められる。
Single-nucleus RNA-seq reveals various types of brain cells in the marmoset cortex

時空間的な遺伝子発現調節は、細胞・組織・個体の諸階層における適切な構築と機能の遂行に必須です。疾患動物モデルにおける遺伝子発現動態に関する包括的な解析は、さまざまヒト疾患の分子的因果関係の理解につながります。現在、我々の研究グループでは靈長類疾患モデルの脳を用いて、時空間的な遺伝子発現調節機構をマクロスケール(脳機能領域)から1細胞レベルにわたり解析しています。加えて、精神神経関連遺伝子に遺伝子解析を行い、新たな自然発症疾患モデルの作製も行っています。これらの研究を通じて、ヒト疾患、特に精神神経疾患のための靈長類疾患モデルの作製を行い、病態の理解と解明に向けた研究を推進しています。

Spatiotemporal transcriptome regulations are essential for the proper construction of brain structure and function. Comprehensive analyses of the dynamics and the architecture of transcriptome in both wild and diseased animal models also lead to understanding the molecular causality of the human neuropsychiatric disease. Currently, our group examines the spatiotemporal transcriptome dynamics using the primate brain to identify the spatiotemporal-specific modulating genes from macro-scale to single-cell levels. This study aims to identify the molecular dynamics and trajectories between proper and atypical brain gene expressional networks. Additionally, we perform a massive population genetic analysis in primates to identify an individual with a spontaneous loss-of-functional (LoF) mutation in the neuropsychiatric-related genes and aim to make primate disease models for the neuropsychiatric study.

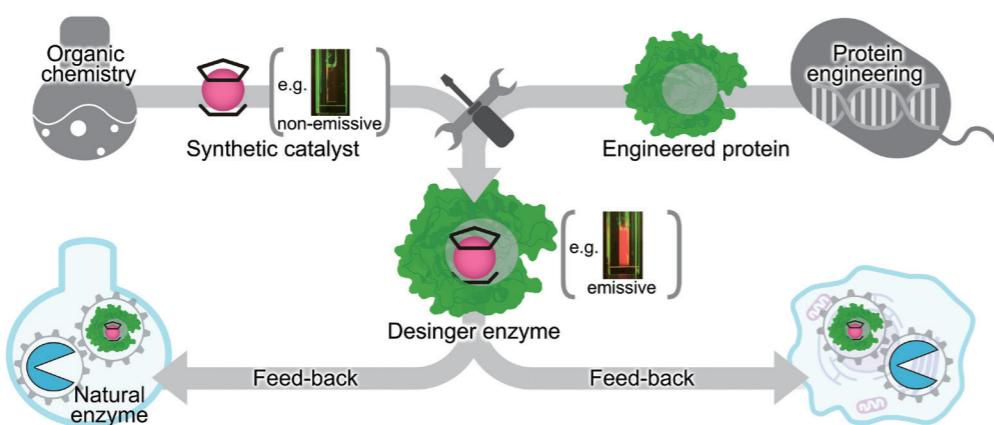
【参考文献】

- N. Toji, A. Sawai, H. Wang, Y. Ji, R. Sugioka, Y. Go, K. Wada, "A predisposed motor bias shapes individuality in vocal learning", *Proc Natl Acad Sci USA* 121(3): e2308837121 (2024). ■ T. Ninomiya, A. Noritake, S. Tatsumoto, Y. Go, M. Isoda, "Cognitive genomics of learning delay and low level of social performance monitoring in macaque", *Sci Rep.* 12(1): 16539 (2022). ■ NC. Asogwa, N. Toji, Z. He, C. Shao, Y. Shibata, S. Tatsumoto, H. Ishikawa, Y. Go, K. Wada, "Nicotinic acetylcholine receptors in a songbird brain", *J Comp Neurol.* 530: 1966-1991 (2022). ■ K. Nakai, T. Shiga, R. Yasuhara, AK. Sarkar, Y. Abe, S. Nakamura, Y. Hoashi, K. Kotani, S. Tatsumoto, H. Ishikawa, Y. Go, T. Inoue, K. Mishima, W. Akamatsu, K. Baba, "In vitro monitoring of HTR2A-positive neurons derived from human-induced pluripotent stem cells", *Sci Rep.* 11: 15437 (2021). ■ C. Xu, Q. Li, O. Efimova, L. He, S. Tatsumoto, V. Stepanova, T. Oishi, T. Udonio, K. Yamaguchi, S. Shigenobu, A. Kakita, H. Nawa, P. Khaitovich, Y. Go, "Human-specific features of spatial gene expression and regulation in eight brain regions", *Genome Res.* 28: 1097-1110 (2018).

生命分子設計化学研究グループ | Designer Biomolecular Chemistry Group



岡本 泰典 準教授
OKAMOTO, Yasunori
Associate Professor
(2024年8月着任予定)



有機合成化学的手法による合成触媒の開発と遺伝子工学的手法によるタンパク質の機能改変、これらを組み合わせることで非天然の機能を有する人工酵素(designer enzyme)を構築する。この人工酵素を用いてフラスコ内における化学反応ネットワークの設計や細胞内の生化学的イベントへの介入をめざす。

By combining the development of synthetic catalysts through organic synthetic chemistry methods and the modification of protein functions through genetic engineering methods, we can construct designer enzymes that possess non-natural functions. Utilizing these designer enzymes, we aim to design chemical reaction networks within flasks and intervene in biochemical events within cells.

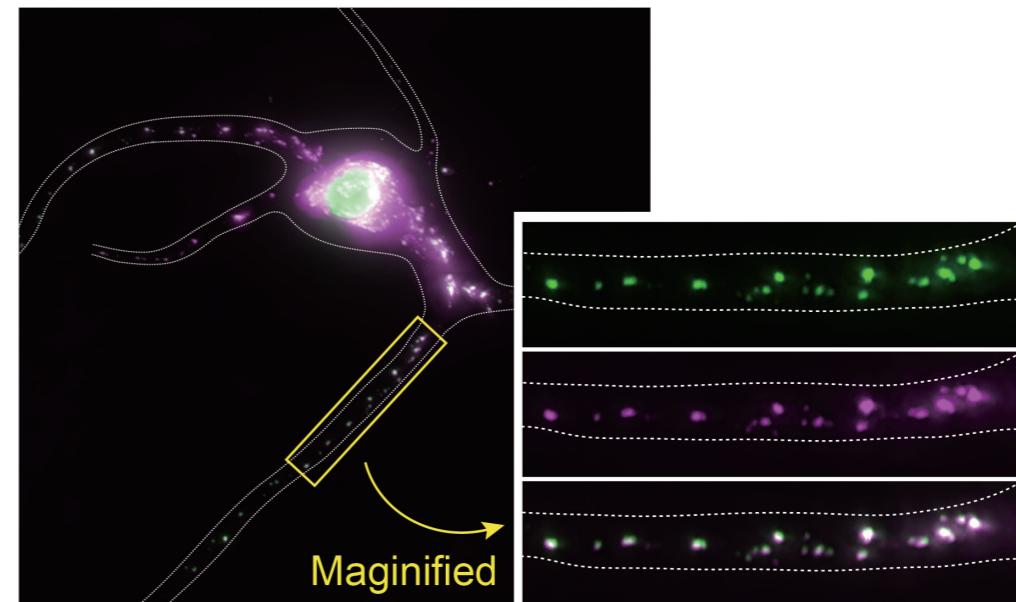
生命活動は連鎖的に繋がった幾多の化学反応によって維持されています。この生体内の化学反応のネットワークを人為的に再設計し、モノづくりや医薬応用に繋げる研究が進められています。この生体内化学反応ネットワークに、人類が見出してきた自然界には存在しない化学反応を統合することができれば、より多様な高付加価値化合物の生産や全く新しい作用機序の医薬の開発に繋がります。我々のグループでは、生体内化学反応ネットワークに非天然の化学反応を統合するための方法論として人工酵素(=非天然の機能を付与したタンパク質)に注目しています。錯体化学・触媒化学・タンパク質工学に基づく人工酵素の開発から、それを細胞・生体内へと導入するための技術開発までを包括的に進めています。

Life processes are sustained by a complex network of interconnected biochemical reactions. There has been a growing interest in re-engineering these biochemical reaction networks, which has implications for synthesis of chemicals and medical applications. We believe that the integration of unnatural chemical reactions, not found in nature but developed by humans, into this biochemical reaction network will pave the way for new ventures, leading to the production of various high-value-added compounds and the development of novel drugs with unique modes of action. With this ultimate objective in mind, our group is focusing on artificial enzymes that catalyze unnatural chemical transformations. We are conducting a comprehensive study on the development of artificial enzymes, drawing on coordination chemistry, catalytic chemistry, and protein engineering, as well as the development of technologies for their delivery into cells and organisms.

【参考文献】

- Y. Okamoto, T. Mabuchi, K. Nakane, A. Ueno, S. Sato, "Switching Type I/Type II Reactions by Turning a Photoredox Catalyst into a Photo-Driven Artificial Metalloenzyme", *ACS Catal.* 13, 4134-4141 (2023).
- H. J. Davis, D. Häussinger, T. R. Ward, Y. Okamoto, "A Visible-Light Promoted Amine Oxidation Catalyzed by a Cp* Ir Complex", *ChemCatChem* 12, 4512-4516 (2020).
- Y. Okamoto, R. Kojima, F. Schwizer, E. Bartolami, T. Heinisch, S. Matile, M. Fussenegger, T. R. Ward, "A Cell-penetrating Artificial Metalloenzyme Regulates a Gene Switch in a Designer Mammalian Cell", *Nat. Commun.* 9, article number 1943 (2018).
- Y. Okamoto, T. R. Ward, "Cross-Regulation of an Artificial Metalloenzyme", *Angew. Chem. Int. Ed.* 56, 10156-10160 (2017).
- Y. Okamoto, V. Köhler, T. R. Ward, "An NAD(P)H-Dependent Artificial Transfer Hydrogenase for Multienzymatic Cascades", *J. Am. Chem. Soc.* 138, 5781-5784 (2016).

神経分子動態生物学研究グループ | Dynamic Molecular Neurobiology Group



椎名 伸之 準教授
SHIINA, Nobuyuki
Associate Professor

マウス大脳由来のニューロンのRNA顆粒に局在する2種類の因子(緑、マゼンタ)のライハイメージング。拡大画像の点状の構造は、樹状突起に輸送されたRNA顆粒。Live imaging of two factors (green and magenta) localized in RNA granules of neurons derived from mouse cerebrum. The punctate structures in the magnified images are RNA granules transported to dendrites.

長期記憶の形成には、ニューロン間を接続するシナプスの長期的な増強が必要です。そのためには、シナプス近傍へmRNAを輸送してシナプス増強に必要なタンパク質を合成する「局所的翻訳」が重要です。私たちは、局所的翻訳装置「RNA顆粒」の研究を行っています。RNA顆粒は、液一液相分離により形成される流動性を持った構造体です。その流動性をいかに制御することでmRNA輸送と局所的翻訳の時空間制御を実現しているのか?またその結果、どのタンパク質を合成し、どのような仕組みでシナプスを増強して長期記憶を形成するのか?私たちは、分子レベルからマウスの行動レベルまで多階層に渡る研究を行うことによって、その理解を目指しています。

The formation of long-term memory relies on the long-term potentiation of synapses that connect neurons. To achieve long-term potentiation of synapses, the process of "local translation" plays a crucial role by transporting mRNA to the vicinity of synapses and facilitating protein synthesis. Our research focuses on investigating the local translation machinery known as "RNA granule", which are fluid structures formed by liquid-liquid phase separation. We aim to understand how the fluidity of RNA granules is regulated to control spatiotemporally mRNA transport and local translation. Furthermore, we seek to unravel which proteins are locally synthesized and how they contribute to synaptic potentiation, ultimately leading to the formation of long-term memory. To accomplish these goals, we are conducting comprehensive studies that span multiple levels, from exploring molecular mechanisms to observing behavioral changes in mice.

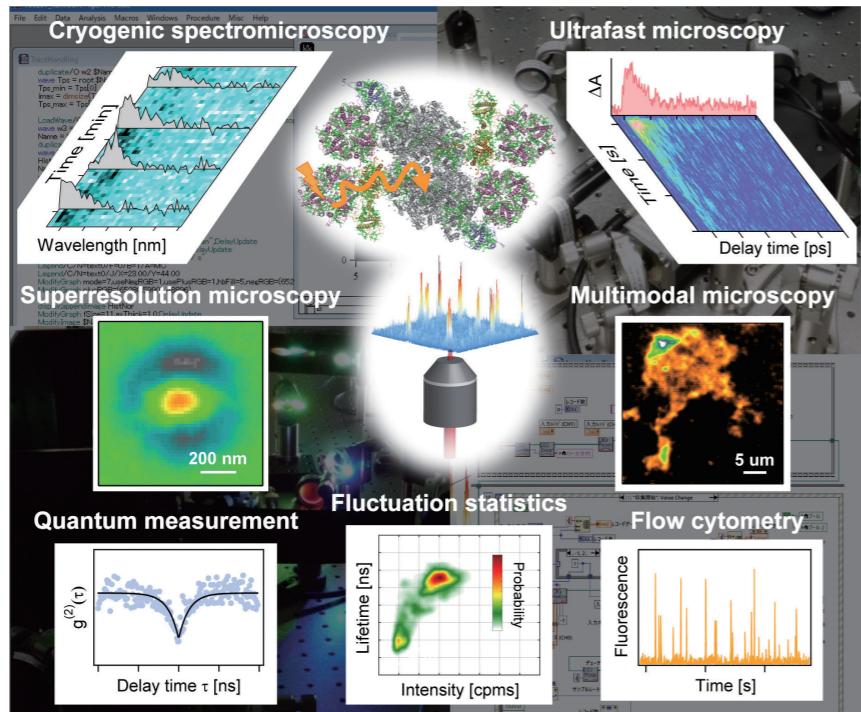
【参考文献】

- A. Yamashita, Y. Shichino, K. Fujii, Y. Koshidaka, M. Adachi, E. Sasagawa, M. Mito, S. Nakagawa, S. Iwasaki, K. Takao, N. Shiina, "ILF3 prion-like domain regulates gene expression and fear memory under chronic stress", *iScience* 26, 106229 (2023).
- T. Horio, Y. Ishikura, R. Ohashi, N. Shiina, "Regulation of RNG105/caprin1 dynamics by pathogenic cytoplasmic FUS and TDP-43 in neuronal RNA granules modulates synaptic loss", *Heliyon* 9, e17065 (2023).
- K. Nakazawa, Y. Shichino, S. Iwasaki, N. Shiina, "Implications of RNG140 (caprin2)-mediated translational regulation in eye lens differentiation", *J. Biol. Chem.* 295, 15029-15044 (2020).
- R. Ohashi, N. Shiina, "Cataloguing and selection of mRNAs localized to dendrites in neurons and regulated by RNA-binding proteins in RNA granules", *Biomolecules* 10, 167 (2020).
- N. Shiina, "Liquid and solid-like RNA granules form through specific scaffold proteins and combine into biphasic granules", *J. Biol. Chem.* 294, 3532-3548 (2019).
- K. Nakayama, R. Ohashi, Y. Shinoda, M. Yamazaki, M. Abe, A. Fujikawa, S. Shigenobu, A. Futatsugi, M. Noda, K. Mikoshiba, T. Furuchi, K. Sakimura, N. Shiina, "RNG105/caprin1, an RNA granule protein for dendritic mRNA localization, is essential for long-term memory formation", *eLife* 6, e29677 (2017).

連関系光生物学研究グループ | Interconnective photobiology Group



近藤 徹 教授
KONDO, Toru
Professor



自作の顕微分光装置を用いてミクロ領域で生じる生体光反応の制御機構を解明します。
A variety of home-built microscopes allows to elucidate the regulation principle of biological photoreactions.

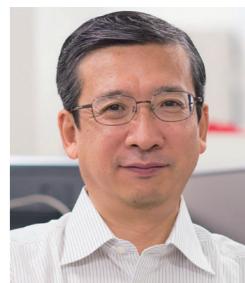
光合成生物は太陽光のエネルギーを巧みに利用し糖類を合成します。学校で一度は習うお馴染みの光反応ですが、その分子機構は未だに分かっていません。特に、色素分子の光励起による局所的な光刺激が、どのように分子→タンパク質→生体膜→細胞と階層を超えて連鎖していくのかは謎のままであります。我々は、独自に開発した顕微分光技術を駆使し、生体内の光反応過程を空間的・時間的・エネルギー的に分解し可視化することで、分子から生体膜系の高次階層までをシームレスに連関させる光反応の制御原理を明らかにします。さらに、地質試料中に眠る絶滅光合成生物の分光解析、生体系の揺らぎ分解分光、量子計測を用いた生体観測など、新たな分野の開拓にも取り組みます。

Photosynthetic organisms capture sunlight to produce carbohydrates. While this is a well-known photoreaction, the molecular mechanism is unclear yet. In particular, a fundamental question is how the localized light stimulation caused by the photoexcitation of a pigment cascades from molecules, proteins, and biological membranes to cells. By developing our own spectromicroscopic techniques for spatial, temporal, and energetic decomposition analysis of photoreaction processes in biological systems, we elucidate the regulation principle of the photoreaction, seamlessly correlating molecular to higher-order membrane systems. Furthermore, we explore new research fields such as spectral analysis of extinct photosynthetic organisms, fluctuation-based spectroscopy, and quantum measurements of biological systems.

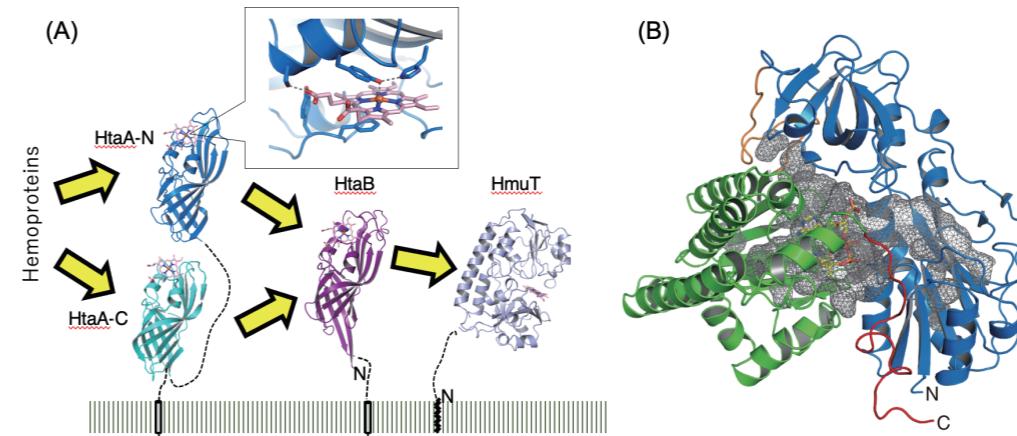
【参考文献】

- T. Kondo, R. Mutoh, S. Arai, G. Kurisu, H. Oh-oka, S. Fujiyoshi, M. Matsushita, "Energy transfer fluctuation observed by single-molecule spectroscopy of red-shifted bacteriochlorophyll in the homodimeric photosynthetic reaction center", *J. Chem. Phys.* 156, 105102 (2022).
- R. Moya, T. Kondo, A.C. Norris, G.S. Schlau-Cohen, "Spectrally-tunable femtosecond single-molecule pump-probe spectroscopy", *Opt. Express* 29, 28246-28256 (2021).
- T. Kondo, R. Mutoh, H. Tabe, G. Kurisu, H. Oh-oka, S. Fujiyoshi, M. Matsushita, "Cryogenic single-molecule spectroscopy of the primary electron acceptor in the photosynthetic reaction center", *J. Phys. Chem. Lett.* 11, 3980-3986 (2020).
- T. Kondo, J.B. Gordon, A. Pinnola, L. Dall'Osto, R. Bassi, G.S. Schlau-Cohen, "Microsecond and millisecond dynamics in the photosynthetic protein LHCSR1 observed by single-molecule correlation spectroscopy", *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 116, 11247-11252 (2019).
- T. Kondo, A. Pinnola, W.J. Chen, L. Dall'Osto, R. Bassi, G.S. Schlau-Cohen, "Single-molecule spectroscopy of LHCSR1 protein dynamics identifies two distinct states responsible for multi-timescale photosynthetic photoprotection", *Nat. Chem.* 9, 772-778 (2017).

金属生命科学研究グループ | Metallobiology Group



青野 重利 教授
AONO, Shigetoshi
Professor



(A) コリネバクテリアのヘム取り込み系を構成するヘム結合・輸送タンパク質(HtaA, HtaB, HmuT)の構造。細胞表面に存在するこれらのタンパク質間において、黄色矢印で示すような経路でヘムが輸送され、細胞内へと取り込まれる。(B) Ni-Fe型ヒドロゲナーゼの活性中心の構成要素であるCOの生合成を触媒する酵素HypXの結晶構造。分子内部のキャビティ(灰色メッシュで表示)中に保持されているCoAのホルミル化によるformyl-CoAの生成と、formyl-CoAの脱カルボニル反応が連続して進行することによりCOが生成される。

(A) Structure of the heme uptake machinery consisting of HtaA, HtaB, and HmuT in corynebacterial. Heme molecules are transported among these proteins on the cell surface of corynebacteria in order as shown in yellow arrows. (B) Structure of HypX responsible for biogenesis of CO, which is used as a component of the active site of Ni-Fe hydrogenase. CoA retained in the cavity (grey mesh) is formylated to form formyl-CoA, from which CO is produced by decarbonylation reaction.

金属タンパク質は、生物のエネルギー代謝、物質代謝、情報伝達などにおいて重要な役割を担っています。これら金属タンパク質の構造機能相関の解明は、金属タンパク質や金属イオンが様々な生理機能を如何にして制御しているかを理解する上で必要不可欠なものです。我々の研究グループでは、生化学、分子生物学、構造生物学、無機化学、物理化学といった様々な研究分野の研究手法を駆使することにより、これら金属タンパク質、なかでも金属含有転写調節因子、ヘム含有ガスセンサタンパク質、金属タンパク質生合成システム、遷移金属イオン/遷移金属錯体輸送システムなどを中心に、これらの構造機能相関の解明を目指して研究を行なっています。

Transition metal ions and metalloproteins play crucial roles in biological energy and substance metabolism and signal transduction processes. The elucidation of the structure and function of these metalloproteins is central to understanding the regulatory mechanisms associated with biological functioning. We are currently elucidating the structure-function relationships of metalloproteins using experimental methods in the areas of biochemistry, molecular biology, structural biology, inorganic chemistry, and physical chemistry. Our research interest is especially focusing on transition metal ion-containing transcriptional regulators, heme-based gas sensor proteins, biosynthetic machinery of metalloproteins, and transition metal ions/complexes transport systems.

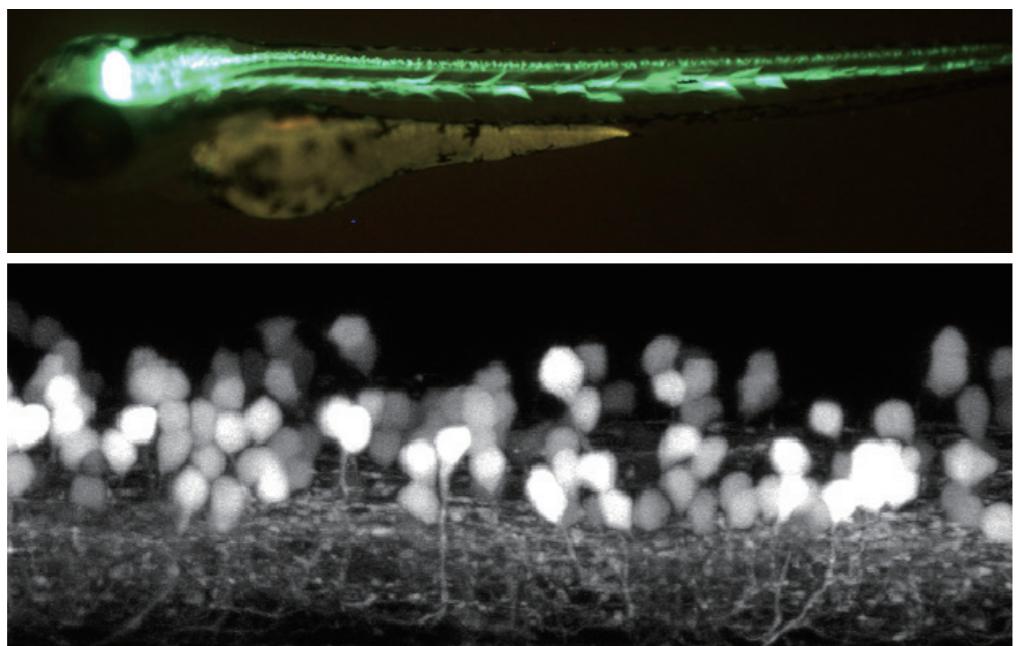
【参考文献】

- N. Muraki, K. Takeda, D. Nam, M. Muraki, S. Aono, "Structural characterization of thermoglobin from a hyperthermophilic Bacterium Aquifex aeolicus", *Chem. Lett.* 50, 603-606 (2021).
- M. Nishinaga, H. Sugimoto, Y. Nishitani, S. Nagai, S. Nagatoishi, N. Muraki, T. Tosha, K. Tsumoto, S. Aono, Y. Shiro, H. Sawai, "Heme controls the structural rearrangement of its sensor protein mediating bacterial survival", *Commun. Biol.* 4, 467 (2021).
- N. Muraki, C. Kitatsujii, Y. Okamoto, T. Uchida, K. Ishimori, S. Aono, "Structural basis for heme transfer reaction in heme uptake machinery from Corynebacteria", *Chem. Commun.* 55, 13864-13867 (2019).
- N. Muraki, K. Ishii, S. Uchiyama, S. G. Itoh, H. Okumura, S. Aono, "Structural characterization of HypX responsible for CO biosynthesis in the maturation of NiFe-hydrogenase", *Commun. Biol.* 2, 385 (2019).
- A. Pavlou, H. Yoshimura, S. Aono, E. Pinakoulaki, "Protein Dynamics of the Sensor Protein HemAT as Probed by Time-Resolved Step-Scan FTIR Spectroscopy", *Biophys. J.* 114, 584-591 (2018).

神経ネットワーク創発研究グループ | Neuronal Networks Research Group



東島 真一 教授
HIGASHIJIMA, Shin-ichi
Professor



脊髄V1神経細胞(転写因子En1を発現する神経細胞)でGFPを発現するトランジジェニックフィッシュ。上段は幼魚の全体像、下段は脊髄部分の拡大像。
Transgenic zebrafish that express GFP in spinal V1 neurons (neurons that express transcription factor En1). The top panel shows a low magnification view of the transgenic fish, while the bottom panel shows a high magnification view of the spinal cord.

我々のグループは、ゼブラフィッシュ幼魚を用い、遺伝子発現の違いによって規定されるさまざまなタイプの神経細胞の形態と機能を調べています。我々のアプローチでキーとなるテクニックは、トランジジェニックゼブラフィッシュを作製することによって、特定のクラスの神経細胞を生きたまま可視化することです。それにより、当該神経細胞の発生過程をダイレクトにトレースすることが可能になり、また、当該神経細胞にターゲットして電気生理学的解析を行うことが可能となります。最近は、独自に開発した、電動回転ステージを用いたカスタム顕微鏡を用い、姿勢制御に関わる神経回路の構成と動作機構の研究を精力的に進めています。

Using larval zebrafish, we are studying the morphology and functional properties of spinal neurons that express a particular transcription factor. Central to our approach is to visualize transcription factor positive cells by making transgenic zebrafish that express fluorescent proteins in these cells. Such transgenic fish allow us to trace development of specific types of neurons, and allow us to perform targeted electrophysiological recordings. Recently, we built a microscope that tilts a sample with an objective lens 360 degree during calcium imaging. Using this system, we are actively investigating neuronal circuits that are involved in postural control.

【参考文献】

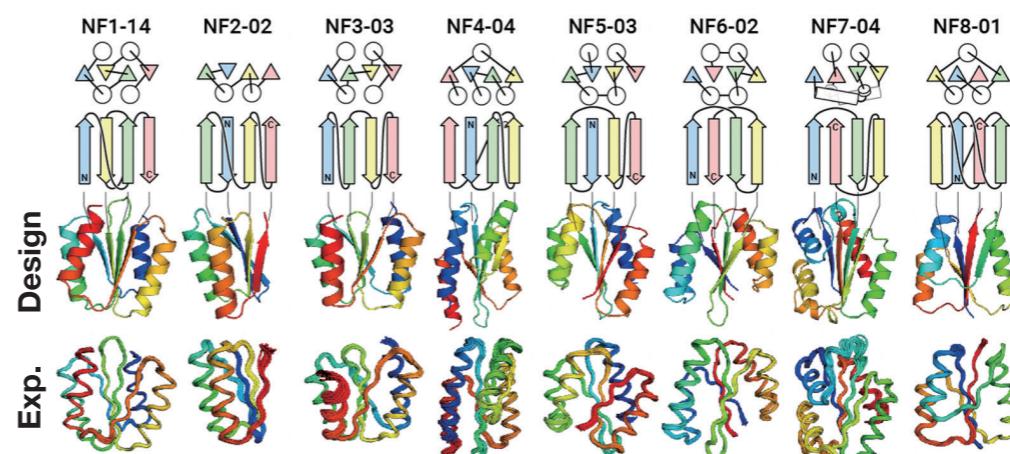
- T. Sugioka, M. Tanimoto, S. Higashijima, "Biomechanics and neural circuits for vestibular-induced fine postural control in larval zebrafish", *Nature Communications* 14, 1217 (2023).
- M. Tanimoto, I. Watakabe, S. Higashijima, "Tilttable objective microscope visualizes selectivity for head motion direction and dynamics in zebrafish vestibular system", *Nature Communications* 13, 7622 (2022).
- C. Satou, T. Sugioka, Y. Uemura, T. Shimazaki, P. Zmarz, Y. Kimura, S. Higashijima, "Functional diversity of glycinergic commissural inhibitory neurons in larval zebrafish", *Cell Reports* 30 3036-3050 (2020).
- Y. Kimura, S. Higashijima, "Regulation of locomotor speed and selection of active sets of neurons by V1 neurons", *Nature Communications* 10 2268 (2019).

生命分子創成研究グループ | Protein Design Group



古賀 信康 教授(兼任)
KOYA, Nobuyasu
Professor

De novo design of proteins with novel folds



デザインされた新規トポロジーを持つタンパク質
De novo designed proteins with folds not observed in nature
S. Minami et al., *Nat. Struct. Mol. Biol.* 30, 1132-1140 (2023)

私達はタンパク質分子を「つくる」ことで生命の構築原理に迫ります。タンパク質は、アミノ酸配列に従いほどけた紐の状態から特異的な立体構造に折り畳み、機能を発現しています。現在観測される自然界のタンパク質の姿は、自然が何十億年をかけて創り上げた“完成品”であり、それらを解析するのみではタンパク質の動作メカニズムを明らかにすることは困難です。私達は、タンパク質の構造形成や機能発現に関する仮説を立て、それらを基に新規タンパク質を計算機上でデザインし、そのデザインしたタンパク質がどのように振る舞うのか生化学実験で調べるというアプローチで、タンパク質の構造構築および機能発現原理の解明を行っています。

Protein molecules spontaneously fold into unique three-dimensional structures specified by their amino acid sequences from random coils to carry out their functions. Many of protein studies have been performed by analyzing naturally occurring proteins. However, it is difficult to reach fundamental working principles of protein molecules only by analyzing naturally occurring proteins, since they have evolved in their particular environments spending billions of years. In our lab, we explore the principles by computationally designing protein molecules completely from scratch and experimentally assessing how they behave.

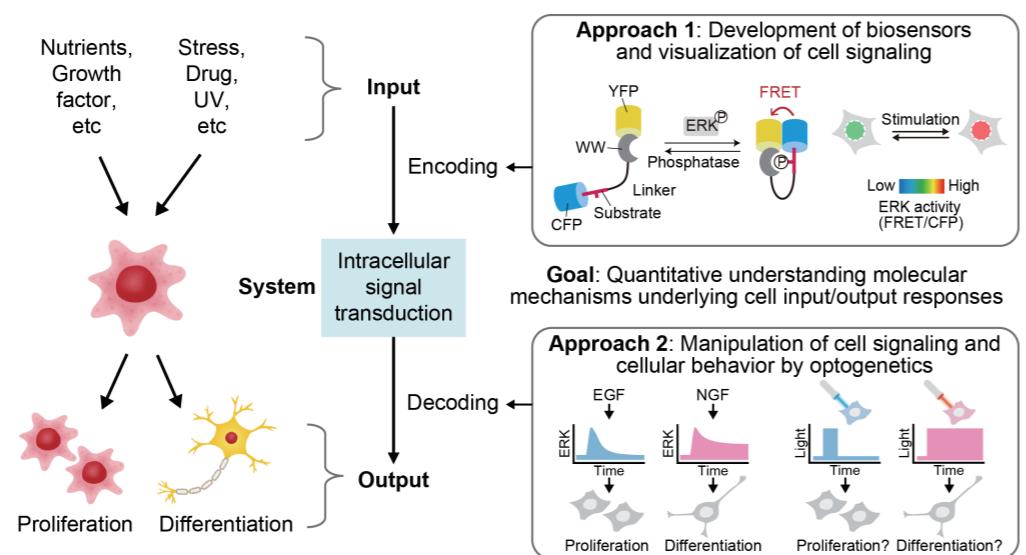
【参考文献】

- K. Sakuma, N. Kobayashi, T. Sugiki, T. Nagashima, T. Fujiwara, K. Suzuki, N. Kobayashi, T. Murata, T. Kosugi, R. Tatsumi-Koga & N. Koga, "Design of complicated all- α protein structures", *Nature Structural & Molecular Biology* 31, pages 275-282 (2024).
- T. Kosugi, T. Iida, M. Tanabe, R. Iino, N. Koga, "De novo design of allosteric control into rotary motor V1-ATPase by restoring lost function", *Nature Chemistry* 15, 1591-1598 (2023).
- S. Minami, N. Kobayashi, T. Sugiki, T. Nagashima, T. Fujiwara, R. Tatsumi-Koga, G. Chikenji, N. Koga, "Exploration of novel $\alpha\beta$ -protein folds through de novo design", *Nature Structural & Molecular Biology* 30, 1132-1140 (2023).
- N. Koga, R. Koga, G. Liu, J. Castellanos, G. T. Montelione, D. Baker, "Role of backbone strain in de novo design of complex α/β protein structures", *Nature Communications*, 12, 3921 (2021).
- R. Koga, M. Yamamoto, T. Kosugi, N. Kobayashi, T. Sugiki, T. Fujiwara, N. Koga, "Robust folding of a de novo designed ideal protein even with most of the core mutated to valine", *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 117(49), 31149-31156 (2020).
- R. Koga, N. Koga, "Consistency principle for protein design", *Biophysics and Physicobiology*, 16, 304-309 (2019).

定量生物学研究グループ | Quantitative Biology Group



青木一洋 教授(兼任)
AOKI, Kazuhiro
Professor



細胞は外部環境からさまざまな刺激(input)感知し、その情報を細胞内シグナル伝達系(System)で情報処理することで、適応的な表現型を出力(output)することで恒常性を維持します。私たちはこの入出力応答、つまり符号化(encoding)と逆符号化(decoding)の原理を蛍光イメージング(approach 1)と光遺伝学(approach 2)によって明らかにすることで、細胞の入出力応答の根底にある分子機構を定量的に理解したいと考えています。

The cell senses various stimuli (input) from the external environment and processes the information with the intracellular signal transduction system (system) to output an adaptive phenotype to maintain homeostasis. We would like to quantitatively understand the molecular mechanism underlying the cellular input/output response. For this purpose, we are developing live-cell imaging techniques (approach 1) and optogenetic tools (approach 2).

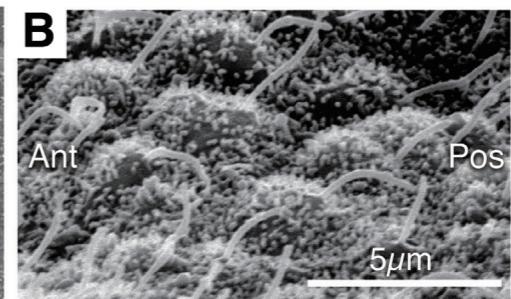
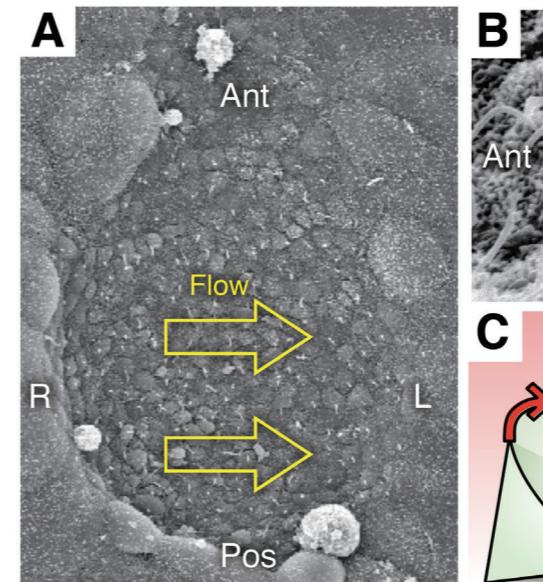
細胞は周囲の環境から様々な入力刺激を受け取り、その情報を細胞内で処理して、環境の変化に適応するように細胞機能を発揮します。すなわち細胞は入力を①感知、②情報処理し、最終的に、③表現型を出力する、という3つの機能を有しています。私達の研究グループでは、このような細胞の入出力応答機構を定量的に理解し、さらに制御することを目指しています。細胞の増殖や分化、細胞死に関わる細胞内シグナル伝達系を対象に、生細胞イメージングによる細胞のシグナル伝達の可視化と定量化、さらには光遺伝学や化学遺伝学を用いた操作ツールの開発を行っています。

A living cell senses various stimuli from the surrounding environment and processes the information inside the cell, resulting in cellular behaviors adapting to environmental changes. Thus, cells possess at least three functions; (1) sensing input stimuli, (2) processing the information, and (3) outputting phenotype. Our research group aims to quantitatively understand and control the molecular machinery underlying cellular input/output responses. For this purpose, we are developing genetically encoded biosensors and optogenetic/chemogenetic tools to visualize and manipulate intracellular signal transduction by light.

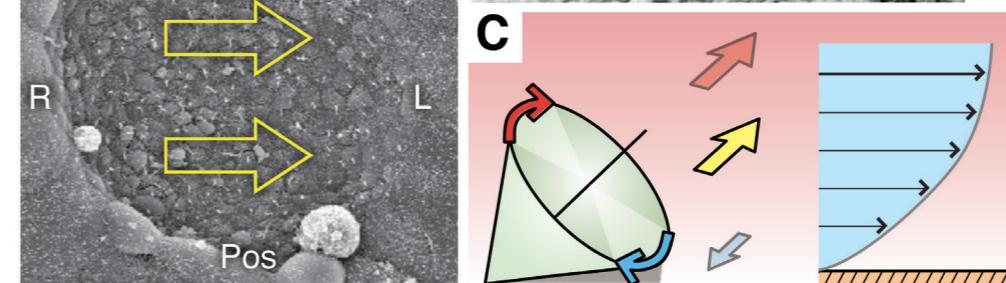
【参考文献】

- K. Yamamoto, H. Miura, M. Ishida, Y. Mii, N. Kinoshita, S. Takada, N. Ueno, S. Sawai, Y. Kondo, K. Aoki, "Optogenetic relaxation of actomyosin contractility uncovers mechanistic roles of cortical tension during cytokinesis", *Nature Communications*, 12, 1-13 (2021).
- Y. Uda, H. Miura, Y. Goto, K. Yamamoto, Y. Mii, Y. Kondo, S. Takada, K. Aoki, "Improvement of Phycocyanobilin Synthesis for Genetically Encoded Phytochrome-Based Optogenetics", *ACS Chemical Biology*, 15, 2896-2906 (2020).
- H. Miura, Y. Kondo, M. Matsuda, K. Aoki, "Cell-to-cell heterogeneity in p38-mediated cross-inhibition of JNK causes stochastic cell death", *Cell Reports*, 24, 2658-2668 (2018).
- K. Aoki, Y. Kondo, H. Naoki, T. Hiratsuka, R. E. Itoh, M. Matsuda, "Propagating Wave of ERK Activation Orients Collective Cell Migration", *Developmental Cell*, 43, 305-317 (2017).
- Y. Uda, Y. Goto, S. Oda, T. Kohchi, M. Matsuda, K. Aoki, "Efficient synthesis of phycocyanobilin in mammalian cells for optogenetic control of cell signaling", *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, 114, 11962-11967 (2017).

生命時空間制御研究グループ | Spatiotemporal Regulations Group



野中茂紀 准教授
NONAKA, Shigenori
Associate Professor



- A. マウス胚ノードを腹側から見た走査電顕像。この中に水流が生じる。
B. 一次纖毛を横から見たもの。纖毛先端は組織表面に対して垂直ではなく後方(Pos)に傾いている。
C. 水流が生じるメカニズム。回転運動は周囲の水に対して左向きと右向き両方の力を及ぼすが、組織表面に近い場所では水が動きにくい(壁効果)ため、左向きの力が勝って流れを作る。
A. Scanning electron micrograph of the mouse embryonic node, ventral view. Leftward flow occurs within this area.
B. Side view of the primacy cilia of the node. They are tilted toward posterior against the tissue surface.
C. Flow-generation mechanism. Motion of the cilia are clockwise vortical motion that pushes surrounding water to both the left and the right. Hydrodynamic 'wall effect' disturbs more at closer area to the tissue surface, and results in leftward flow in total.

私達のグループは、発生における左右が最初に決まる仕組みを調べています。哺乳類では胚の腹側にできる「ノード」と呼ばれる小さな窪みにおいて、一次纖毛(1細胞に1本生えている小さな毛)が軸の傾いた回転運動をして、胚の左に向かう水流を作ります。この水流が将来の左右非対称な発生を決めることがわかっているものの、その機構は謎に包まれています。私達は全胚培養、ライトシート顕微鏡による高速イメージング、超解像イメージングなどの技術を使って、この問題の解明に取り組んでいます。また市販および自家製のライトシート顕微鏡を用いた共同研究も行っています。

Our group has been investigating the initial left-right asymmetry determination in mammalian development. A small patch on the ventral surface of a gastrulating mouse embryo called 'the node' generates leftward fluid flow by tilted vortical motion of primary cilia (small single tiny hair emanating from the cell), and the flow direction is critically important to subsequent left-right asymmetric development. The mechanism of sensing flow still remains enigmatic, and we are testing several hypotheses using techniques such as whole-embryo culture, ultra-fast imaging by light-sheet microscopy, and super-resolution microscopy. In addition, we carry on a number of collaborations using our commercial and homemade light-sheet microscopes.

【参考文献】

- A. Taniguchi, Y. Nishigami, H. Kajiwara-Kobayashi, D. Takao, D. Tamaoki, T. Nakagaki, S. Nonaka, S. Sonobe, "Light-sheet microscopy reveals dorsoventral asymmetric membrane dynamics of Amoeba proteus during pressure-driven locomotion", *Biol. Open* 12, bio059671 (2023).
- A. Taniguchi, Y. Kimura, I. Mori, S. Nonaka, S. Higashijima, "Axially-confined *in vivo* single-cell labeling by primed conversion using blue and red lasers with conventional confocal microscopes", *Dev. Growth Differ.* 59, 741-748 (2017).
- T. Ichikawa, K. Nakazato, P. J. Keller, H. Kajiwara-Kobayashi, E. H. Stelzer, A. Mochizuki, S. Nonaka, "Live imaging and quantitative analysis of gastrulation in mouse embryos using light-sheet microscopy and 3D tracking tools", *Nat. Protoc.* 9, 575-585 (2014).
- D. Takao, T. Nemoto, T. Abe, H. Kiyonari, H. Kajiwara-Kobayashi, H. Shiratori, S. Nonaka, "Asymmetric distribution of dynamic calcium signals in the node of mouse embryo during left-right axis formation", *Dev. Biol.* 376, 23-30 (2013).
- S. Nonaka, "Visualization of Mouse Nodal Cilia and Nodal Flow", *Methods in Enzymology* 525, 149-157 (2013).

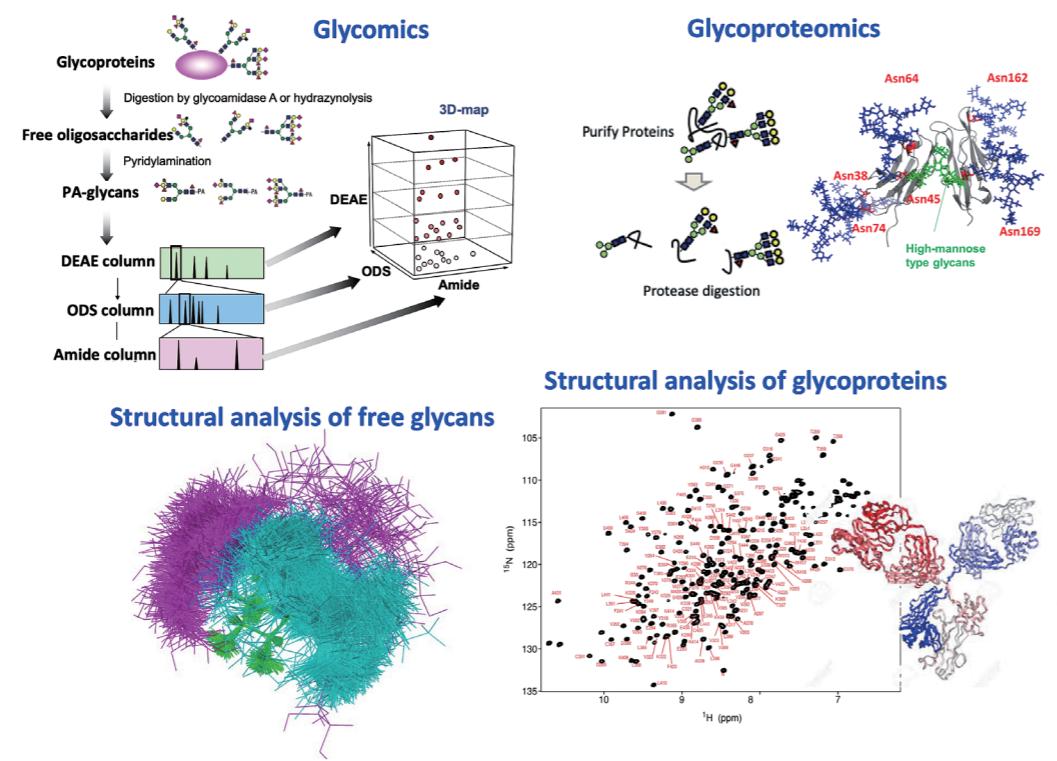
糖鎖構造機能解析グループ | Structural Glycobiology Group



矢木 宏和 客員准教授
YAGI, Hirokazu
Visiting Associate Professor



KHOO, Kay-Hooi
来訪教授
Guest Professor



糖鎖構造に立脚したアプローチ法を駆使し糖鎖の生合成システムを理解する
Our research goals are to understand the glycan biosynthesis system through structure-based approaches.

糖鎖は細胞の顔として細胞表層に広く存在しており、ウイルスの感染やがんの浸潤・転移など細胞同士の認識や情報伝達を担っています。このように糖鎖は様々な生命現象に関与しており、生命科学だけでなく、医療分野においても着目されています。しかしながら、糖鎖はゲノムに直接コードされていないことから、糖鎖の構造を解析したり、その発現を制御することが困難です。私たちは、糖鎖構造に立脚したアプローチ法を駆使し、糖鎖の生合成システムを理解するとともに、糖鎖が担う生命情報を解読することを目指しています。

Glycans are widely expressed on the cell surface and are responsible for cell-to-cell communications and signal transduction, such as viral infection and cancer invasion and metastasis. Thus, glycans are involved in various life phenomena and have been attracting attention in the life sciences and healthcare. However, since glycans are not directly encoded in the genome, it is difficult to determine their sequences and regulate their expression. Our research goals are to understand the glycan biosynthesis system and to decipher biological information of glycosylation by structure-based approaches.

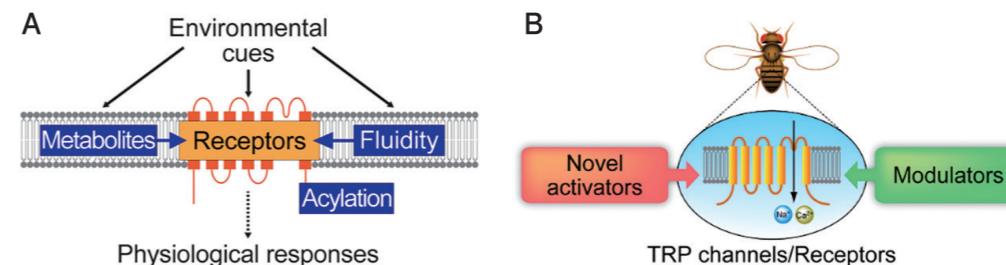
【参考文献】

- H. Yagi, E. Amagasa, M. Shiota, I. Yamada, K.F. Aoki-Kinoshita, K. Kato, "GALAXY ver3: updated web application for glycosylation profiling based on 3D HPLC map", *Glycobiology*. 32, 646-650 (2022).
- T. Saito, H. Yagi, C.W. Kuo, K.H. Khoo, K. Kato, "An embeddable molecular code for Lewis X modification through interaction with fucosyltransferase 9", *Commun. Biol.* 13, 676 (2022).
- F. Umezawa, M. Natsume, S. Fukusada, K. Nakajima, F. Yamasaki, H. Kawashima, C.W. Kuo, K.H. Khoo, T. Shimura, H. Yagi, K. Kato, "Cancer Malignancy Is Correlated with Upregulation of PCYT2-Mediated Glycerol Phosphate Modification of α -Dystroglycan", *Int. J. Mol. Sci.* 23, 6662 (2022).
- T. Watanabe, H. Yagi, S. Yanaka, T. Yamaguchi, K. Kato, "Comprehensive characterization of oligosaccharide conformational ensembles with conformer classification by free-energy landscape via reproductive kernel Hilbert space", *Phys. Chem. Chem. Phys.* 23, 9753-9760 (2021).
- H. Yagi, M. Yagi-Utsumi, R. Honda, Y. Ohta, T. Saito, M. Nishio, S. Ninagawa, K. Suzuki, T. Anzai, Y. Kamiya, K. Aoki, M. Nakanishi, T. Satoh, K. Kato, "Improved secretion of glycoproteins using an N-glycan-restricted passport sequence tag recognized by cargo receptor", *Nat. Commun.* 11, 1368 (2020).
- H. Yagi, S. Yanaka, R. Yogo, A. Ikeda, M. Onitsuka, T. Yamazaki, T. Kato, E.Y. Park, J. Yokoyama, K. Kato, "Improved secretion of glycoproteins using an N-glycan-restricted passport sequence tag recognized by cargo receptor", *Biomolecules*. 10, 1482 (2020).

温度生物学研究グループ | Thermal Biology Group



曾我部 隆彰 准教授
SOKABE, Takaaki
Associate Professor



感覚機能の分子基盤の解明と害虫防除への応用

- A) 感覚受容体の機能は周囲の膜脂質の様々な作用によって制御される。
- B) 昆虫の感覚受容メカニズムを利用して新しい害虫防除策を確立する。

Molecular basis of sensory function and application to insect pest control

- A) Sensory molecules are functionally regulated by interactions with surrounding lipids.
- B) Development of novel strategies for insect pest control utilizing their sensory functions.

感覚受容は生物が環境情報を取り込む最初のステップであり、適切な応答と生存のために欠かせません。私たちはTRPチャネルなどの温度受容体とそれらを取り巻く膜脂質の機能的連関に焦点を当て、ショウジョウバエの温度走性や温度適応の分子メカニズムとその生理学的意義を解析しています。また、老化や疾患で起きる感覚機能障害においてその原因となる酸化ストレスが膜脂質と受容体に与える影響を明らかにすることを目指しています。さらに、昆虫の感覚受容メカニズムを利用してこれまでにない忌避剤や殺虫成分を探索・開発し、次世代の害虫防除戦略を創出しようとしています。

Sensory function represents the initial step through which organisms engage with environmental cues, and it is crucial for eliciting appropriate responses and ensuring survival. We are analyzing the molecular mechanisms underlying thermotaxis and temperature adaptation in fruit flies and the physiological significance, with a specific focus on the functional linkage between thermoreceptors such as TRP channels and the surrounding membrane lipids. Additionally, we aim to uncover the impact of oxidative stress on membrane lipids and receptors, which serves as a key factor contributing to sensory dysfunction observed in aging and diseases. Moreover, we are exploring and developing novel repellents and insecticides targeting sensory mechanisms in insects to create innovative strategies for pest control.

【参考文献】

- K. Ohnishi, T. Sokabe, T. Miura, M. Tominaga, A. Ohta, A. Kuhara, "G protein-coupled receptor-based thermosensation determines temperature acclimatization of *Caenorhabditis elegans*", *Nat. Commun.* In press (2024).
- S. Sato, AM. Magaji, M. Tominaga, T. Sokabe, "Avoidance of thiazoline compound depends on multiple sensory pathways mediated by TrpA1 and ORs in *Drosophila*", *Front. Mol. Neurosci.* 16:1249715 (2023).
- T. Sokabe, HB. Bradshaw, M. Tominaga, E. Leishman, A. Chandel, C. Montell, "Endocannabinoids produced in photoreceptor cells in response to light activate *Drosophila* TRP channels", *Sci. Signal.* 15(755): eabl6179 (2022).
- T. Suito, K. Nagao, N. Juni, Y. Hara, T. Sokabe, H. Atomi, M. Umeda, "Regulation of thermoregulatory behavior by commensal bacteria in *Drosophila*", *Biosci. Biotechnol. Biochem.* zbac087 (2022).
- Q. Li, NA. DeBeaubien, T. Sokabe, C. Montell, "Temperature and sweet taste integration in *Drosophila*", *Curr. Biol.* 30(11): 2051-2067 (2020).
- J. Liu, T. Sokabe, C. Montell, "A temperature gradient assay to determine thermal preferences of *Drosophila* larvae", *J. Vis. Exp.* (136): e57963 (2018).
- T. Sokabe, HC. Chen, J. Luo, C. Montell, "A switch in thermal preference in *Drosophila* larvae depends on multiple rhodopsins", *Cell Rep.* 17(2): p336-44 (2016).

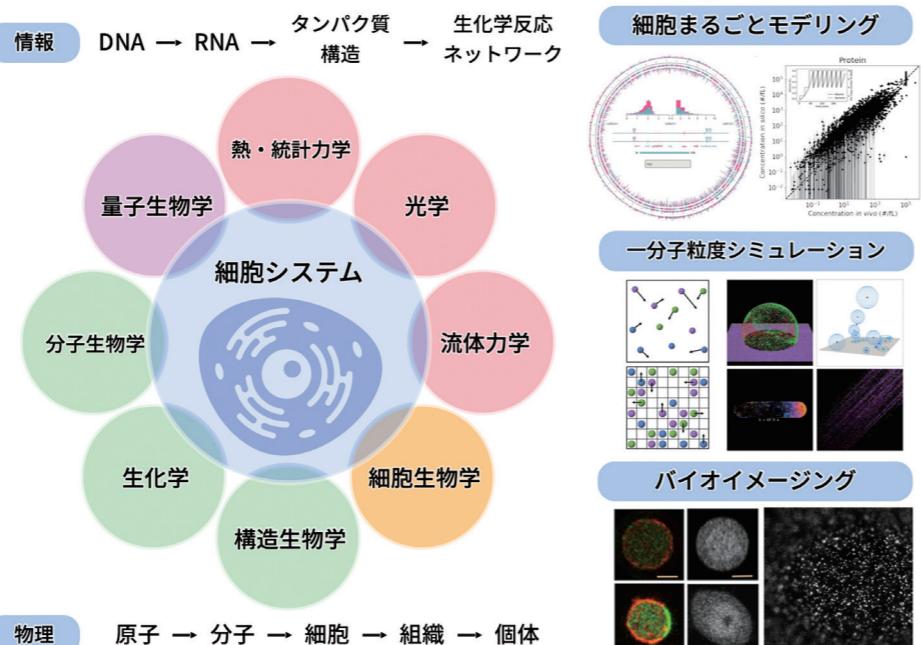
細胞シミュレーション研究グループ | Cell Modeling and Simulation Group

連携研究グループ
Collaborative Research Group

海津 一成 客員准教授
KAIZU, Kazunari
Visiting Associate Professor



渡部 匡己 特任准教授
WATABE, Masaki
Project Associate Professor



(上図レジェンド)
様々な分野と階層の情報を統合したシミュレーションによって細胞を計算機上に再構成する。

We build virtual cells integrating multidisciplinary data and knowledge on the computer.

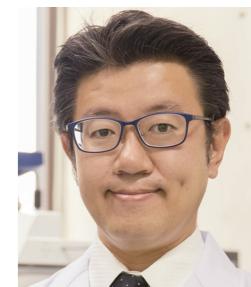
細胞は多種多様な分子とその相互作用によって構成された大規模かつ複雑なシステムです。この生命システムの理解を目指して、これまでに様々な観点から新しい技術や発見が生まれてきました。我々の研究グループでは、コンピュータシミュレーションによって細胞を計算機上に再現することに取り組んでいます。分野をこえて、分子生物学や細胞生物学、構造生物学などのデータと知見を統合したモデルを作り上げることで、計算機上で細胞のふるまいを予測したり新たな細胞を設計したりすることが可能になります。現在は、細胞まるごとモデリングや一分子粒度シミュレーション、バイオイメージングシミュレーションの研究により、情報と物理の両側面から「生きている」システムの理解を目指しています。

Cells are large and complex systems consisting of many different molecules and the interactions between them. In order to understand these living systems, new technologies have been invented from various perspectives. Our research group is working on the computational reconstruction of cells. Based on multidisciplinary data and knowledge, this virtual cell allows us to predict cellular behavior and design new cells on the computer. By developing novel technologies in whole-cell modeling, single-molecule simulation, and bioimaging simulation, we aim to understand 'living' systems from both informational and physical aspects.

【参考文献】

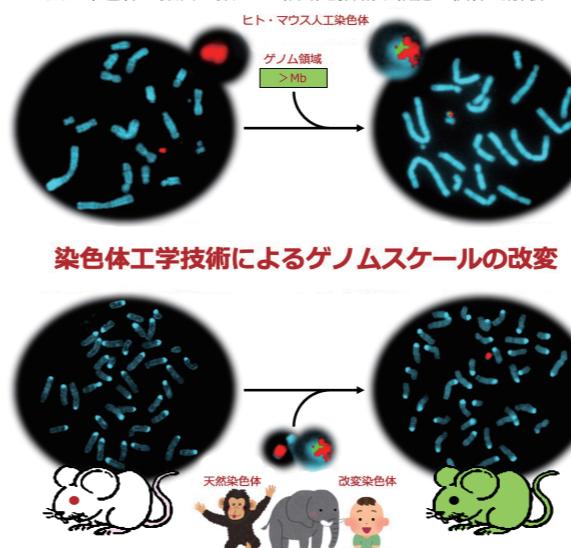
- M. Watabe, H. Yoshimura, S. N. V. Arjunan, K. Kaizu, K. Takahashi, "Signaling activations through G-protein-coupled-receptor aggregations", Phys. Rev. E, 102, 032413 (2020).
- M. Watabe, S. N. V. Arjunan, W-X. Chew, K. Kaizu, K. Takahashi, "Simulation of live-cell imaging system reveals hidden uncertainties in cooperative binding measurements", Phys. Rev. E, 100(1-1) 010402 (2019).
- M. Watabe, S. N. V. Arjunan, S. Fukushima, K. Iwamoto, J. Kozuka, S. Matsuoka, Y. Shindo, M. Ueda, K. Takahashi, "A Computational Framework for Bioimaging Simulation", PLOS One, 10(7): e0130089 (2015).
- K. Kaizu, W. de Ronde, J. Pajimans, K. Takahashi, F. Tostevin, and P. R. ten Wolde, "The berg-purcell limit revisited", Biophys. J., 106(4) 976-85 (2014).

染色体工学研究グループ | Chromosome Engineering Research Group

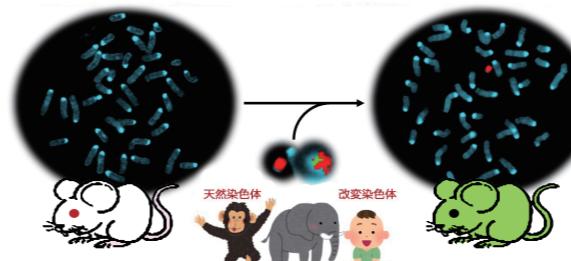
連携研究グループ
Collaborative Research Group

香月 康宏 客員教授
KAZUKI, Yasuhiro
Visiting Professor

人工染色体へ数百～数Mbの領域を搭載し細胞・個体で解析



染色体工学技術によるゲノムスケールの変更



異種染色体を任意の細胞へ導入し細胞・個体で解析

異種染色体・ゲノム領域を保持した Trans-chromosomal動物モデル



生命システムの統合的理 解
ネオ生命体の創成



異種染色体・ゲノム領域を保持した Trans-chromosomal動物モデル

染色体工学研究グループでは、遺伝子の発現とそれを制御する非翻訳領域がどのように関わり合い、それぞれの生物の生体機能を成立させ、生物同士の違いを生み出しているのかという「異種ゲノム動作原理」を、数百kb～数Mbという染色体スケールで解析することで明らかにしようとしています。遺伝子とその制御領域を含んだ染色体スケールで異種ゲノムを導入したトランスクロモニック細胞・動物モデルを作製するなど、染色体工学基盤技術の確立により、生命システムを統合的に理解するためのプラットフォームを構築します。さらに、様々な生物種のゲノムおよび染色体を自在に目的細胞・動物に導入することで、デザイン細胞・動物作製を実現する基盤技術を確立します。これを活用し、全生命現象に関わる「時間」を理解するとともに、ネオ生命体の設計原理を明らかにすることを目指します。

Chromosome Engineering Research Group aims to clarify the "genome operation principle of trans-species" - that is how genes and non-coding regions that regulate gene expression interact to establish the biological functions of each organism and create differences among organisms - by analyzing several hundred kb- to several Mb-scaled chromosome regions. We plan to generate a platform for an integrated understanding of life systems by establishing basic chromosomal engineering technologies such as the production of transchromosomal (Tc) cell/animal models containing several species-derived Mb-sized genomes. Furthermore, we will establish basic technology to produce designed cells and animals by freely introducing the genomes and chromosomes of various organisms into the target cells and animals. Utilizing this technology, we aim to understand the "time" related to all life phenomena and to clarify the designing principle of de novo-living organisms.

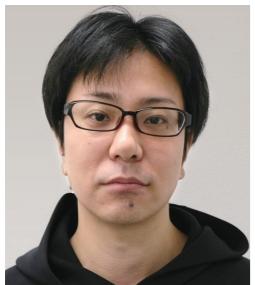
【参考文献】

- H. Satofuka, S. Abe, T. Moriwaki, A. Okada, K. Kazuki, H. Tanaka, K. Yamazaki, G. Hichiwa, K. Morimoto, H. Takayama, Y. Nakayama, S. Hatano, Y. Yada, Y. Murakami, Y. Baba, M. Oshimura, K. Tomizuka, Y. Kazuki, "Efficient human-like antibody repertoire and hybridoma production in trans-chromosomal mice carrying megabase-sized human immunoglobulin loci", Nat Commun, 5:13(1):1841 (2022).
- Y. Kazuki, F.J. Gao, M. Yamakawa, M. Hirabayashi, K. Kazuki, N. Kajitani, S. Miyagawa-Tomita, S. Abe, M. Sanbo, H. Hara, H. Kuniishiv, S. Ichisaka, Y. Hata, M. Koshima, H. Takayama, S. Takehara, Y. Nakayama, M. Hiratsuka, Y. Iida, S. Matsukura, N. Noda, Y. Li, A. J. Moyer, B. Cheng, N. Singh, J. T. Richtsmeier, M. Oshimura, R. H. Reeves, "A transchromosomal rat model with human chromosome 21 shows robust Down syndrome features", Am J Hum Genet 3:109(2):328-344 (2022).
- Y. Kazuki, K. Kobayashi, M. Hirabayashi, S. Abe, N. Kajitani, K. Kazuki, S. Takehara, M. Takiguchi, D. Satoh, J. Kuze, T. Sakuma, T. Kaneko, T. Mashimo, M. Osamura, M. Hashimoto, R. Wakatsuki, R. Hirashima, R. Fujiwara, T. Deguchi, A. Kurihara, Y. Tsukazaki, N. Senda, T. Yamamoto, N. Scheer, M. Oshimura, "Humanized UGT2 and CYP3A transchromosomal rats for improved prediction of human drug metabolism", Proc Natl Acad Sci U S A. 116(8):3072-3081 (2019).

理論生物学研究グループ | Theoretical Biology Group

連携研究グループ
Collaborative Research Group

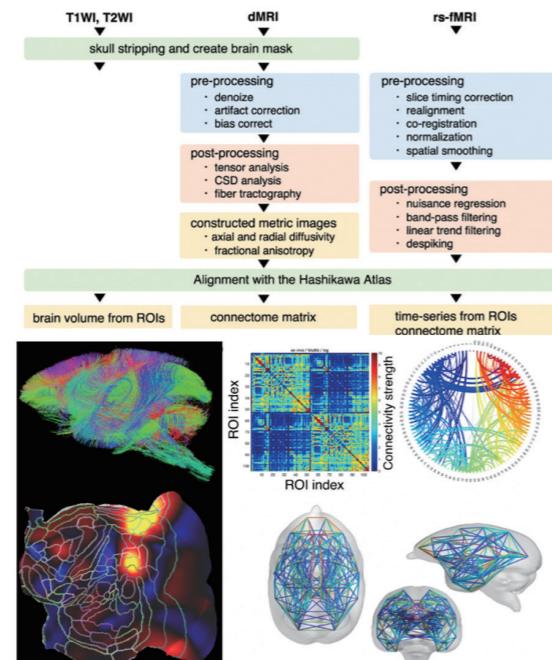
本田 直樹 客員教授
HONDA, Naoki
Visiting Professor



中江 健 特任准教授
NAKAE, Ken
Project Associate Professor



斎藤 稔 准教授(兼任)
SAITO, Nen
Associate Professor



Hata et. al, Scientific Data, 2023

上図:構築した大規模マーモセットMRI用の解析パイプライン、左下図:パイプラインによって抽出されたマーモセットの神経線維と皮質マップ、右下図:脳領域間で抽出されたコネクтомの可視化
Top: analysis pipeline for large-scale marmoset MRI data; bottom left: nerve fiber and cortical maps of marmoset's brain extracted by the pipeline; bottom right: visualization of the extracted connectome between brain regions

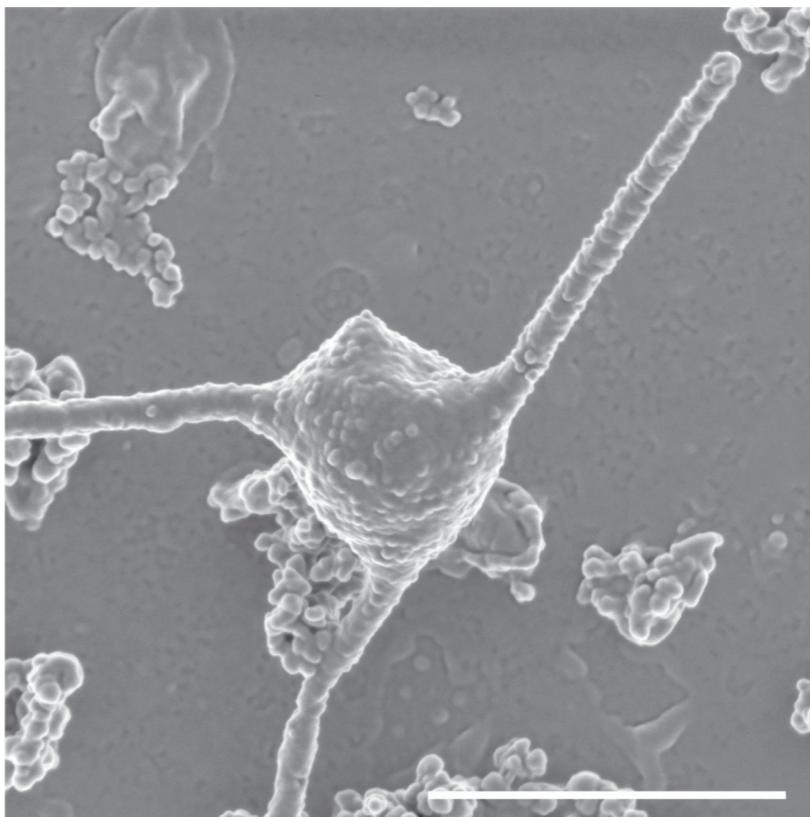
近年、蛍光顕微鏡や次世代シーケンサを代表とする計測技術が発展し、生体組織における分子活性や遺伝子発現量がハイスループットに計測され、膨大なデータが得られる時代になっています。生命科学は今まさに計測データと解読技術の融合を必要としており、データの裏に潜む規則性やメカニズムを抽出する解読技術は、次世代の生命科学における基盤技術となることが期待されています。本研究室では、様々な階層(細胞・多細胞組織・免疫・神経回路・神経活動・行動)で計測されるデータを対象に、これまで未知であった生物学的メカニズムをデータ駆動的に明らかにし、生命をシステム的に理解するための新しい理論体系を打ち出すことを目指します。

Now is a moment we need a fusion of quantitative experiments and mathematics in biology. Recently, measurement technologies such as live imaging and next-generation sequencers have been rapidly developed, and we have entered a new era in which molecular activities and gene expression levels in living tissues can be measured at single-cell resolution in a high throughput manner. Data is often enormous and high-dimensional, and far exceeds human cognitive ability to find some patterns hidden in the data. Our laboratory aims to elucidate theoretical logic of dynamic living systems from such data by combining mathematical modeling and machine learning.

【参考文献】

- Y. Konaka, N. Honda, "Decoding reward-curiosity conflict in decision-making from irrational behaviors", *Nat. Comput. Sci.* 3, 418-432 (2023). ■ Y. Hatakeyama, N. Saito, et al., "Intercellular exchange of Wnt ligands reduces cell population heterogeneity during embryogenesis", *Nat. Commun.* 14 (1), 1924 (2023). ■ J. Hata, K. Nakae et al., "Multi-modal brain magnetic resonance imaging database covering marmosets with a wide age range", *Sci. Data* 10: 221 (2023). ■ K. Yoshida, N. Honda, "Adaptive discrimination of antigen risk by predictive coding in immune system", *iScience*, 26, 105754 (2023). ■ M. Tsutsumi, N. Saito, D. Koyabu, C. Furusawa, "A deep learning approach for morphological feature extraction based on variational auto-encoder: an application to mandible shape", *NPJ Syst. Biol. Appl.* 9 (1), 1-12 (2023). ■ Y. Omachi, N. Saito, C. Furusawa, "Rare-event sampling analysis uncovers the fitness landscape of the genetic code", *PLoS Comput. Biol.* 19 (4), e1011034 (2023). ■ A. Nakamura, K. Yoshida, N. Honda, "Stem cell homeostasis regulated by hierarchy and neutral competition", *Commun. Biol.*, 5, 1268 (2022). ■ Y. Okochi, S. Sakaguchi, K. Nakae, T. Kondo, N. Honda, "Model-based prediction of spatial gene expression via generative linear mapping", *Nat Commun* 12: 3731 (2021).

深海・地下生命研究グループ | Deep-Sea and Deep Subsurface Life Research Group



世界で初めて培養に成功した全球規模の海底下堆積物で優占する未培養アスガルド古細菌の電子顕微鏡写真。スケールバーは1μmを示す。

An electron micrograph of the 1st isolate of Asgaard archaea from subseafloor sediments of deep-sea. Scale bar indicates 1 μm.



高井 研 客員教授
TAKAI, Ken
Visiting Professor



中川 聰 客員准教授
NAKAGAWA, Satoshi
Visiting Associate Professor

「しんかい 6500」や「ちきゅう」といった海洋研究開発機構の持つ世界最先端の探査プラットフォームを活用して、暗黒の生態系におけるダークマター生命やダークエネルギー代謝を探査し、その多様性や機能の体系的理解を進めるとともに、化学合成生態系や海底下生物圏といった暗黒の生態系を特徴付ける微生物—大型生物間および微生物—微生物間相互作用を糖鎖構造生物学の観点から解析し、それら分子の相互作用により発揮される分子システムとして理解することを目指します。

We look for real limits of life and biosphere and boundary conditions between habitable and uninhabitable in the dark world, namely deep-sea and deep subsurface environments by means of top-rated exploration platforms such as human-occupied submersible vehicle (HOV), remotely operative vehicles (ROV), research vessels including scientific drilling vessels. In addition, in combination with other groups and members of Excells, we are investigating a key language in the deep and dark biosphere, which is polysaccharides and glycome in the cellular surface, with focusing on the chemosynthetic symbioses and syntrophic microbial communities.

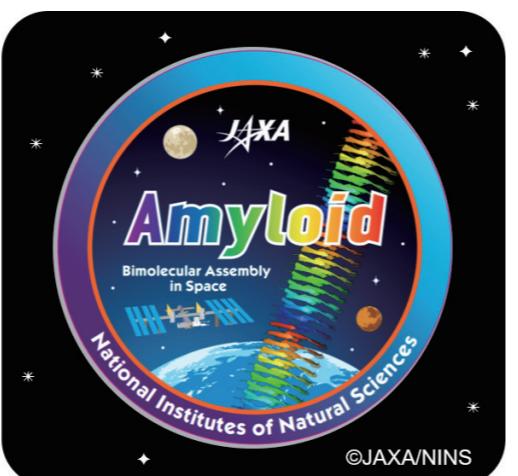
【参考文献】

- H. Imachi, M. K. Nobu, N. Nakahara, Y. Morono, M. Ogawara, Y. Takaki, Y. Takano, K. Uematsu, T. Ikuta, M. Ito, Y. Matsui, M. Miyazaki, K. Murata, Y. Saito, S. Sakai, C. Song, E. Tasumi, Y. Yamanaka, T. Yamaguchi, Y. Kamagata, H. Tamaki, K. Takai, "Isolation of an archaeon at the prokaryote-eukaryote interface", *Nature* 575 519-525 (2020).

極限環境生命分子研究グループ | Extreme Environmental Biomolecular Research Group



加藤 晃一 教授(併任)
KATO, Koichi
Professor



深海から宇宙に至るまで生命の極限環境適応の仕組みを理解することを目指しています。

We attempt to understand how organisms adapt to extreme environments including deep-sea trenches and outer space.



矢木 真穂 准教授
(兼任/併任)
YAGI-UTSUMI, Maho
Associate Professor

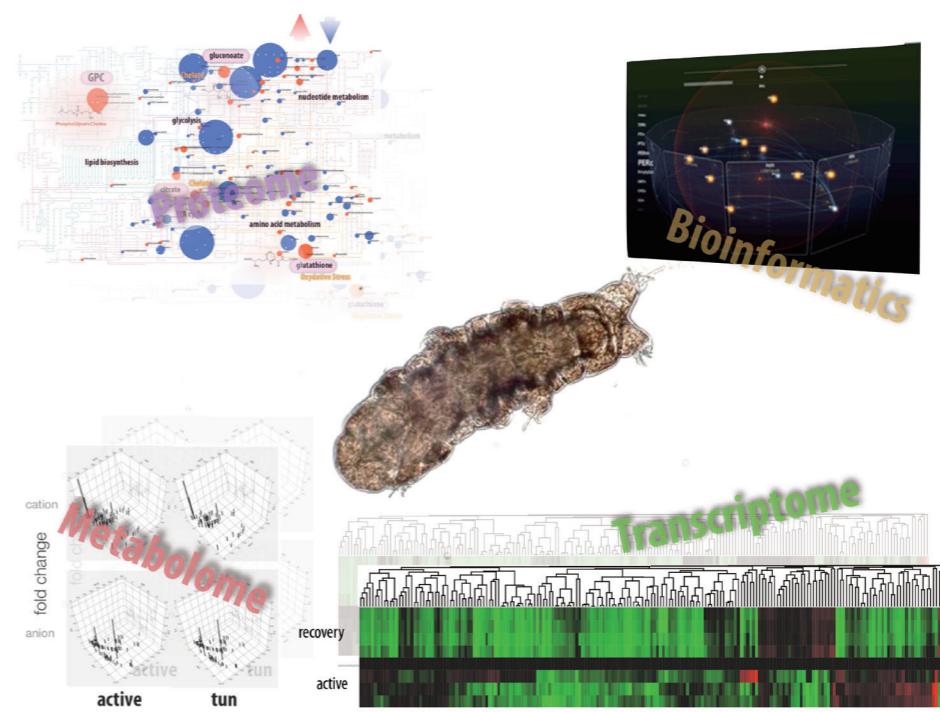


谷中 涼子 准教授
(兼任/併任)
YANAKA, Saeko
Associate Professor

深海などの極限環境で活動する生命体は、生態環境に適合するための独自の分子機構を備えているものと考えられます。一方、私達の身近な環境においても、外的条件の極端な変動に適応するために、乾眠にみられるようなユニークな適応戦略を備えた生命体が存在しています。私達は生命活動を司る分子集団の構造・動態・機能の解析を通じて生命の環境適応の仕組みを理解することを目指しています。さらに、宇宙の微小重力条件を利用して、アミロイド形成プロセスを制御することなどを試みています。こうして得られた知見に基づいて、新たな機能の創成に向けた生物工学的な応用研究の展開も目指しています。

Organisms living in extreme environments such as deep-sea trenches develop unique ecological adaptation mechanisms. In addition, even in more familiar environments, some organisms develop peculiar adaptation mechanisms to extreme environmental conditions as exemplified by cryptobiosis. We conduct biomolecular analyses to elucidate the molecular processes underlying these biological adaptation mechanisms. Furthermore, we aim to develop biotechnological applications based on our knowledge of biomolecular systems involved in biological processes adapted to extreme environments. Moreover, we exploit extreme environmental conditions such as microgravity in outer space for controlling biomolecular processes including amyloid formation.

極限環境耐性研究グループ | Extremotolerance Research Group



クマムシのマルチオミクス解析。ゲノミクス・ranscriptomics・プロテオミクス・メタボロミクスなどを組み合わせてその分子機構に迫る。

Multi-omics analysis of tardigrades. Multi-omics analysis combines genomics, transcriptomics, proteomics, and metabolomics to elucidate the molecular machinery.

水は全ての生物にとって必須であり、水を失うことは直ちに死を意味しますが、微小動物クマムシは「乾眠」という機構によって完全な脱水時に生命活動を停止し、給水によって速やかに活動を再開できます。また、乾眠時のクマムシは超低温・真空・放射線、あるいはその混合である宇宙空間への直接曝露に耐えることができます。これらは水の存在を前提とする細胞生理学では直ぐに説明できない現象です。そこで、我々は乾眠の分子機構をマルチオミクス解析並びに最先端の分子生物学を駆使して明らかにし、細胞システムから個体レベルにおける極限環境耐性のメカニズムを理解することを目指します。

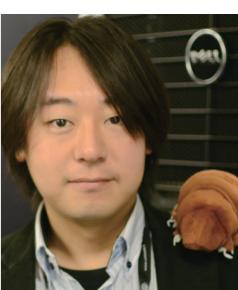
Water is an essential solvent for all living systems. Some organisms, however, including the microscopic eight-legged animals called the tardigrades, can endure almost complete desiccation by entering an ametabolic state called anhydrobiosis (life-without-water), and they can quickly come back to active life upon rehydration. In this state of suspended animation, tardigrades are known for their extremotolerance, including extreme heat and cold (-273°C to 100°C), extreme pressure (vacuum to 7.5GPa), and ionizing radiation (>5000 Gy). One species even survived direct exposure to space vacuum and UV-C for ten days. We conduct multi-omics analyses coupled with advanced molecular biology experiments to uncover the molecular mechanisms underlying anhydrobiosis, and we aim to understand the systematic mechanisms enabling extremotolerance in these species.

【参考文献】

- M. Yagi-Utsumi, S.G. Itoh, H. Okumura, K. Yanagisawa, K. Kato, K. Nishimura, "The double-layered structure of amyloid- β assemblage on GM1-containing membranes catalytically promotes fibrillization", ACS Chem. Neurosci. 14, 2648-2657 (2023).
- M. Yagi-Utsumi, K. Aoki, H. Watanabe, C. Song, S. Nishimura, T. Satoh, S. Yanaka, C. Ganser, S. Tanaka, V. Schnapka, E.W. Goh, Y. Furutani, K. Murata, T. Uchihashi, K. Arakawa, K. Kato, "Desiccation-induced fibrous condensation of CAHS protein from anhydrobiotic tardigrade", Sci. Rep. 11, 21328 (2021).
- M. Yagi-Utsumi, T. Tanaka, Y. Otsubo, A. Yamashita, S. Yoshimura, M. Nishida, K. Kato, "Cold atmospheric plasma modification of amyloid β ", Int. J. Mol. Sci. 22, 3116 (2021).
- M. Yagi-Utsumi, S. Yanaka, C. Song, T. Satoh, C. Yamazaki, H. Kasahara, T. Shimazu, K. Murata, K. Kato, "Characterization of amyloid β fibril formation under microgravity conditions", NPJ Microgravity 6, 17 (2020).

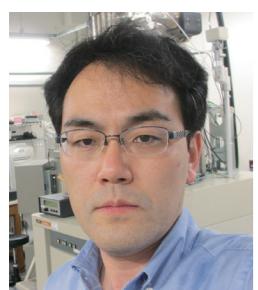
【参考文献】

- S. Tanaka, K. Aoki, K. Arakawa, "In vivo expression vector derived from anhydrobiotic tardigrade genome enables live imaging in *Eutardigrada*", Proc. Natl. Acad. Sci. USA e2216739120 (2023).
- K. Arakawa, K. Numata, "Reconsidering the "glass transition" hypothesis of intrinsically unstructured CAHS proteins in desiccation tolerance of tardigrades", Mol Cell 81 409-410 (2021).
- Y. Yoshida, G. Koutsopoulos, D. R. Laetsch, L. Stevens, S. Kumar, D. D. Horikawa, K. Ishino, S. Komine, T. Kunieda, M. Tomita, M. Blaxter, K. Arakawa, "Comparative genomics of the tardigrades *Hypsibius dujardini* and *Ramazzottius varieornatus*", PLoS Biol. 15 e2002266 (2017).
- K. Arakawa, "No evidence for extensive horizontal gene transfer from the draft genome of a tardigrade", Proc. Natl. Acad. Sci. USA 113 E3057 (2016).

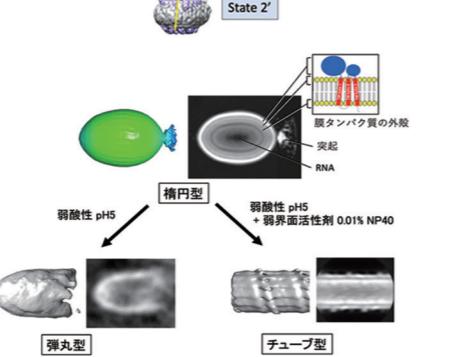
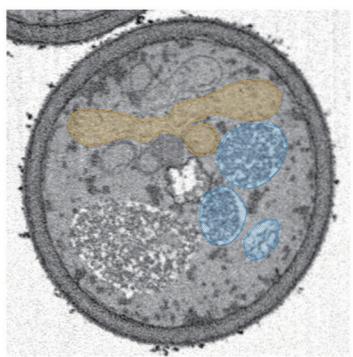
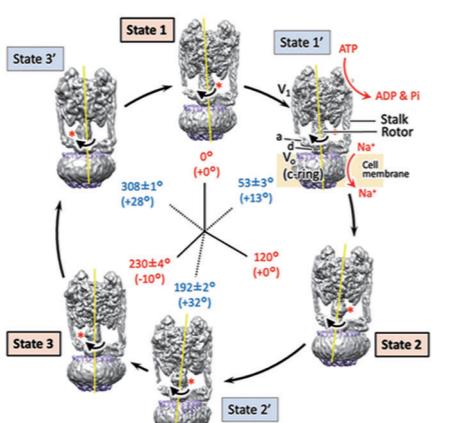
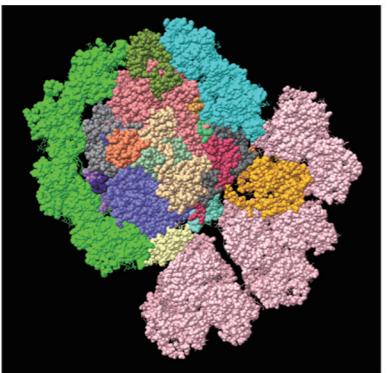


荒川 和晴 客員教授
ARAKAWA, Kazuharu
Visiting Professor

物質-生命境界領域研究グループ | Material-Life Boundary Research Group



村田 和義 特任教授
MURATA, Kazuyoshi
Project Professor



最近の構造および形態解析の例。左上:先祖型PSIの複合体構造(Ishii et al. 2023)。左下:出芽酵母におけるミトコンドリア分解の様子(Fukuda et al. 2023)。右上:腸球菌V-ATPaseの6つの中間体構造状態(Burton-Smith et al. 2023)。右下:タナウイルスカプシドの構造変化(Okamoto et al. 2023)。

Recent results of structural and morphological analysis by electron microscopy. Structural analyses by mainly cryoEM. Left top: Structure of ancient PSI complex (Ishii et al. 2023). Left bottom: Mitophagy in budding yeast cell (Fukuda et al. 2023). Right top: Six intermediation states of Enterococcus V-ATPase (Burton-Smith et al. 2023). Right bottom: Dynamic conformational change of Tanavirus capsid (Okamoto et al. 2023).

我々の研究グループでは、極限環境や極限状態で機能する生体分子の構造を、主にクライオ電子顕微鏡を用いて研究しています。最近では、腸球菌V-ATPaseの反応中間体を含む6つの構造状態(Burton-Smith et al. 2023)、タナウイルスが示すダイナミックなカプシドの構造変化(Okamoto et al. 2023)、新規マイトファジー因子によるミトコンドリア分解の様子(Fukuda et al. 2023)、先祖型PSI複合体の構造(Ishii et al. 2023)などを報告してきました。今後も、未知の生命現象を可視化して行きたいと考えています。

Our group is studying the structure of biomolecules in extreme environments and extreme states, mainly using cryo-electron microscopy. As recent results, the structures of all six states intermediate of a rotary sodium ion pump (Burton-Smith et al. 2023), the dynamic structural changes of Tanavirus capsid (Okamoto et al. 2023), the process of the mitochondrial decomposition by a new mitophagy factor (Fukuda et al. 2023), the structure of the ancient type PSI complex (Ishii et al. 2023) were reported. We would like to visualize further unknown life phenomena.

【参考文献】

- R. N. Burton-Smith, C. Song, H. Ueno, T. Murata, R. Iino, K. Murata, "Six states of Enterococcus hirae V-type ATPase reveals non-uniform rotor rotation during turnover", *Comm Biol* 6, 755 (2023).
- K. Okamoto, C. Song, H. Wang, M. Sakaguchi, C. Chalkiadaki, N. Miyazaki, T. Nabeshima, T. Morita, S. Inoue, K. Murata, "Structure and its transformation of elliptical nege-like virus Tanay virus", *J Gen. Virol.* 104(6) (2023).
- T. Fukuda, K. Furukawa, T. Maruyama, S. I. Yamashita, D. Noshiro, C. Song, Y. Ogasawara, K. Okuyama, J. M. Alam, M. Hayatsu, T. Saigusa, K. Inoue, K. Ikeda, A. Takai, L. Chen, V. Lahiri, Y. Okada, S. Shibata, K. Murata, D. J. Klionsky, N. N. Noda, T. Kanai, "The mitochondrial intermembrane space protein mitofissin drives mitochondrial fission required for mitophagy", *Mol. Cell* 83(12), 2045-2058.e9 (2023).
- A. Ishii, J. Shan, X. Sheng, E. Kim, A. Watanabe, M. Yokono, C. Noda, C. Song, K. Murata, Z. Liu, J. Minagawa, "The photosystem I supercomplex from a primordial green alga Ostreococcus tauri harbors three light-harvesting complex trimers", *Elife* 12, e84488 (2023).

共同利用・共同研究の推進 Promotion of Collaborative Research and Joint Research

ExCELLS では、「生きているとは何か?」という人類の根源的な問いに答えることを目指し、生命構成因子の解析に加え、新しい観点による大規模な生命情報の解読および構成的アプローチを取り入れて生命の設計原理を統合的に理解することを目指しています。コミュニティ横断型の異分野融合研究を展開し、様々な大学・研究機関等の研究者との共同研究を活性化して、新たな生命科学研究を推進していきます。また、大学共同利用機関法人 自然科学研究機構では全国の大学・研究機関等の研究者のための研究拠点として、個別の大学では整備や維持が困難な大型設備や各種研究機器を全国の研究者にご利用いただいているです。

ExCELLS aims to achieve an integrative understanding of living systems beyond reductionism utilizing large-scale data analyses and synthetic biological approaches. ExCELLS provides a unique platform for cross-disciplinary research in an inter-university, collaborative environment, using the "Observe, Read, and Create" approach. The National Institutes of Natural Sciences (NINS) serves as a research hub for various researchers at universities and research institutes, providing them with access to large-scale facilities and a variety of research equipment that are difficult for individual universities to maintain and operate.

■ ExCELLS連携研究 ExCELLS Collaborative Research

自然科学研究機関以外の研究機関に所属する複数の研究者が研究グループを構成した上で、新規な研究手法・測定手法の開発等を通じてExCELLSの既存グループ間のより一層の連携を促進し得る研究課題を提案していただきます。

■ ExCELLS課題研究 ExCELLS Themed Research

自然科学研究機関以外の大学および公的研究機関に所属する研究者が、ExCELLSに所属する2つ以上の研究グループと協力して、研究課題を実施する共同利用研究です。

■ 一般共同利用研究 General Joint Research

大学および公的研究機関に所属する研究者が、ExCELLSに所属する教員と協力して実施する共同利用研究です。

ExCELLS Collaborative Research invites external researchers in universities and institutions to create a research team and network. The project leader proposes a research theme to promote further collaboration with existing ExCELLS groups and to develop new research and measurement methods.

ExCELLS Themed Research is collaborative research by invited researchers in universities and public research institutions and two or more research groups from ExCELLS.

研究戦略室 Strategic Research Administration Office

ExCELLS研究戦略室では、共同利用・共同研究を通じた研究者ネットワークの形成を支援するとともに、他機関との連携強化を推進します。

ExCELLS Strategic Research Administration Office provides support for organizing researcher networks through the equipment sharing and joint research and also promotes the collaborative enhancement between ExCELLS and external institutions.



加藤 晃一 教授
室長
KATO, Koichi
Professor,
Director, Strategic Research
Administration Office



上釜 奈緒子 特任准教授
研究連携コーディネーター
UEKAMA, Naoko
Project Associate Professor,
Collaborative Research
Coordinator



山口 拓実 特任准教授
研究連携コーディネーター
YAMAGUCHI, Takumi
Project Associate Professor,
Collaborative Research
Coordinator



清水 智樹 特任准教授
研究連携コーディネーター
SHIMIZU, Tomoki
Project Associate Professor,
Collaborative Research
Coordinator

クライオ電子顕微鏡システム

System of Cryo-electron microscopy

本システムは、300kVクライオ電顕(TITAN Krios G4)とクライオFIB-SEM(Aquilos2)からなります。TITAN Krios G4は、タンパク質の近原子分解能での単粒子解析および電子線トモグラフィー、MicroEDを行なうことができます。Aquilos2は、凍結試料のSlice&View観察に加えて、その場(*In situ*)電子線トモグラフィーのための凍結細胞切片を作製することができます。

This system consists of a 300kV cryo-EM (TITAN Krios G4) and a cryo FIB-SEM (Aquilos2). TITAN Krios G4 can perform near-atomic resolution single particle analysis of proteins, electron tomography, and MicroED. Aquilos2 can generate frozen cell sections for *in situ* electron tomography, in addition to Slice & View observations of frozen samples.



800MHz NMR装置

800 MHz NMR spectrometer

本NMR装置(Bruker 800 MHz NMR AVANCE NEO 800US)は、極低温プローブを備えており、生体高分子の¹H-¹³C-¹⁵N三重共鳴を高精度・高分解能で測定することが可能であり、それらの三次元構造ダイナミクスや相互作用を原子レベルで研究するのに威力を発揮します。

This NMR spectrometer (Bruker 800 MHz NMR AVANCE NEO 800US equipped with a cryogenic probe) is capable of ¹H-¹³C-¹⁵N triple resonance measurements of biomacromolecules at high sensitivity and high resolution for characterizing their structural dynamics and interactions at atomic resolution.



詳細な案内はウェブサイトでご確認ください。
Please visit our website for detail.

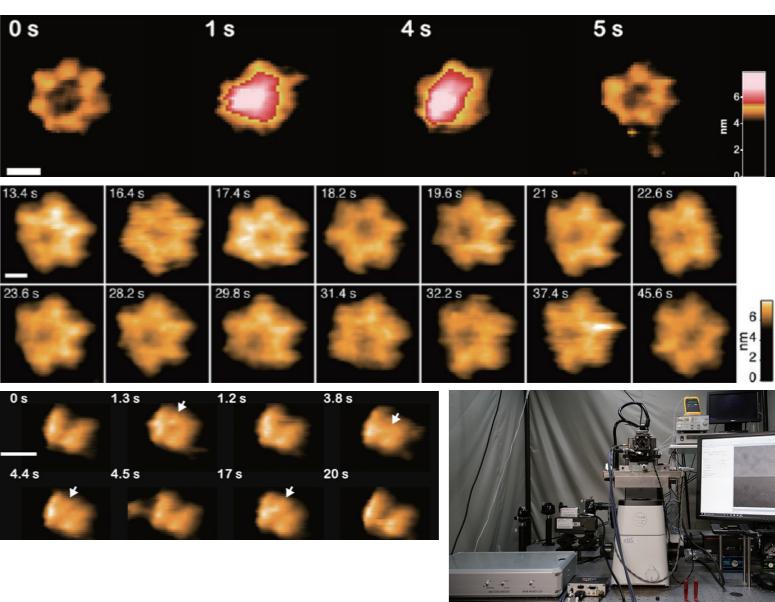
共同利用概要 Overview
<https://www.excells.orion.ac.jp/overview>

探針走査型高速原子間力顕微鏡 / 蛍光顕微鏡複合装置

Combined system of high-speed atomic force microscopy and fluorescence microscopy

2つのタイプの高速原子間力顕微鏡(AFM)が設置されています(SS: サンプルスキャンタイプ、PS: プローブスキャンタイプ)。両方ともタンパク質の構造変化や分子間相互作用を1 nmの空間分解能、10 fps以上の時間分解能で観察することができます。また、バクテリアや哺乳類細胞等の比較的大きな生体試料も数μmの視野で表面形態を1 fps以下の時間分解能で観察できます。PSタイプは全反射蛍光顕微鏡との複合機になっており、蛍光標識したタンパク質を同一視野で高速AFMと蛍光顕微鏡で観察することも可能です。SSタイプでは試料基板のサイズは1.5 mmφに制限されていますが、PSタイプではサンプル基板として標準的なスライドガラスが使用可能です。

The combined high-speed atomic force microscopy (HS-AFM) and fluorescence microscopy can visualize the dynamic phenomena of various biological samples from proteins to living cells in real time. This equipment can visualize biomolecular behaviors simultaneously with HS-AFM and fluorescence microscopy.

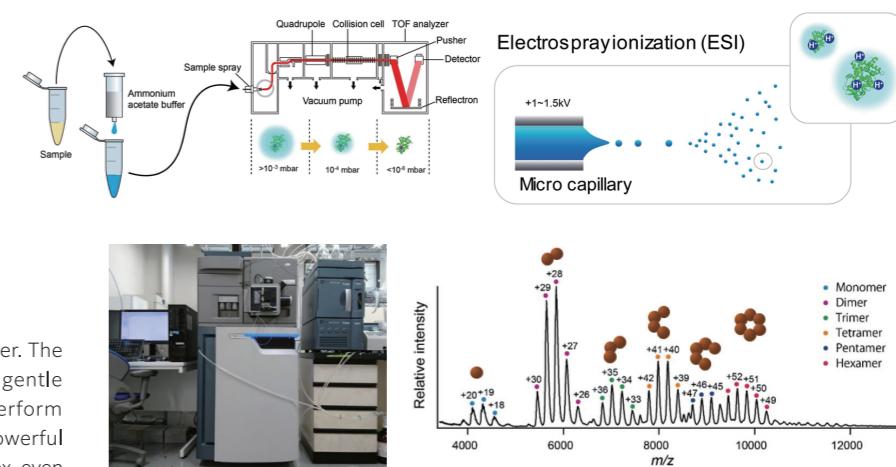


超分子質量分析装置

Q-TOF mass spectrometer for native MS

超分子質量分析装置SYNAPT G2-Si HDMSシステム(Waters社)です。nanoESIによる試料導入とQ-TOF型の質量分析装置が組み合わされており、タンパク質複合体のような生体超分子の非共有性結合を維持したまま測定することができます。そのため、複合体のStoichiometryの決定などに大きな力を発揮します(native-MS)。また、UPLCと接続されており、LC-MSも可能となっています。

This equipment is a Q-TOF mass spectrometer. The combination of Electrospray ionization and gentle gradual desolvation makes it possible to perform native Mass Spectroscopy (nMS). nMS is a powerful tool to determine the mass of the entire complex, even for biomolecular complexes formed by non-covalent bonds.



分子量分布測定装置

Mass Photometer

Refeyn社製の分子量分布測定装置、「Refeyn Two」です。Mass Photometry法により短時間でタンパク質等の生体高分子の溶液中の分子量分布の測定が可能となっています。30 kDa～5 MDaの生体高分子の会合状態や複合体形成の様子がわかるため、クライオ電顕のサンプルスクリーニングにも有効です。< 1 MDaのタンパク質試料の場合、1 nM程度の溶液が2マイクロリットル程度で測定可能です。



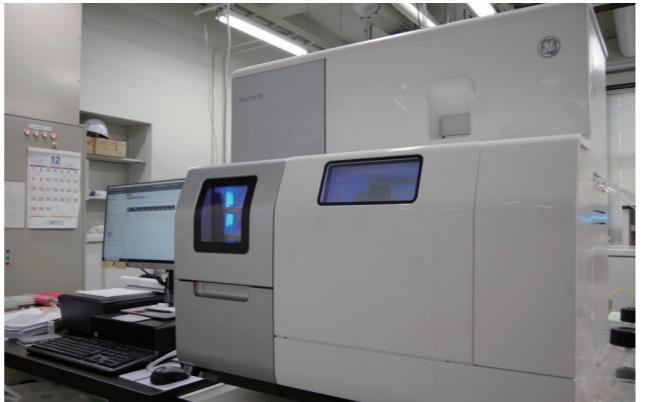
Mass photometry measures mass at the single molecule level, providing insights into the composition and function of even complex samples and molecular mechanisms. This unique technology can be used to detect and characterise proteins, nucleic acids, lipids and/or sugars, providing information on structure (oligomeric state, modification), homogeneity, and function (quantifying interactions) - all in a matter of minutes, and using tiny amounts of sample. The Refeyn Two^{MP} enables measurement of molecular mass across a wide mass range, from 30 kDa up to 5 MDa.

生体分子相互作用計測装置

Biomolecular interaction analysis system

生体分子相互作用計測装置、Biacoreシリーズ (GEライフサイエンス社) のBiacore 8Kです。表面プラズモン共鳴とマイクロ流路を利用することで、タンパク質、核酸、脂質等の生体分子間相互作用を計測することができます。少量のサンプルから測定可能で、測定対象に対してラベルする必要がなく、また、リアルタイムで計測することが可能です。対象分子間の結合、解離の速度論的な解析に威力を発揮します。

This system detects intermolecular interaction by surface plasmon resonance, enabling comprehensive, high-throughput analysis to obtain quantitative kinetic and affinity data.



動的光散乱測定装置

Dynamic Light Scattering instrument

Wyatt Technology社製の動的光散乱測定装置、「DynaPro Nanostar」です。動的光散乱法によりタンパク質を始めとした生体高分子、またナノ粒子の粒子径分布の測定が可能となっています。また、タンパク質の分子量測定や溶液の粘度測定も可能です。液量は数マイクロリットルから測定可能、設定可能温度も-15°Cから150°Cと幅広い測定条件に対応しています。

DynaPro Nanostar (Wyatt technology) is a device to measure the size distribution of biomolecules such as proteins and nano particles using Dynamic Light Scattering (DLS). We can also measure molecular weight of biomolecules and viscosity of solutions. For measurements, only several μL of sample is required and a wide range of temperature (-15°C ~ 150°C) is available.



温度制御微量分光光度計

Temperature-controlled microvolume spectrophotometer

本機器(日本分光株式会社V-730)は、190~1100 nmの吸光度を測定する分光光度計です。8連の微量セルブロックとペルチェ温調装置を搭載しています。0~100°Cの広範囲で高精度な試料温度のプログラム設定が可能であり、一度に最大8個の微量サンプル(各10 μl 程度)をセットできます。そのため、濃度などの条件が異なる複数の試料を、温度を変化させながら自動測定することができます。また、試料温度をセンサーで直接計測し、正確にモニターすることができます。これらの機能により、温度変化に伴う液-液相分離、酵素反応、核酸の熱安定性などの解析が可能になります。

This instrument, the V-730 spectrophotometer by Japan Spectro Co., Ltd. is a spectrophotometer capable of measuring absorbance from 190 to 1100 nm. Notably, it is equipped with an 8-cell microcell block and a Peltier temperature controller. These components enable precise sample temperature control over a wide range from 0 to 100°C, and can handle up to eight micro-volume samples (10 μl each) simultaneously. This functionality enables the automatic measurement of multiple samples with different conditions such as concentration, while varying the temperature. Additionally, it is equipped with a direct sensor for sample temperature measurement, enabling accurate monitoring of sample temperature. These features make it possible to study phenomena affected by temperature changes such as liquid-liquid phase separation, enzyme reactions, and the thermal stability of nucleic acids.

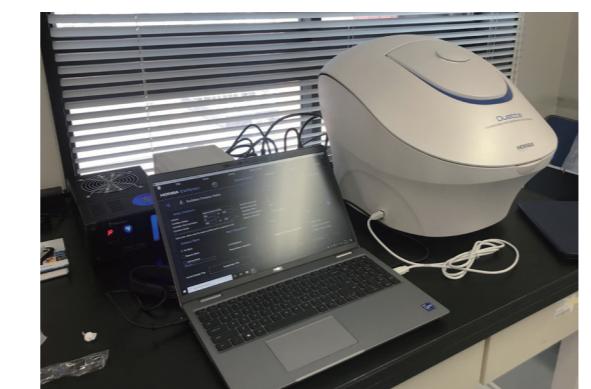


蛍光吸光分光装置

Fluorescence and Absorbance Spectrometer

本機器は、紫外から近赤外までの吸光と蛍光を100ミリ秒以下の時間間隔で高速スペクトル測定ができるものです。付属のペルチェ温調装置により超低温~高温と様々な温度制御ができるため、様々な温度での蛍光タンパクの温度特性等を取得するのに有用です。また本機では、吸光と蛍光を同時に測定でき、励起蛍光マトリクスによる成分分析や、FRET解析等にも活用が期待されます。

This system is capable of high-speed spectral measurement of absorbance and fluorescence from UV to near-infrared with time intervals of less than 100 ms. Since the Peltier temperature controller allows various temperature controls from ultra-low to high temperatures, it is useful for obtaining the temperature characteristics of fluorescent proteins at various temperatures. In addition, this device can measure absorbance and fluorescence simultaneously and is expected to be utilized for component analysis by excitation fluorescence matrix and FRET analysis, etc.



超解像顕微鏡システム

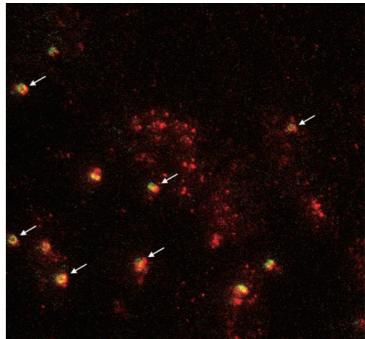
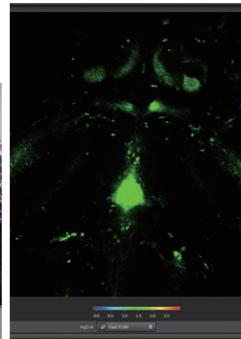
Super-resolution microscopy systems

多機能超解像顕微鏡

Multifunctional super-resolution confocal fluorescence microscope

超解像観察・蛍光寿命測定・蛍光相關分光の機能を備えた共焦点顕微鏡です。

This multifunctional confocal microscope enables super-resolution, fluorescence lifetime measurement, and fluorescence correlation microscopy.

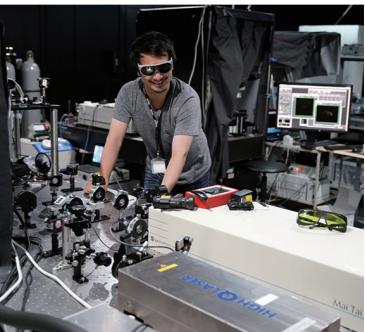
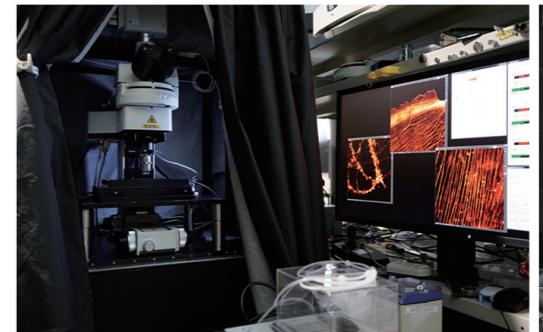


2光子STED顕微鏡

Two-photon STED microscope

2光子励起を用いたSTED顕微鏡で、超解像観察や2光子励起蛍光寿命測定が可能です。

It enables super-resolution microscopic observation of two-photon excited fluorescence and/or fluorescence lifetime imaging.

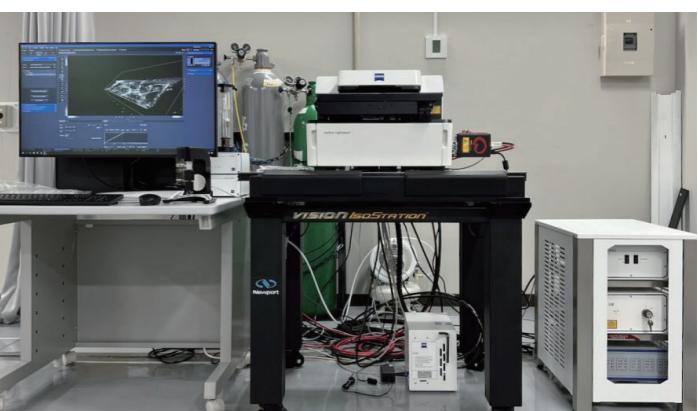
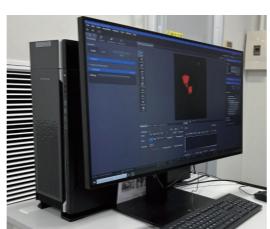


ラティスライトシート顕微鏡

Lattice Light-sheet Microscope

ラティスライトシート顕微鏡(ZEISS Lattice Lightsheet 7)は、ライトシート顕微鏡と格子状の構造化照明の組み合わせにより、生きた細胞や組織について励起光による試料ダメージを抑えつつ、高速(~3 vol/sec)かつ共焦点顕微鏡並みの空間分解能でボリュームイメージング可能な顕微鏡です。

This microscope, ZEISS Lattice Lightsheet 7 is a combination of light-sheet microscopy, lattice-like structured illumination, and integrated incubation system. It enables volumetric imaging of living cells and tissues with high-speed (~3 vol/sec), low photo-damages, and spatial resolution as high as confocal microscopes.

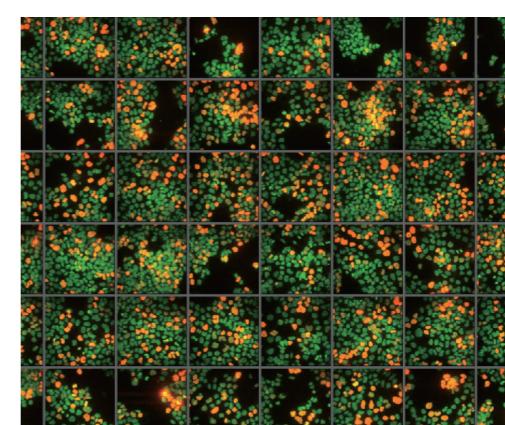


高速ライブイメージングシステム

High-speed live imaging system

共焦点スキャナユニット(Cell Voyager CV1000)は培養装置が一体となったスピニングディスク顕微鏡システムであり、ハイスループットに細胞機能の解析を行うことができます。特にライブイメージング観察に適しており、生きた細胞の様々な反応を高速かつ詳細に調べることにより、様々な細胞機能の解明などに役立ちます。

Spinning disk confocal microscopy equipped with cell culture device. Three lasers (488, 560, 640 nm) are equipped, and long-term live imaging (~1 week) can be performed.

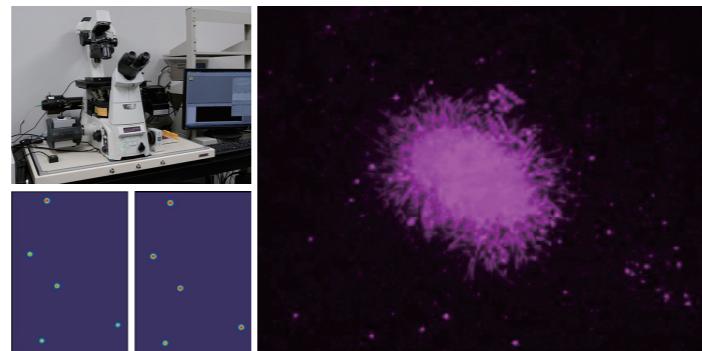


全反射顕微鏡システム

Total internal reflection fluorescence (TIRF) microscope

電動倒立顕微鏡に TIRF 照明(405/488/561 nm レーザー)を取り付けてあります。検出器は Andor の EM-CCD です。対物レンズに 100 倍 TIRF を用い、一分子計測や HILO イメージングが可能です。

Total internal reflection fluorescence (TIRF) lasers (405, 488, 561 nm) are equipped with electric inverted microscope using EM-CCD (Andor) detector. Single molecule measurement and HILO imaging can be performed using 100X TIRF objective lens.

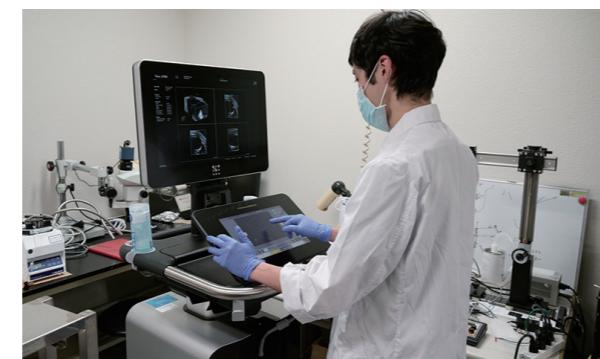


4次元組織イメージング装置

4-Dimensional Tissue Imaging System

小動物用超音波イメージングシステム (FUJIFILM VisualSonics VEVO 3100) は小動物 (マウス) の心臓はじめとした器官、胎児を非侵襲的に観察可能な超音波エコー装置です。心臓の観察においては、心臓の動きを4次元的に観察することができ、より正確な心機能計測が可能です。また、空間分解能に優れており、母体内の胎児の形態観察や心拍数計測できます。カラードッپラー法・パルスドッپラー法も備わっており、体内血流評価にも使用できます。

This equipment enables us to reconstruct tissue dynamics at the 4-dimensional level by measuring structural and functional changes of tissue and organ of your interest during the developmental or pathological processes using small animals (e.g., mouse and rat).



細胞分取・計測システム

Cell sorting and measurement system

蛍光タンパク質や蛍光色素で標識した抗体を使って、細胞内分子の発現量や状態を1細胞レベルで大量に計測し、さらに分取することができます。本装置 (セルソーターMA900) は、各種のソーティング設定 (レーザー光の光軸調整、ソーティングのための電気的タイミング調整、サイドストリーム調整、コレクションチューブ位置調整) を自動で調整することが可能で、4種類のレーザー (405 nm、488 nm、561 nm、638 nm) が備えられており、96ウェル、384ウェルに対応した細胞の分取が可能です。

MA900 Multi-Application Cell Sorter allows detection of up to 12 fluorescence at the single-cell level using fluorescent proteins and/or antibodies labeled with fluorescent dyes, and the gated target cells can be sorted for further analysis. The cell sorter can automatically adjust various sorting settings (laser beam, optical axis adjustment, electrical timing adjustment for sorting, side stream adjustment, collection tube position adjustment). Four excitation lasers - 405 nm, 488 nm, 561 nm, 638 nm - are equipped, and 96 well and 384 well plates are available for cell sorting.



1細胞マルチオミックス解析装置

Single-cell multi-omics analysis system

1細胞に含まれる多階層の情報を解析することができる装置です (10x Genomic社 Chromium X および Chromium Controller)。Chromium装置内で、1細胞 (または細胞核) と分子バーコード付きゲルビーズが微小液滴内で混合され、数万～数十万個の液滴が形成されます。各微小液滴内において適切な処理を加えることで、1細胞に含まれる多階層の情報を NGS (次世代シーケンス) と組み合わせることで取得することができます。一度の実験で最大75万個 (Chromium X)、8万個 (Chromium Controller) の1細胞情報を取得することができます。



A single cell (or cell nucleus) is mixed with molecularly barcoded gel beads in a microdroplet to form tens and hundreds of thousands of droplets in the device (Chromium X & Chromium Controller system, 10x Genomics inc.). By applying the appropriate treatment within each microdroplet, multi-omics information such as gene expression, chromatin accessibility, and cell surface protein information within a single cell can be obtained by combining with NGS (Next Generation Sequencing). Up to 750,000 (Chromium X) and 80,000 (Chromium Controller) single cell information can be acquired in a single experiment.

セミオートパッチクランプシステム

Sophion QPatch Compact

Sophion QPatch Compactは、最大8つの実験を同時に実行することができるセミオートパッチクランプシステムです。パッチクランプ法に不慣れな方でもイオンチャネル電流データを比較的簡単に得ることができます。n数を増やすための同条件での実験や、情報量を増やすための独立した条件での実験を、いずれも短時間で行うことができます。オリジナルのソフトウェアは、実験実施と解析をサポートします。しなければならないのは、細胞の準備とピッティングだけです。あとはすべてQPatch Compactが行います。

Sophion QPatch Compact is a semi-automatic patch-clamp system which allows easy 8 data acquisition as the same time for the scientists not familiar with electrophysiology. Using this system is especially suitable when a lot of data acquisition with a same experimental condition in a short time period or agonist/antagonist screening is needed. Original software made by Sophion supports the experiments and data analysis. Things you can do are cell preparation and pipetting.



石英マイクロピペット作製装置

Laser-Based quartz glass micropipette puller

サッター社製レーザー・プラー P-2000 は、熱源CO₂レーザーを搭載しており、石英ガラスピペットの作製が可能です。石英ガラスは物理的強度が非常に高く、通常のガラスではできない0.01 ミクロン以下の先端径を実現できます。また、CO₂レーザーは、温湿度などの外環境の影響を受けにくく、高い再現性をもちます。

P-2000 micropipette puller (Sutter) is equipped with a CO₂ laser-based heat source and can manufacture quartz glass pipettes. Quartz glass has extremely high physical strength and can achieve a tip diameter of 0.01 micron or less, which is not possible with ordinary glass. In addition, the CO₂ laser is not easily affected by the external environment such as temperature and humidity, and has high reproducibility.



化学発光・蛍光・可視光撮影装置

Chemiluminescence and fluorescence imaging systems

ATTO社の「ルミノグラフII EM」はF0.8高感度レンズと-40°C冷却EM CCDカメラを搭載した高感度化学発光・蛍光・可視光撮影装置です。ウェスタンブロットをはじめとしたメンブレンやSDS-PAGEゲルの化学発光・蛍光・可視光測定が可能です。蛍光撮影用に4種類の光源 (Blue, Green, Red, NIR) が備わっています。また、白色透過光源を用いた可視光撮影も可能です。

LuminoGraph II EM with F0.8 ultra-sensitive lens and ultra-low noise EM CCD camera allows to detect chemiluminescence and fluorescence signal from Western blot membranes and SDS-PAGE gels. Four LEDs (Blue, Green, Red, NIR) and white transilluminator are equipped.



研究体制発展のための2つのプラットフォーム Two Platforms for Research System Development

ExCELLSでは、2018年度の本センター創設以降に整備してきた研究体制をさらに発展させていくために、2022年度より先端共創プラットフォームと連携強化プラットフォームの2つのプラットフォームを構築しました。これにより、国内外の大学・研究機関との共同利用・共同研究を一層、強化するとともに、産業界等との共創も推進していきます。

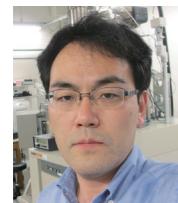
先端共創プラットフォーム The Advanced Co-creation Platform

ExCELLSでは、「生きているとは何か?」という人類共通の根源的な問いに答えることを目指しています。その目的を達成するべく、先進的な生命科学の研究を展開するための事業として「先端共創プラットフォーム」を構築しました。

その一環として、センターに所属する教員と外部の研究機関の研究者が一体となって研究チームを構成し、設定された研究課題に共創的に取り組む「ExCELLSプロジェクト研究」を実施しています。

物質-生命の境界探査 Exploration of the Boundary between Matter and Life

〈チーム代表〉 Team Principal Investigator



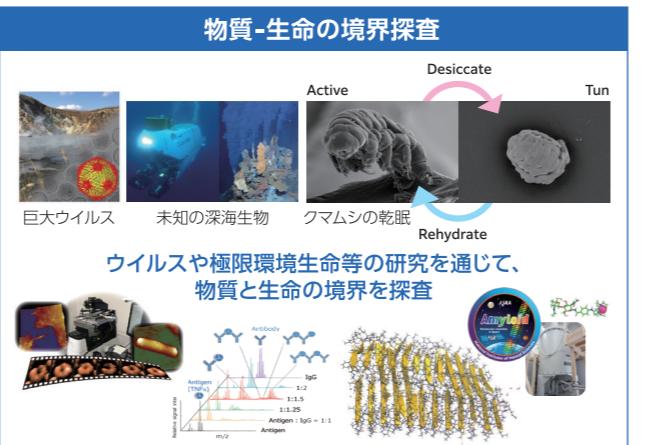
村田 和義 特任教授
MURATA, Kazuyoshi
Project Professor

物質-生命境界領域研究グループ
Material-Life Boundary Research Group

〈プロジェクトの概要〉 Project Outline

生命機能を維持するために必要となる、本質的あるいは最小の機構や原理を解き明かすために、極限環境に生きる生物、ウイルス等における生物間相互作用や環境応答に関する分子複合体の形態・機能・動態を観測し、物質-生命の境界の体系的理解を目指します。

The ExCELLS project research entitled "Exploration of the Boundary between Matter and Life" was launched in FY2022. This project will observe the interactions between organisms and viruses living in extreme environments and the morphology, function, and dynamics of molecular complexes related to environmental responses, in order to elucidate the essential or minimal mechanisms and principles necessary to maintain biological functions, and will conduct research for a systematic understanding of the boundary between matter and life.



オルガネラの時空間アトラス編纂 Spatiotemporal atlas of dynamic structure and function of organelles

〈チーム代表〉 Team Principal Investigator

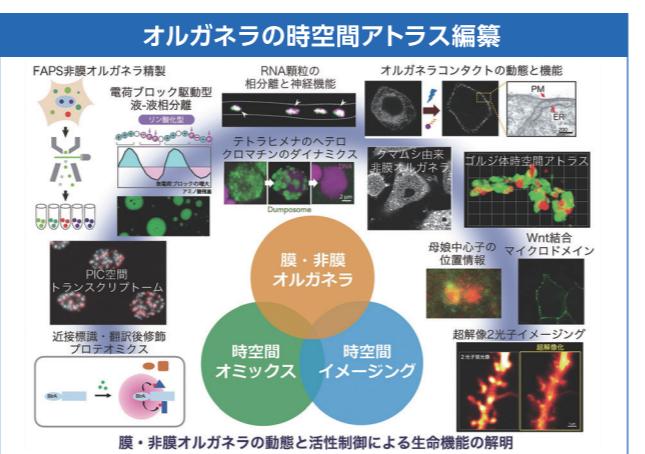


椎名 伸之 准教授
SHIINA, Nobuyuki
Associate Professor

神経分子動態生物学研究グループ
Dynamic Molecular Neurobiology Group

〈プロジェクトの概要〉 Project Outline

膜オルガネラに加え、近年の非膜オルガネラ同定に伴い拡張しつつあるオルガネラ研究を推進します。その構成を明らかにすると共に、様々な要因によって引き起こされる再編成、ダイナミクス変換や機能発現制御を解明します。



The ExCELLS project research "Spatiotemporal atlas of dynamic structure and function of organelles" promotes organelle research, which is expanding with the recent identification of membraneless organelles. We aim to elucidate the organization of membrane and membraneless organelles, as well as their reorganization, dynamics conversion, and functional regulation by various cues.

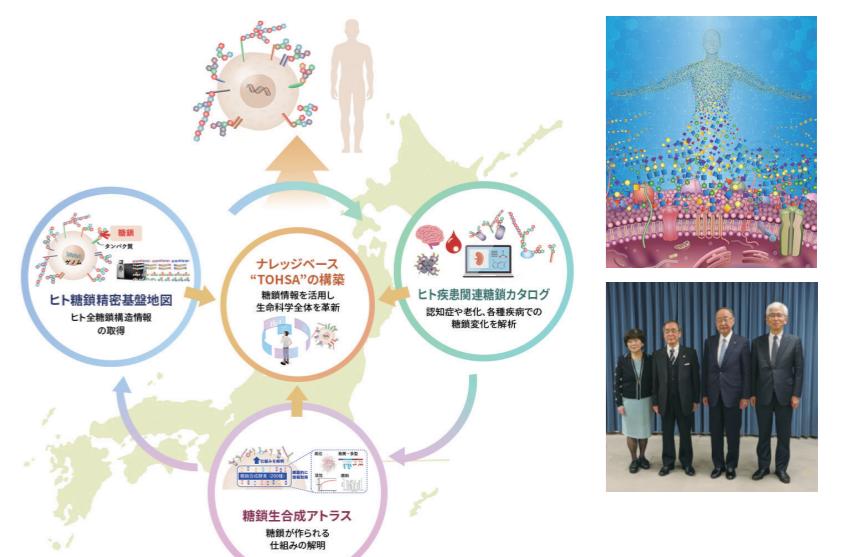
連携強化プラットフォーム The Collaboration Enhancement Platform

国内外の大学・研究機関との組織間のネットワークの強化を図り、連携構築を戦略的に推進するためのプラットフォームです。具体的には、共同利用や共同研究拠点との連携によるネットワーク化や、学術交流協定や国際交流協定を締結している研究機関の人材交流を活性化することで、異分野融合研究の担い手となる人材育成を推進します。ExCELLSが擁する最新鋭の機器の共用や独自のアプローチ法を用いた共同研究を介して、多様なステークホルダーとの社会共創を図っています。

■ 糖鎖生命科学ユニット Glycobiological Science Unit

共同利用・共同研究拠点である「糖鎖生命科学連携ネットワーク型拠点(J-GlycoNet)」の活動を東海国立大学機構および創価大学と連携して実施しています。さらに、このネットワーク型拠点を基盤として、文部科学省 大規模学術フロンティア促進事業「ヒューマングライコームプロジェクト」を推進しています。

The ExCELLS conducts the activities of "J-GlycoNet", a joint usage / research center, with Tokai National Higher Education and Research System and Soka University. Furthermore, based on this networked center, we are promoting the Human Glycome Atlas Project, the Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology of Japan (MEXT) project to promote large scientific frontiers.



■ 先端創薬科学ユニット

名古屋市立大学の創薬基盤科学技術開発研究拠点、文部科学省・先端研究基盤共用促進事業(先端研究設備プラットフォームプログラム) NMRプラットフォームおよび日本医療研究開発機構 生命科学・創薬研究支援基盤事業(BINDS)と連携し、先端的な創薬基盤技術の創出を目指す活動を実施しています。

The ExCELLS conducts the activities for creation of advanced drug discovery with Nagoya City University, the NMR Platform of the Project for Promoting Public Utilization of Advanced Research (Advanced Research Equipment Platform Program) of the Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology (MEXT) and the Basis for Supporting Innovative Drug Discovery and Life Science Research (BINDS) of the Japan Agency for Medical Research and Development (AMED).



The Collaboration Enhancement Platform will work to strengthen inter-organizational networks with domestic and overseas universities and research institutions, and strategically promote collaboration. More specifically, it will promote the development of personnel who are responsible for interdisciplinary research by enhancing collaborations with the equipment sharing and joint research partners and activating personnel exchange with the research institutions with which academic exchange agreements and international exchange agreements have been made. ExCELLS is working to co-create society with diverse stakeholders through the sharing of its most advanced equipment and the joint research using its unique approach.

〈連携事業等〉 Cooperative Projects, etc.

J-GlycoNet

ヒューマングライコームプロジェクト
Human Glycome Atlas Project

糖鎖生命科学連携ネットワーク型拠点
(J-GlycoNet)
Glyco Science Network (J-GlycoNet)

〈連携事業等〉 Cooperative Projects, etc.

NCU

名古屋市立大学
医学総合研究院
大学院薬学研究科・薬学部

名古屋市立大学 大学院薬学研究科・薬学部
Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Nagoya City University
名古屋市立大学 創薬基盤科学研究所
Institute of Drug Discovery Science, Nagoya City University

NMR PLATFORM

文部科学省・先端研究基盤共用促進事業
(先端研究設備プラットフォームプログラム) NMR プラットフォーム
MEXT "Project for Promoting Public Utilization of Advanced Research Infrastructure (Advanced Research Equipment Program)" NMR Platform

創薬等先端技術支援基盤プラットフォーム

Basis for Supporting Innovative Drug Discovery and Life Science Research
BINDS
日本医療研究開発機構 生命科学・創薬研究支援基盤事業 (BINDS)
AMED Basis for Supporting Innovative Drug Discovery and Life Science Research (BINDS)

■ スピン生命科学ユニット Spin Life Science Unit

文部科学省 令和5年度 共同利用・共同研究システム形成事業「学際領域展開ハブ形成プログラム」の採択課題「分子・生命・生理科学が融合した次世代新分野創成のためのスピン生命フロンティアハブの創設」の活動を実施しています。右記事業の関係機関および文部科学省・先端研究基盤共用促進事業(先端研究設備プラットフォームプログラム) NMRプラットフォームと連携しながら、多様な磁気共鳴(MR)装置と多彩な専門性を持った研究者を集約し、既存の分野に捉われない新分野「スピン生命科学」の創成を目指します。

The ExCELLS conducts activities for 'Frontier of Spin Life Sciences', which is the adopted project of the FY2023 Promotion of Development of a Joint Usage/ Research System Project: Coalition of Universities for Research Excellence Program (CURE) "Interdisciplinary Research Hub Formation Program" of the Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology (MEXT).

In cooperation with related organizations in the above projects and the NMR Platform of the Advanced Research Infrastructure Sharing Promotion Project (Advanced Research Equipment Platform Program) of MEXT, we aim to create a new field, 'spin life science,' that is not limited by existing fields.

■ 量子生命科学ユニット Quantum Life Science Unit

文部科学省 令和5年度 共同利用・共同研究システム形成事業「学際領域展開ハブ形成プログラム」の採択課題「マルチスケール量子 - 古典生命インターフェース研究コンソーシアム」の活動を実施しています。

上記事業の関係機関と連携して、物理・化学・生物の視点から、光受容タンパク質や蛍光・発光タンパク質などの多様なタンパク質と光が関わるミクロな量子過程と、マクロスケールの分子機能発現プロセスをつなぐことにより、新たな学際領域の創成を目指します。

The ExCELLS conducts activities for 'Multiscale Quantum-Classical Life Interface Research Consortium', which is the adopted project of the FY2023 Promotion of Development of a Joint Usage/ Research System Project: Coalition of Universities for Research Excellence Program (CURE) "Interdisciplinary Research Hub Formation Program" of the Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology (MEXT).

In cooperation with related organizations of the above projects, we aim to create a new interdisciplinary field, by connecting micro-quantum processes involving light and various proteins such as photoreceptor proteins, fluorescent and luminescent proteins, and macro-scale molecular function expression processes from physical, chemical and biological perspectives.

〈連携事業等〉 Cooperative Projects, etc.



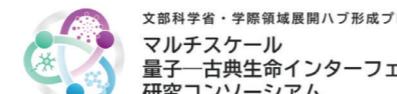
文部科学省共同利用・共同研究システム形成事業
(学際領域展開ハブ形成プログラム) スpin生命フロンティア
MEXT Promotion of Development of a Joint Usage/Research System
Project: Coalition of Universities for Research Excellence Program (CURE)
Frontier of Spin Life Sciences



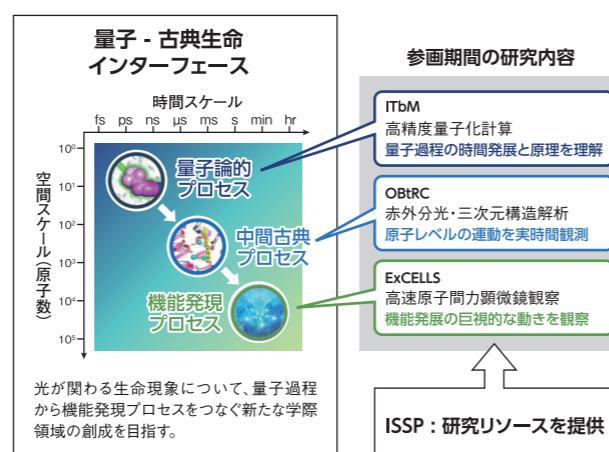
文部科学省・先端研究基盤共用促進事業
(先端研究設備プラットフォームプログラム) NMR プラットフォーム
MEXT "Project for Promoting Public Utilization of Advanced Research Infrastructure (Advanced Research Equipment Program)" NMR Platform



〈連携事業等〉 Cooperative Projects, etc.



文部科学省・学際領域展開ハブ形成プログラム
マルチスケール
量子-古典生命インターフェース
研究コンソーシアム
文部科学省共同利用・共同研究システム形成事業
(学際領域展開ハブ形成プログラム)マルチスケール量子-
古典生命インターフェース研究コンソーシアム
MEXT Promotion of Development of a Joint Usage/Research System
Project: Coalition of Universities for Research Excellence Program (CURE)
Multiscale Quantum-Classical Life Interface Research Consortium



連携協定 Collaboration Agreement

ExCELLS では、国内外の研究機関との包括的な連携協定を締結しています。

■ 名古屋市立大学 Nagoya City University



■ 海洋研究開発機構超先鋭研究開発部門 JAMSTEC Institute for Extra-cutting-edge Science and Technology Avant-garde Research (X-star)



■ アカデミアシニカ生物化学研究所(台湾) Institute of Biological Chemistry, Academia Sinica (Taiwan)



■ 慶應義塾大学先端生命科学研究所 Institute for Advanced Biosciences (IAB), Keio University



We have concluded comprehensive inter-institutional exchange agreements with external institutions.

■ ヒューマングライコームプロジェクトにおける連携・協力 Partner Institutions in the Human Glycome Atlas Project



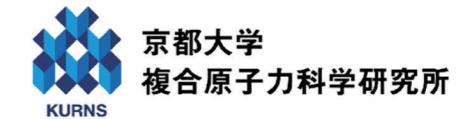
ヒューマングライコームプロジェクト
Human Glycome Atlas Project

■ 韓国科学技術院 College of Life Science and Bioengineering, Korea Advanced Institute of Science and Technology (KAIST)



Korea Advanced Institute of Science and Technology
College of Life Science and Bioengineering

■ 京都大学複合原子力科学研究所 Institute for Integrated Radiation and Nuclear Science, Kyoto University



■ マルチスケール量子-古典生命インターフェース研究コンソーシアムにおける運営協力 Partner Institutions in the Multiscale Quantum-Classical Life Interface Research Consortium



文部科学省・学際領域展開ハブ形成プログラム
マルチスケール
量子-古典生命インターフェース
研究コンソーシアム



ExCELLSでは、国内外の研究機関との学術交流、若手研究者の育成、分野を横断した研究者の意見交換を目的としたシンポジウムやセミナーなど、さまざまな活動を行っています。

■ Frontier Bioorganization Forum

韓国と台湾の研究者と研究集会を行なっています。

We have held symposiums with researchers from South Korea and Taiwan.



■ 若手研究者育成／リトリート ExCELLS Retreat for young Scientists

若手研究者が主体的に企画・実施する若手啓発事業の一つとして、ExCELLS若手リトリートを毎年度開催しています。

To encourage and empower young scientists, ExCELLS hosts Retreat for Young Scientists annually, in which young scientists also act as the planners and organizers of the event.



■ ExCELLSシンポジウム ExCELLS Symposium

多様な研究領域を包括したコミュニティに向けて研究開発成果を発信するための研究集会を実施しています。



ExCELLS regularly hosts scientific symposium for research communities encompassing a wide range of scientific research fields to communicate the recent researches.

■ 自然科学研究機構シンポジウム National Institutes of Natural Sciences Symposium

自然科学研究機構では、宇宙、エネルギー、物質、生命等に関する最先端の研究と、未来への新しい取り組みを一般公開する「自然科学研究機構シンポジウム」を開催しています。2020年度は、生命創成研究センターを紹介するシンポジウムをオンライン開催しました。



■ ExCELLS セミナー ExCELLS Seminar

萌芽的研究を発掘するための研究集会を定期的に開催しています。

We regularly hold a symposium to discover exploratory research.



■ アウトリーチ Outreach activity

地方公共団体等と協力し、定期的に科学イベント等を実施しています。

ExCELLS periodically hosts science-themed events, etc. in cooperation with municipalities and other organizations.

