
ゲノム・遺伝子相関 -新しい遺伝学分野の創成-

領域番号：3304

平成23年度～平成27年度科学研究費助成事業
(科学研究費補助金)(新学術領域研究(研究領
域提案型)」研究成果報告書

平成29年6月

領域代表者 高山 誠司

東京大学大学院農学生命科学研究科教授

<はしがき>

本新学術領域研究では、様々な分野の研究者が結集して、多様なゲノム配列が生み出す複雑な生命現象を「ゲノム・遺伝子相関」の視点から理解するという、新しいパラダイムを模索した。その結果、従来の遺伝学では説明できない複雑な生命現象の多くが、驚くほど巧妙なゲノムの進化戦略によって、すなわち、遺伝子重複、染色体変化や倍数化、シス変異、遺伝子機能の多様化、エピジェネティック制御と言った共通項を介して生み出される「ゲノム・遺伝子相関」によって説明しうるということが明らかになった。例えばそれは、植物の自他認識機構において、多様な非自己を認識する多重因子の獲得過程や、多様な対立遺伝子間の発現を制御しうるエピジェネティックな制御系の獲得過程において例を見いだすことができた。さらには、動植物の種間の生殖隔離現象や病原菌と宿主間の相互認識システムなどにおいても、雌雄ゲノム間や異種ゲノム間のコンフリクトの発生に上記共通項を介した「ゲノム・遺伝子相関」の進化が深く関わるということが理解された。本新学術領域研究では、これまでに個別に解析されてきた生命現象に関して、異なる分野の研究者がともに集結・議論し、遺伝的な協調やコンフリクトがゲノム配列上に特定の痕跡を残す例を数多く実証することができた。新しい遺伝学分野の創成に大きく寄与できたものと考えている。

研究組織

【計画研究】

領域代表者：高山 誠司	(奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科教授)
研究代表者：高山 誠司	(奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科教授)
連携研究者：東山 哲也	(名古屋大学大学院理学研究科教授)
研究代表者：木下 哲	(横浜市立大学木原生物学研究所教授)
研究分担者：河邊 昭	(京都産業大学総合生命科学部准教授)
研究代表者：松田 洋一	(名古屋大学大学院生命農学研究科教授)
研究代表者：松岡 信	(名古屋大学生命機能開発利用研究センター教授)
研究分担者：中嶋 正敏	(東京大学農学声明科学研究科准教授)
研究代表者：鈴木 剛	(大阪教育大学教育学部准教授)
研究分担者：諏訪部 圭太	(三重大学大学院生物資源学研究科准教授)
研究分担者：渡辺 正夫	(東北大学大学院生命科学研究科教授)
研究代表者：北野 潤	(国立遺伝学研究所集団遺伝研究系教授)
連携研究者：牧野 能士	(東北大学大学院生命科学研究科助教)
研究代表者：高橋 文	(首都大学東京・理工学研究科准教授)
研究分担者：長田 直樹	(国立遺伝学研究所集団遺伝研究系助教)
研究代表者：寺内 良平	(公益財団法人岩手生物工学研究センター研究部長)
研究分担者：齋藤 宏昌	(公益財団法人岩手生物工学研究センター主任研究員)

【公募研究】

- 研究代表者：Dereck BARTLEM (北海道大学農学研究院准教授)
- 連携研究者：川口 正代司 (基礎生物学研究所共生システム研究部門教授)
- 連携研究者：寿崎 拓哉 (基礎生物学研究所共生システム研究部門助教)
- 研究代表者：黒岩 麻里 (北海道大学大学院理学研究院生物科学部門准教授)
- 研究代表者：山元 大輔 (東北大学生命科学研究科教授)
- 研究代表者：藤原 徹 (東京大学農学生命科学研究科教授)
- 研究代表者：小林 一三 (東京大学大学院新領域創成科学研究科教授)
- 連携研究者：東 健 (神戸大学大学院医学研究科教授)
- 連携研究者：内山 郁夫 (基礎生物学研究所ゲノム情報研究室助教)
- 連携研究者：大崎 敬子 (杏林大学医学部感染症学准教授)
- 連携研究者：神谷 茂 (杏林大学医学部感染症学教授)
- 連携研究者：佐々木 顕 (総合研究大学院大学先導科学研究科教授)
- 連携研究者：古田 芳一 (東京大学大学院新領域創成科学研究科特任助教)
- 連携研究者：福世 真樹 (千葉大学大学院医学研究院特任助教)
- 連携研究者：矢野 大和 (東京大学大学院新領域創成科学研究科特任助教)
- 連携研究者：矢原 耕史 (久留米大学バイオ統計センター講師)
- 連携研究者：米澤 英雄 (杏林大学医学部感染症学講師)
- 研究代表者：伊藤 純一 (東京大学大学院農学生命科学研究科准教授)
- 研究代表者：小野 竜一 (国立医薬品食品衛生研究所毒性部主任研究官)
- 連携研究者：石野 史敏 (東京医科歯科大学難治疾患研究所教授)
- 研究代表者：田中 幹子 (東京工業大学大学院生命理工学研究科准教授)
- 研究代表者：藤本 龍 (神戸大学大学院農学研究科准教授)
- 研究代表者：郷 康広 (自然科学研究機構新分野創成センター特任准教授)
- 連携研究者：豊田 敦 (国立遺伝学研究所生物遺伝資源情報総合センター特任准教授)
- 研究代表者：佐伯 和彦 (奈良女子大学大学院自然科学系教授)
- 研究代表者：打田 直行 (名古屋大学トランスフォーマティブ生命分子研究所特任准教授)
- 連携研究者：田坂 昌生 (奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科教授)
- 連携研究者：倉田 哲也 (奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科特任准教授)
- 連携研究者：森田 美代 (名古屋大学大学院生命農学研究科教授)
- 研究代表者：新美 輝幸 (基礎生物学研究所進化発生研究部門教授)
- 研究代表者：金岡 雅浩 (名古屋大学大学院理学研究科助教)
- 研究協力者：清水 健太郎 (チューリッヒ大学進化生物環境学研究所教授)
- 研究代表者：植田 美那子 (名古屋大学トランスフォーマティブ生命分子研究所特任講師)
- 連携研究者：梅田 正明 (奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科教授)
- 研究代表者：佐藤 豊 (名古屋大学大学院生命農学研究科准教授)
- 連携研究者：鈴木 孝征 (中部大学応用生物学部応用生物化学科講師)
- 研究代表者：河野 洋治 (奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科客員准教授)
- 研究代表者：岡崎 拓 (徳島大学疾患プロテオゲノム研究センター教授)
- 連携研究者：岡崎 一美 (徳島大学疾患プロテオゲノム研究センター助教)
- 研究代表者：村井 耕二 (福井県立大学生物資源学部教授)
- 研究代表者：辻 寛之 (横浜市立大学木原生物学研究所講師)
- 研究代表者：佐渡 敬 (近畿大学農学部バイオサイエンス学科教授)
- 研究代表者：岡本 龍史 (首都大学東京大学院理工学研究科教授)

研究代表者：矢野 健太郎 (明治大学農学部准教授)
 研究代表者：玉田 洋介 (基礎生物学研究所生物進化研究部門助教)
 連携研究者：木村 宏 (東京工業大学生命理工学研究科教授)
 連携研究者：重信 秀治 (基礎生物学研究所生物機能解析センター特任准教授)
 連携研究者：榊原 恵子 (金沢大学学際科学実験センター協力研究員)
 連携研究者：長谷部 光泰 (基礎生物学研究所生物進化研究部門教授)
 研究代表者：金 鍾明 (理化学研究所環境資源科学研究センター研究員)
 研究代表者：隅山 健太 (理化学研究所生命システム研究センターユニットリーダー)
 連携研究者：岡田 康志 (理化学研究所生命システム研究センターチームリーダー)
 研究代表者：岡(木曾) 彩子 (情報・システム研究機構新領域融合研究センタープロジェクト研究員)
 研究代表者：川崎 努 (近畿大学農学部教授)
 研究代表者：沼田 興治 (理化学研究所バイオリソースセンター開発研究員)

交付決定額(配分額)

(金額単位：千円)

	直接経費				間接経費	合計
	総括班	計画研究班	公募研究班	計		
平成 23 年	21,100	238,400	0	259,500	77,850	337,350
平成 24 年	13,000	127,400	111,800	252,200	75,660	327,860
平成 25 年	13,100	146,200	102,800	262,100	78,630	340,730
平成 26 年	12,400	128,300	100,000	240,700	72,210	312,910
平成 27 年	12,400	128,300	100,000	240,700	72,210	312,910
総計	72,000	768,600	414,600	1,255,200	376,560	1,631,760

研究発表

(1) 英文論文発表

平成 23 年度

Iwano, M., and Takayama, S. Self/non-self discrimination in angiosperm self-incompatibility. **Curr. Opin. Plant Biol.** 15: 78–83 (2012).

Kondo, M., Yoshida, Y., Miyata, C., Fujiwara, S., Nakajima, Y., Hirai, H., Takayama, S., Isogai, A., and Che, F.-S. Genetic organization of the hrp gene cluster in *Acidovorax avenae* strain N1141 and a novel effector protein that elicits immune responses in rice (*Oryza sativa* L.).

Biosci. Biotechnol. Biochem. 76: 129–138 (2012).

Shiba, H., and Takayama, S. Epigenetic regulation of monoallelic gene expression. **Develop. Growth Differ.** 54: 120–128 (2012).

Tarutani, Y., and Takayama, S. Monoallelic gene expression and its mechanisms. **Curr. Opin. Plant Biol.** 14: 608–613 (2011).

Hirai, H., Takai, R., Iwano, M., Nakai, M., Kondo, M., Takayama, S., Isogai, A., and Che, F.-S. Glycosylation regulates specific induction of rice immune responses by *Acidovorax avenae* flagellin. **J. Biol. Chem.** 286: 25519–25530 (2011).

Ikeda, Y., Kinoshita, Y., Susaki, D., Ikeda, Y., Iwano, M., Takayama, S., Higashiyama, T., Kakutani, T., and Kinoshita, T. HMG domain containing SSRP1 is required for DNA demethylation and genomic imprinting in *Arabidopsis*. **Dev. Cell** 21: 589–596 (2011).

Yoshido, A., Sahara, K., Marec, F., Matsuda, Y. Step-by-step evolution of neo-sex chromosomes in geographical populations of wild silkworm, *Samia cynthia* ssp. **Heredity** 106: 614–624 (2011).

Suda, M., Uno, Y., Mori, Y., Matsuda, Y., Nakamura, M. Molecular cytogenetic characterization of telomere-specific repetitive DNA sequences in *Rana rugosa*. **J. Exp. Zool. A. Ecol. Genet. Physiol.** 315: 222–231 (2011).

Kuroiwa, A., Handa, S., Nishiyama, C., Chiba, E., Yamada, F., Abe, S., and Matsuda, Y. Additional copies of *CBX2* in the genomes of males of mammals lacking *SRY*, the Amami Spiny rat (*Tokudaia osimensis*) and the Tokunoshima spiny rat (*Tokudaia tokunoshimensis*). **Chromosome Res.** 19: 635–644 (2011).

Srikulnath, K., Uno, Y., Matsubara, K., Thongpan, A., Suputtitada, S., Apisitwanich, S., Nishida, C., and Matsuda, Y. Chromosomal localization of 18S-28S and 5S rRNA genes and (TTAGGG)_n sequences of butterfly lizards (*Leiolepis belliana elliana* and *Leiolepis boehmei*, Agamidae, Squamata). **Genet. Mol. Biol.** 34: 582–586 (2011).

Shimokawa, K., Kimura-Yoshida, C., Nagai, N., Mukai, K., Matsubara, K., Watanabe, H. Matsuda, Y., Mochida, K., and Matsuo, I. Cell surface heparin sulfate chains regulate local

reception of FGF signaling in the mouse embryo. **Dev. Cell** 21: 257–272 (2011).

Yoshida, K., Terai, Y., Mizoiri, S., Aibara, M., Nishihara, H., Kuroiwa, A., Hirai, H., Hirai, Y., Matsuda, Y., and Okada, N. B chromosomes have a functional effect on female sex determination in Lake Victoria cichlid fishes. **PLoS Genet.** 7: e1002203 (2011).

Suda, M., Uno, Y., Fujii, J., Matsuda, Y., and Nakamura, M. Isolation and characterization of the CYP17A1 gene and its processed pseudogene in *Rana rugosa*. **Comp. Biochem. Physiol. B Biochem. Mol. Biol.** 160: 54–61 (2011).

Aya, K., Hiwatashi, Y., Kojima, M., Sakakibara, H., Ueguchi-Tanaka, M., Hasebe, M., and Matsuoka, M. The Gibberellin perception system evolved to regulate a pre-existing GAMYB-mediated system during land plant evolution. **Nat. Commun.** 2: 544 (2011).

Hirano, K., Aya, K., Matsuoka, M., and Ueguchi-Tanaka, M. Molecular determinants that convert hormone sensitive sipase into gibberellin receptor. **Protein Pept. Lett.** 19: 180–185 (2011).

Hirano, K., Aya, K., Kondo, M., Okuno, A., Morinaka, Y., and Matsuoka, M. *OscAD2* is the major CAD gene responsible for monolignol biosynthesis in rice culm. **Plant Cell Rep.** 31: 91–101 (2011).

Asano, K., Yamasaki, M., Takuno, S., Miura, K., Katagiri, S., Ito, T., Doi, K., Wu, J., Ebana, K., Matsumoto, T., Innan, H., Kitano, H., Ashikari, M., and Matsuoka, M. Artificial selection for a green revolution gene during japonica rice domestication. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA.** 108: 11034–11039. (2011).

Miura, K., Ashikari, M., and Matsuoka, M. The role of QTLs in the breeding of high-yielding rice. **Trends Plant Sci.** 16: 319–326 (2011).

Aya, K., Suzuki, G., Suwabe, K., Hobo, T., Takahashi, H., Shiono, K., Tsutsumi, N., Nakazono, M., Nagamura, Y., Matsuoka, M., and Watanabe, M. Comprehensive network analysis of anther-expressed genes in rice by the combination of 33 laser microdissection and 143 spatiotemporal microarrays. **PLoS ONE** 6: e26162 (2011).

Hamada, K., Hongo, K., Suwabe, K., Nagayama, T., Abe, R., Shimizu, A., Yamamoto, N.,

Fujii, T., Sano, K., Kikuchi, S., Mochizuki, T., Oki, N., Horiuchi, Y., Fujita, M., Watanabe, M., Matsuoka, M., Kurata, N., Yano, K. OryzaExpress: An integrated database of omics information and gene expression networks in rice. **Plant Cell Physiol.** 52: 220–229 (2011).

Oshino, T., Miura, S., Kikuchi, S., Hamada, K., Yano, K., Watanabe, M., Higashitani, A. Auxin depletion in barley plants under high temperature conditions represses DNA proliferation in organelles and nuclei via transcriptional alterations. **Plant Cell Environ.** 34: 284–290 (2011).

Takahashi, M., Teranishi, M., Ishida, H., Kawasaki, J., Takeuchi, A., Yamaya, T., Watanabe, M., Makino, A., and Hidema, J. CPD photolyase repairs ultraviolet-B-induced CPDs in rice chloroplast and mitochondrial DNA. **Plant J.** 66: 433–442 (2011).

Koltunow, A.M.G., Johnson, S.D., Rodrigues, J.C.M., Okada, T., Hu, Y., Tsuchiya, T., Wilson, S., Fletcher, P., Ito, K., Suzuki, G., Mukai, Y., Fehrer, J. and Bicknell, R.A. Sexual reproduction is the default mode in apomictic Hieracium subgenus Pilosella where two dominant loci function to enable apomixis. **Plant J.** 66: 890–902 (2011).

Nagaki, K., Shibata, F., Suzuki, G., Kanatani, A., Ozaki, S., Hironaka, A., Kashihara, K., and Murata, M. Coexistence of NtCENH3 and two retrotransposons in tobacco centromeres. **Chromosome Res.** 19: 591–605 (2011).

Okada, T., Ito, K., Johnson, S.D., Oelkers, K., Suzuki, G., Houben, A., Mukai, Y., and Koltunow, A.M.G. Chromosomes carrying meiotic avoidance loci in three apomictic eudicot *Hieracium* subgenus *Pilosella* species share structural features with two monocot apomicts. **Plant Physiol.** 157: 1327–1341 (2011).

Suzuki, G., Wada, H., Goto, H., Nakano, A., Oba, H., Deno, T., Rahman, S., and Mukai, Y. Transgenic rice plants harboring the grain hardness-locus region of *Aegilops tauschii*. **Plant Cell Rep.** 30: 2293–2301 (2011).

Suzuki, G., Ogaki, Y., Hokimoto, N., Xiao, L., Kikuchi-Taura, A., Harada, C., Okayama, R., Tsuru, A., Onishi, M., Saito, N., Do, G.S., Lee, S.H., Ito, T., Kanno, A., Yamamoto, M., and Mukai, Y. Random BAC FISH of monocot plants reveals differential distribution of repetitive DNA elements in small and large chromosome species. **Plant Cell Rep.** 31: 621–628 (2011).

Takahashi, A., Fujiwara-Tsuji, N., Yamaoka, R., Itoh, M., Ozaki, M. and Takano-Shimizu, T.

Cuticular hydrocarbon content that affects male mate preference of *Drosophila melanogaster* from West Africa. **Int. J. Evol. Biol.** 2012: 278903 (2012).

Huang, C.-L., Hung, C.-Y., Chiang, Y.-C., Hwang, C.-C., Hsu, T.-W., Huang, C.-C., Hung, K.-H., Tsai, K.-C., Wang, K.-H., Osada, N., Schaal, B. A., and Chiang, T.-Y. Footprints of natural and artificial selection for photoperiod pathway genes in *Oryza*. **Plant J.** 70: 769–782 (2012).

Takahashi, A. and Takano-Shimizu, T. Divergent enhancer haplotype of *ebony* on inversion *In(3R)Payne* associated with pigmentation variation in a tropical population of *Drosophila melanogaster*. **Mol. Ecol.** 20: 4277–4287 (2011).

Osada, N., and Akashi, H. Mitochondrial-nuclear interactions and accelerated compensatory evolution: Evidence from the primate cytochrome c oxidase complex. **Mol. Biol. Evol.** 29: 337–346 (2011).

Uno, Y., and Osada, N. CpG site degeneration triggered by the loss of functional constraint created a highly polymorphic macaque drug-metabolizing gene, *CYP1A2*. **BMC Evol. Biol.** 11: 283 (2011).

Osada, N. Phylogenetic inconsistency caused by ancient sex-biased migration. **PLoS ONE** 6: e25549 (2011).

Abe, A., Kosugi, S., Yoshida, K., Natsume, S., Takagi, H., Kanzaki, H., Matsumura, H., Yoshida, K., Mitsuoka, C., Tamiru, M., Innan, H., Cano, L., Kamoun, S., and Terauchi, R. Genome sequencing reveals agronomically-important loci in rice using MutMap. **Nat. Biotechnol.** 30: 174–178 (2011).

Okazaki, I.-M., Okawa, K., Kobayashi, M., Yoshikawa, K., Kawamoto, S., Nagaoka, H., Shinkura, R., Kitawaki, Y., Taniguchi, H., Natsume, T., Iemura, S., Honjo, T. Histone chaperone Spt6 is required for class switch recombination but not somatic hypermutation. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA.** 108: 7920–7925 (2011).

Iwashita, S., and Osada, N. Bucentaur (Bcnt) Gene Family: Gene Duplication and Retrotransposon Insertion. In: **Gene Duplication**. Friedberg, F. Eds., InTech pp.383-400 (2011).

Suzuki, A., Suwabe, K., and Yano, K. The use of omics databases for plants. In: **Sustainable agriculture and new biotechnologies**. Benkeblia, N. Eds., CRC Press, pp.1–22 (2011).

Kitano, J., Kawagishi, Y., Mori, S., Peichel, C.L., Makino, T., Kawata, M., and Kusakabe, M. Divergence in sex steroid hormone signaling between sympatric species of Japanese threespine stickleback. **PLoS ONE** 6: e29253 (2011).

Kitano, J. Mori, S., and Peichel, C.L. Reduction of sexual dimorphism in stream-resident forms of threespine stickleback (*Gasterosteus aculeatus* L.). **J. Fish Biol.** 80: 131-146 (2012).

Kitano, J., and Peichel, C.L. Turnover of sex chromosomes and speciation in fishes. **Environ. Biol. Fishes** 94: 549–558 (2012).

平成 24 年度

Iwano, M., Ngo, Q.A., Entani, T., Shiba, H., Nagai, T., Miyawaki, A., Isogai, A., Grossniklaus, U., and Takayama, S. Cytoplasmic Ca²⁺ changes dynamically during the interaction of the pollen tube with synergid cells. **Development** 139: 4202–4209 (2012).

Lai, K.-S., Kaothien-Nakayama, P., Iwano, M., and Takayama, S. A TILLING resource for functional genomics in *Arabidopsis thaliana* accession C24. **Genes Genet. Syst.**, 87: 291–297 (2012).

Tsukahara, S., Kawabe, A., Kobayashi, A., Ito, T., Aizu, T., Shin-i, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Tarutani, Y., and Kakutani, T. Centromere-targeted de novo integrations of an LTR retrotransposon of *Arabidopsis lyrata*. **Genes Dev.** 26: 705–713 (2012).

Kinoshita, T., and Jacobsen, S.E. Opening the door to epigenetics in PCP. **Plant Cell Physiol.** 53:763–765 (2012).

Takehana, Y., Naruse, K., Asada, Y., Matsuda, Y., Shin-I, T, Kohara, Y., Fujiyama, A., Hamaguchi, S., and Sakaizumi, M. Molecular cloning and characterization of the repetitive DNA sequences that comprise the constitutive heterochromatin of the W chromosomes in the medaka fishes. **Chromosome Res.** 20: 71–81 (2012).

Kawagoshi, T., Nishida, C., and Matsuda, Y. The origin and differentiation process of X and Y chromosomes of the black marsh turtle (*Siebenrockiella crassicolis*, Geoemydidae, Testudines).

Chromosome Res. 20: 95–110 (2012).

Murata, C., Yamada, F., Kawauchi, N., Matsuda, Y., Kuroiwa, A. The Y chromosome of Okinawa spiny rat, *Tokudaia muenninki*, avoided a crisis of loss by fusion with autosome. **Chromosome Res.** 20: 111–125 (2012).

Yoshimura, K., Kinoshita, K., Mizutani, M., Matsuda, Y., and Saito, N. Inheritance and developmental pattern of cerebral hernia in the crested Polish chicken. **J. Exp. Zool. B Mol. Dev. Evol.** 318: 613–620 (2012).

Matsubara, K., Kuraku, S., Tarui, H., Nishimura, O., Nishida, C., Agata, K., Kumazawa, Y., and Matsuda, Y. Intra-genomic GC heterogeneity in sauropsids: evolutionary insights from cDNA mapping and GC₃ profiling in snake. **BMC Genomics** 13: 604 (2012).

Uno, Y., Nishida, C., Tarui, H., Ishishita, S., Takagi, C., Nishimura, O., Ishijima, J., Ota, H., Kosaka, A., Matsubara, K., Murakami, Y., Kuratani, S., Ueno, N., Agata, K., and Matsuda, Y. Inference of the protokaryotypes of amniotes and tetrapods and the evolutionary processes of microchromosomes from comparative gene mapping. **PLoS ONE** 7: e53027 (2012).

Hirano, K., Kouketu, E., Katoh, H., Aya, K., Ueguchi-Tanaka, M., and Matsuoka, M. The suppressive function of the rice DELLA protein SLR1 is dependent on its transcriptional activation activity. **Plant J.** 71: 443–453 (2012).

Watanabe, M., Suwabe, K., and Suzuki, G. Molecular genetics, physiology and biology of self-incompatibility in Brassicaceae. **Proc. Japan Acad. Ser. B** 88: 519–535 (2012).

Suwabe, K., Suzuki, G., Nunome, T., Hatakeyama, K., Mukai, Y., Fukuoka, H., and Matsumoto, S. Microstructure of a *Brassica rapa* genome segment homoeologous to the resistance gene cluster on *Arabidopsis* chromosome 4. **Breed. Sci.** 62: 170–177 (2012).

Masamura, N., McCallum, J., Khrustaleva, L., Kenel, F., Pither-Joyce, M., Shono, J., Suzuki, G., Mukai, Y., Yamauchi, N., and Shigyo, M. Chromosomal organization and sequence diversity of genes encoding lachrymatory factor synthase in *Allium cepa* L. **G3** 2: 643–651 (2012).

Ito-Inaba, Y., Masuko, H., Watanabe, M., and Inaba, T. Isolation and gene expression analysis of a papain-type cysteine protease in thermogenic skunk cabbage (*Symplocarpus renifolius*). **Biosci. Biotechnol. Biochem.** 76: 1990–1992 (2012).

Suzuki, G., Nishiuchi, C., Tsuru, A., Kako, E., Li, J., Yamamoto, M., and Mukai, Y. Cellular localization of mitotic RAD21 with repetitive amino acid motifs in *Allium cepa*. **Gene** 514: 75–81 (2013).

Nishimura, A., Ishida, Y., Takahashi, A., Okamoto, H., Sakabe, M., Itoh, M., Takano-Shimizu, T., and Ozaki, M. Starvation-induced elevation of taste responsiveness and expression of a sugar taste receptor gene in *Drosophila melanogaster*. **J. Neurogenet.** 26: 206–215 (2012).

Akashi, H., Osada, N., and Ohta, T. Weak selection and protein evolution. **Genetics** 192: 15–31 (2012).

Higashino, A., Sakate, R., Kameoka, Y., Takahashi, I., Hirata, M., Tanuma, R., Masui, T., Yasutomi, Y., and Osada, N. Whole-genome sequencing and analysis of the Malaysian cynomolgus macaque (*Macaca fascicularis*) genome. **Genome Biol.** 13: R58 (2012).

Huang, C.-C., Hung, K.-H., Wang, W.-K., Huang, C.-L., Hsu, T.-W., Osada, N., Hwang, C.-C., and Chiang, T.-Y. Evolutionary rates of commonly used nuclear and organelle markers of *Arabidopsis* relatives (Brassicaceae). **Gene**, 499: 194–201 (2012).

Nomiyama, H., Osada, N., and Yoshie, O. Systematic classification of vertebrate chemokines based on conserved synteny and evolutionary history. **Genes Cells** 18: 1–16 (2013).

Kanzaki, H., Yoshida, K., Saitoh, H., Fujisaki, K., Hirabuchi, A., Alaux, L., Fournier, E., Tharreau, D., and Terauchi, R. Arms race co-evolution of *Magnaporthe oryzae* AVR-Pik and rice Pik genes driven by their physical interactions. **Plant J.** 72: 894–907 (2012).

Saitoh, H., Fujisawa, S., Mitsuoka, C., Ito, A., Hirabuchi, A., Ikeda, K., Irieda, H., Yoshino, K., Yoshida, K., Matsumura, H., Tosa, Y., Win, J., Kamoun, S., and Terauchi, R. Large-scale gene disruption in *Magnaporthe oryzae* identifies MC69, a secreted protein required for infection by monocot and dicot fungal pathogens. **PLoS Pathog.** 8: e1002711 (2012).

Terauchi, R., Abe, A., Takagi, H., Yoshida, K., Kosugi, S., Natsume, S., Yaegashi, H., Kanzaki, H., Matsumura, H., Mitsuoka, C., Utsushi, H., and Tamiru, M. Whole genome sequencing and future breeding of rice. **J. Plant Biochem. Biotechnol.** 21: S10–S14 (2012).

Undan, J.R., Tamiru, M., Abe, A., Yoshida, K., Kosugi, S., Takagi, H., Yoshida, K., Kanzaki, H., Saitoh, H., Fekih, R., Sharma, S., Undan, J., Yano, M., and Terauchi, R. Mutation in *OsLMS*, a gene encoding a protein with two double-stranded RNA binding motifs, causes lesion mimic phenotype and early senescence in rice (*Oryza sativa* L.) **Genes Genet. Syst.** 87: 169–179 (2012).

Takagi, H., Abe, A., Yoshida, K., Kosugi, S., Natsume, S., Mitsuoka, C., Uemura, A., Utsushi H., Tamiru, M., Takuno, S., Innan, H., Cano, L., Kamoun, S., Terauchi, R. QTL-seq: Rapid mapping of quantitative trait loci in rice by whole genome resequencing of DNA from two bulked populations. **Plant J.** 74: 174–183 (2013).

Furukawa, Y., and Kobayashi, I. Mobility of DNA sequence recognition domains in DNA methyltransferases suggests epigenetics-driven adaptive evolution. **Mob. Genet. Elements** 2: 292–296 (2012).

Uchiyama, I., Mihara, M., Nishide, H., Chiba, H. MGD update 2013: the microbial genome database for exploring the diversity of microbial world. **Nucleic Acids Res.**, 41: D631–D635 (2013).

Furuta, Y., and Kobayashi, I. Movement of DNA sequence recognition domains between non-orthologous proteins. **Nucleic Acids Res.**, 40: 9218–9232 (2012).

Handa, N., Yang, L., Dillingham, M.S., Kobayashi, I., Wigley, D.B., and Kowalczykowski, S.C. Molecular determinants responsible for recognition of the single-stranded DNA regulatory sequence, χ , by RecBCD enzyme. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA.** 109: 8901–8906 (2012).

Yahara, K., Kawai, M., Furuta, Y., Takahashi, N., Handa, N., Tsuru, T., Oshima, K., Yoshida, M., Azuma, T., Hattori, M., Uchiyama, I., and Kobayashi, I. Genome-wide survey of mutual homologous recombination in a highly sexual bacterial species. **Genome Biol. Evol.** 4: 628–640 (2012).

Lim, K., Furuta, Y., and Kobayashi, I. Large variations in bacterial ribosomal RNA genes. **Mol. Biol. Evol.** 29: 2937–2948 (2012).

Kim, S.H., Oikawa, T., Kyojuka J., Wong, H.L., Umemura, K., Kishi-Kaboshi, M., Takahashi, A., Kawano, Y., Kawasaki, T., and Shimamoto, K. The bHLH Rac Immunity1 (RAI1) Is

Activated by OsRac1 via OsMAPK3 and OsMAPK6 in Rice Immunity. **Plant Cell Physiol.** 53: 740–754 (2012).

Wamaitha, M.J., Yamamoto, R., Wong, H.L., Kawasaki, T., Kawano, Y., and Shimamoto, K. OsRap2.6 transcription factor contributes to rice innate immunity through its interaction with Receptor for Activated Kinase-C 1 (RACK1). **Rice** 5: 35 (2012).

Kaneko-Kawano, T., Takasu, F., Naoki, H., Sakumura, Y., Ishii, S., Ueba, T., Eiyama, A., Okada, A., Kawano, Y., and Suzuki, K. Dynamic regulation of myosin light chain phosphorylation by Rho-kinase. **PLoS ONE.** 7: e39269 (2012).

Horii, Y., Nogami, S., Kawano, Y., Kaneko-Kawano, T., Ohtomo, N., Tomiya, T., and Shirataki, H. Interaction of α -taxilin localized on intracellular components with the microtubule cytoskeleton. **Cell Struct. Funct.** 37: 111–126 (2012).

Uchida, N., Lee, J.S., Horst, R.J., Lai, H.H., Kajita, R., Kakimoto, T., Tasaka, M., and Torii, K.U. Regulation of inflorescence architecture by intertissue layer ligand-receptor communication between endodermis and phloem. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA.** 109: 6337–6342 (2012).

Osawa, M., Hosoda, N., Nakanishi, T., Uchida, N., Kimura, T., Imai, S., Machiyama, A., Katada, T., Hoshino, S., and Shimada, I. Biological role of the two over-lapping poly(A)-binding protein interacting motifs 2 (PAM2) of eukaryotic releasing factor eRF3 in mRNA decay. **RNA** 18: 1957–1967 (2012).

Uchida, N., Shimada, M., and Tasaka, M. Modulation of the balance between stem cell proliferation and consumption by ERECTA-family genes. **Plant Signal. Behav.** 7, 1506–1508 (2012).

Uchida, N., Shimada, M., and Tasaka, M. ERECTA-family receptor kinases regulate stem cell homeostasis via buffering its cytokinin responsiveness in the shoot apical meristem. **Plant Cell Physiol.** 54: 343–351 (2013).

Lee, J.S., Kuroha, T., Hnilova, M., Khatayevich, D., Kanaoka, M.M., McAbee, J.M., Sarikaya, M., Tamerler, C., and Torii, K.U. Direct interaction of ligand-receptor pairs specifying stomatal patterning. **Genes Dev.** 26: 126–136 (2012).

Xie, B., Deng, Y., Kanaoka, M.M., Okada, K., and Hong, Z. Expression of *Arabidopsis* callose synthase 5 results in callose accumulation and cell wall permeability alteration. **Plant Sci.** 183: 1–8 (2012).

Nishida, S., Takakura, K.-I., Nishida, T., Matsumoto, T., and Kanaoka, M.M. Differential effects of reproductive interference by an alien congener on native *Taraxacum* species. **Biol. Invasions** 14: 439–447 (2012).

Tsuchimatsu, T., Kaiser, P., Yew, C.-L., Bachelier, J., and Shimizu, K.K. Recent loss of self-incompatibility by degradation of the male component in allotetraploid *Arabidopsis kamchatica*. **PLoS Genet.** 8: e1002838 (2012).

de la Chaux, N., Tsuchimatsu, T., Shimizu, K.K., and Wagner, A. The predominantly selfing plant *Arabidopsis thaliana* experienced a recent reduction in transposable element abundance compared to its outcrossing relative *Arabidopsis lyrata*. **Mobile DNA** 3: 2 (2012).

Aoki, K., Ogata, Y., Igarashi, K., Yano, K., Nagasaki, H., Kaminuma, E., and Toyoda, A. Functional genomics of tomato in a post-genome-sequencing phase. **Breeding Sci.** 63: 14–20 (2013).

Asamizu, E., Shirasawa, K., Hirakawa, H., Sato, S., Tabata, S., Yano, K., Ariizumi, T., Shibata, D., and Ezura, H. Mapping of Micro-Tom BAC-end sequences to the reference tomato genome reveals possible genome rearrangements and polymorphisms. **Int. J. Plant Genom.** 2012: 437026 (2012).

Mounet, F., Moing, A., Kowalczyk, M., Rohrmann, J., Petit, J., Garcia, V., Maucourt, M., Yano, K., Deborde, C., Aoki, K., Bergès, H., Granell, A., Fernie, A.R., Bellini, C., Rothan, C., and Lemaire-Chamley, M. Down-regulation of a single auxin efflux transport protein in tomato induces precocious fruit development. **J. Exp. Bot.** 63: 4901–4917 (2012).

Sato, T., ----, Yano, K., ----, and Gianese, G. (The Tomato Genome Consortium: 317 Collaborators) The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. **Nature** 485: 635–641 (2012).

Habu, T., Yamane, H., Igarashi, K., Hamada, K., Yano, K., and Tao, R. 454-pyrosequencing of the transcriptome in leaf and flower buds of Japanese apricot (*Prunus mume Sieb. et Zucc.*) at different dormant stages. **J. Jap. Soc. Hort. Sci.** 81: 239–250 (2012).

Manickavelu, A., Kawaura, K., Oishi, K., Shin-I, T., Kohara, Y., Yahiaoui, N., Keller, B., Abe, R., Suzuki, A., Nagayama, T., Yano, K., and Ogihara, Y. Comprehensive functional analyses of expressed sequence tags in common wheat (*Triticum aestivum*). **DNA Res.** 19: 165–177 (2012).

Sakakibara, K., Ando, S., Yip, H.K., Tamada, Y., Hiwatashi, Y., Murata, T., Deguchi, H., Hasebe, M., and Bowman, J.L. *KNOX2* genes regulate the haploid to diploid morphological transition in land plants. **Science** 339: 1067–1070 (2013).

Eberhart, A., Kimura, H., Leonhardt, H., Joffe, B., and Solovei, I. Reliable detection of epigenetic histone marks and nuclear proteins in tissue cryosections. **Chromosome Res.** 20: 849–858 (2012).

Kubiura, M., Okano, M., Kimura, H., Kawamura, F., and Tada, M. Heterochromatin restricts 5mC to 5hmC conversion to euchromatin. **Chromosome Res.** 20: 837–848 (2012).

Sumiyama, K., Miyake, M., Grimwood, J., Stuart, A., Dickson, M., Schmutz, J., Ruddle, F.H., Myers, R.M., and Amemiya, C.T. Theria-specific homeodomain and cis-regulatory element evolution of the *Dlx3-4* bigene cluster in 12 different mammalian species. **J. Exp. Zool. B Mol. Dev. Evol.** 318: 639–650 (2012).

Nakanishi, A., Kobayashi, N., Suzuki-Hirano, A., Nishihara, H., Sasaki, S., Mika Hirakawa, Sumiyama, K., Shimogori, T., and Okada, N. A SINE-Derived Element Constitutes a Unique Modular Enhancer for Mammalian Diencephalic *Fgf8*. **PLoS ONE** 7: e43785 (2012).

Iwamoto, S., Kido, M., Aoki, N., Nishiura, H., Maruoka, R., Ikeda, A., Okazaki, T., Chiba, T., and Watanabe, N. TNF- α is essential in the induction of fatal autoimmune hepatitis in mice through upregulation of hepatic CCL20 expression. **Clin. Immunol.** 146: 15–25 (2013).

Chikuma, S., Suita, N., Okazaki, I.-M., Shibayama, S., and Honjo, T. TRIM28 prevents autoinflammatory T cell development *in vivo*. **Nat. Immunol.** 13: 596–603 (2012).

Hayakawa, T., Sugawara, T., Go, Y., Udono, T., Hirai, H., Imai, H. Eco-geographical diversification of bitter taste receptor genes (*TAS2Rs*) among subspecies of chimpanzees (*Pan troglodytes*). **PLoS ONE** 7: e43277 (2012).

Kim, J.M., To, T.K., Matsui, A., Ishida, J., and Seki, M. Transition of chromatin status during the process of recover from drought stress in *Arabidopsis thaliana*. **Plant Cell Physiol.** 53: 847–856 (2012).

Kim, J.M., To, T.K., and Seki, M. An epigenetic integrator: New insight into genome regulation, environmental stress responses and developmental controls by HISTONE DEACETYLASE 6. **Plant Cell Physiol.** 53: 794–800 (2012).

Kasai-Maita, H., Hirakawa, H., Nakamura, Y., Kaneko, T., Miki, K., Maruya, J., Okazaki, S., Tabata, S., Saeki, K., and Sato, S. Commonalities and Differences among Symbiosis Islands of Three *Mesorhizobium loti* Strains. **Microbes Environ.** 28: 275–278 (2013).

Yamaguchi, K., Nakamura, Y., Ishikawa, K., Yoshimura, Y., Tsuge, S, and Kawasaki, T. (2013) Suppression of rice immunity by the *Xanthomonas oryzae* type III effector Xoo2875. **Biosci. Biotechnol. Biochem.** 77: 796–801 (2013).

Kawasaki, T., Yamaguchi, K., Ishikawa, K., Yoshimura, S., Yamada, K., and Yoshimura, Y. Rice PAMPs-triggered immunity targeted by pathogen effectors. **Proc. 47th PSJ Plant-Microbe Interact. Sympo.** 47: 23–32 (2012).

Kitagawa, S., Shimada, S., and Murai, K. Effect of *Ppd-1* on the expression of flowering-time genes in vegetative and reproductive growth stages in wheat. **Genes Genet. Syst.** 87: 161–168 (2012).

Yamamoto, M., Shitsukawa, N., Yamada, M., Kato, K., Takumi, S., Kawaura, K., Ogihara, Y., and Murai, K. Identification of a novel homolog for a calmodulin-binding protein that is upregulated in alloplasmic wheat showing pistillody. **Planta** 237: 1001–1013 (2013).

Tanaka, M. and Onimaru, K. Acquisition of the paired fins: a view from the sequential evolution of the lateral plate mesoderm. **Evol. Dev.** 14: 412–420 (2012).

Tanaka, M. Molecular and evolutionary basis of limb field specification and limb initiation. **Dev.**

Growth Differ. 55: 149–163 (2013).

Fujimoto, R., Taylor, J.M., Shirasawa, S., Peacock, W.J., and Dennis, E.S. Heterosis of *Arabidopsis* hybrids between C24 and Col is associated with increased photosynthesis capacity. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 109: 7109–7114 (2012).

Kawanabe, T., Fujimoto, R., Sasaki, T., Taylor J.M., and Dennis, E.S. A comparison of transcriptome and epigenetic status between closely related species in the genus *Arabidopsis*. **Gene** 506: 301–309 (2012).

Osabe, K., Kawanabe, T., Sasaki, T., Ishikawa, R., Okazaki, K., Dennis, E.S., Kazama, T., and Fujimoto, R. Multiple mechanisms and challenges for the application of allopolyploidy in plants. **Int. J. Mol. Sci.** 13: 8696–8721 (2012).

Fujimoto, R., Sasaki, T., Ishikawa, R., Osabe, K., Kawanabe, T., and Dennis, E.S. Molecular mechanisms of epigenetic variation in plants. **Int. J. Mol. Sci.** 13: 9900–9922 (2012).

Kaneko-Ishino, T., and Ishino, F. The role of genes domesticated from LTR retrotransposons and retroviruses in mammals. **Front. Microbiol.** 3: 262 (2012).

Osada, N. An overview of transcriptome studies in nonhuman primates. In: **Post genome Biology of primates (Primate monographs)**. Go, Y., Imai, H., and Hirai, H. Eds., Springer-Verlag, pp9-22 (2012).

Furuta, Y., and Kobayashi, I. Restriction-modification systems as mobile epigenetic elements. In: **Bacterial Integrative Mobile Genetic Elements**. Roberts, A.P., and Mullany, P. Eds., Landes Bioscience, pp85-103 (2013).

Oka, A., and Shiroishi, T. The role of the X chromosome in house mouse speciation. In: **Evolution of the house mouse**. Cambridge university press, pp.431-454 (2012).

Huffman, MA., Nakagawa, N., Go, Y., Imai, H., and Tomonaga, M. **Monkeys, Apes, and Humans. -Primate in Japan-**. Springer-Verlag (2012).

Hirai, H., Imai, H., and Go, Y. **Post-Genome Biology of Primates**. Springer-Verlag (2012).

Kim, J.M., Endo, T.A., To K.T., Matsui, A., Fiona, C. Robertson., et al. Highly-reproducible ChIP-on-chip analysis to identify genome-wide protein binding and chromatin status in *Arabidopsis thaliana*. In: **Methods in Molecular Biology; The Arabidopsis Protocols, 3rd edition**. Salinas, J., and Sanchez-Serrano, J.J. Eds., Humana Press. pp.405-426 (2014).

Ueda M. and Laux, T. The origin of the plant body axis. **Curr. Opin. Plant Biol.** 15: 578-584 (2012).

Osabe, K., Sasaki, T., Ishikawa, R., and Fujimoto, R. The role of DNA methylation in plants. In: **DNA methylation: Principles, Mechanisms and Challenges**. Tatarinova, T.V., and Sablok, G. Eds., Nova Science Publisher. pp.35-66 (2013).

Yoshida, K., and Kitano, J. The contribution of female meiotic drive to the evolution of neo-sex chromosomes. **Evolution** 66: 3198-3208 (2012).

Adachi, T., Ishikawa, A., Mori, S., Makino, W., Kume, M., Kawata, M., and Kitano, J. Shifts in morphology and diet of non-native sticklebacks introduced into Japanese crater lakes. **Ecol. Evol.** 2:1083-1098 (2012).

Kitano, J., Ishikawa, A., Kume, M. and Mori, S. Physiological and genetic basis for variation in migratory behavior in the three-spined stickleback, *Gasterosteus aculeatus*. **Ichthyol. Res.** 59: 293-303 (2012).

Ishikawa, A. and Kitano, J. Ecological genetics of thyroid hormone physiology in humans and animals. In: **Thyroid Hormones**. Agrawal, N. K. Ed. pp.37-50, InTech (2012).

Nawaz, H.M., Kylsten, P., Hamada, N., Yamamoto, D., Smith, C.I.E., and Lindvall, J.M. Differential evolutionary wiring of the tyrosine kinase Btk. **PLoS ONE** 7, e35640 (2012).

Ito, H., Sato, K., Koganezawa, M., Ote, M., Matsumoto, K., Hama, C., and Yamamoto, D. Fruitless recruits two antagonistic chromatin factors to establish single-neuron sexual dimorphism. **Cell** 149, 1327-1338 (2012).

Kohatsu, S., Koganezawa, M., and Yamamoto, D. *in vivo* optical recording of brain interneuron activities from a *Drosophila* male on a treadmill. In: **Genetically Encoded Functional Indicators**. Martin, J.-R. Ed. Humana Press Springer: New York, pp.103-112 (2012).

平成 25 年度

Takada, Y., Sato, T., Suzuki, G., Shiba, H., Takayama, S., and Watanabe, M. Involvement of MLPK pathway in intraspecies unilateral incompatibility regulated by a single locus with stigma and pollen factors. **G3** 3: 719–726 (2013).

Osaka, M., Matsuda, T., Sakazono, S., Masuko-Suzuki, H., Maeda, S., Sewaki, M., Sone, M., Takahashi, H., Nakazono, M., Iwano, M., Takayama, S., Shimizu, K.K., Yano, K., Lim, Y.P., Suzuki, G., Suwabe, K., and Watanabe, M. Cell type-specific transcriptome of Brassicaceae stigmatic papilla cells from a combination of laser microdissection and RNA sequencing. **Plant Cell Physiol.** 54: 1894–1906 (2013).

Lao, X., Suwabe, K., Niikura, S., Kakita, M., Iwano, M., and Takayama, S. Physiological and genetic analysis of CO₂-induced breakdown of self-incompatibility in *Brassica rapa*. **J. Exp. Bot.** 65: 939–951 (2014).

Nakamura, M., Buzas, DM., Kato, A., Fujita, M., Kurata, N., and Kinoshita, T. The role of *Arabidopsis thaliana* NAR1, a cytosolic iron-sulfur cluster assembly component, in gametophytic gene expression and oxidative stress responses in vegetative tissue. **New Phytol.** 199: 925–935 (2013).

Vu, T.M., Nakamura, M., Calarco, J.P., Susaki, D., Lim, P.Q., Kinoshita, T., Higashiyama, T., Martienssen, R.A., and Berger, F. RNA-directed DNA methylation regulates parental genomic imprinting at several loci in *Arabidopsis*. **Development** 140: 2953–2960 (2013).

Ohnishi, T., Yoshino, M., Toriyama, K., Kinoshita, T. Rapid establishment of introgression lines using cytoplasmic male sterility and a restorer gene in *Oryza sativa* cv. Nipponbare. **Mol. Breed.** 32: 831–839 (2013).

Sekine, D., Ohnishi, T., Furuumi, H., Ono, A., Yamada, T., Kurata, N., and Kinoshita, T. Dissection of two major components of the post-zygotic hybridization barrier in rice endosperm. **Plant J.** 76: 792–799 (2013).

Yoshida, T., Furihata, HY., and Kawabe, A. Patterns of Genomic Integration of Nuclear Chloroplast DNA Fragments in Plant Species. **DNA Res.** 21: 127–140 (2014).

Yoshida, T., and Kawabe, A. Importance of gene duplication in the evolution of genomic imprinting revealed by molecular evolutionary analysis of the type I MADS-box gene family in *Arabidopsis* species. **PLoS ONE** 8: e73588 (2013).

Fu, Y., Kawabe, A., Etcheverry, M., Ito, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Colot, V., Tarutani, Y., and Kakutani, T. Mobilization of a plant transposon by expression of the transposon-encoded anti-silencing factor. **EMBO J.** 32: 2407–2417 (2013).

Ito, H., Yoshida, T., Tsukahara, S., and Kawabe, A. Evolution of the *ONSEN* retrotransposon family activated upon heat stress in Brassicaceae. **Gene** 518: 256–261 (2013).

Kawahara-Miki, R., Sano, S., Nunome, M., Shimmura, T., Kuwayama, T., Takahashi, S., Kawashima, T., Matsuda, Y., Yoshimura, T., and Kono, T. Next-generation sequencing reveals genomic features in the Japanese quail. **Genomics** 101: 345–353 (2013).

Iizuka, K., Matsuda, Y., Yamada, T., Nakazato, T., and Sessions, S.K. Chromosomal localization of the 18S and 28S ribosomal RNA genes using FISH and AgNO₃ banding in *Hynobius quelpaertensis*, *H. tsuensis* and *Onychodactylus koreanus* (Urodela: Hynobiidae). **Curr. Herpetol.** 32: 89–101 (2013).

Islam, F.B., Ishishita, S., Uno, Y., Mollah, M.B.R., Srikulnath, K., and Matsuda, Y. Male hybrid sterility in the mule duck is associated with meiotic arrest of primary spermatocytes. **J. Poult. Sci.** 50: 311–320 (2013).

Ishishita, S., Inui, T., Matsuda, Y., Serikawa, T., and Kitada, K. Infertility associated with meiotic failure in the *tremor* rat (*tm/tm*) is caused by the deletion of *spermatogenesis associated 22*. **Exp. Anim.** 62: 219–227 (2013).

Nishida, C., Ishijima, J., Ishishita, S., Yamada, K., Yamazaki, T., and Matsuda, Y. Chromosome reshuffling and genomic compartmentalization of microchromosomes in Japanese mountain hawk-eagle (*Nisaetus nipalensis orientalis*, Accipitridae, Falconiformes, Aves). **Cytogenet. Genome Res.** 141: 284–294 (2013).

Uno, Y., Nishida, C., Takagi, C., Ueno, N., and Matsuda, Y. Homoeologous chromosomes of *Xenopus laevis* are highly conserved after whole genome duplication. **Heredity** 111: 430–436 (2013).

Uno, Y., Asada, Y., Nishida, C., Takehana, Y., Sakaizumi, and Matsuda, Y. Divergence of repetitive DNA sequences in the heterochromatin of medaka fishes: molecular cytogenetic characterization of constitutive heterochromatin in two medaka species: *Oryzias hubbsi* and *O. celebensis* (Adrianichthyidae, Beloniformes). **Cytogenet. Genome Res.** 141: 212–226 (2013).

Chaiprasertsri, N., Uno, Y., Peyachoknagul, S., Prakhongcheep, O., Baicharoen, S., Charernsuk, S., Nishida, C., Matsuda, Y., Koga, A., and Srikulnath, K. Highly species-specific centromeric repetitive DNA sequences in lizards: molecular cytogenetic characterization of a novel family of satellite DNA sequences isolated from the water monitor lizard (*Varanus salvator macromaculatus*, Platynota). **J. Hered.** 104: 798–806 (2013).

Srikulnath, K., Uno, Y., Nishida, C., and Matsuda, Y. Karyotype evolution in monitor lizards: cross-species chromosome mapping of cDNA reveals highly conserved synteny and gene order in the Toxicofera clade. **Chromosome Res.** 21: 805–819 (2013).

Hirano, K., Aya, K., Morinaka, Y., Nagamatsu, S., Sato, Y., Antonio, B.A., Namiki, N., Nagamura, Y., and Matsuoka, M. Survey of genes involved in rice secondary cell wall formation through a co-expression network. **Plant Cell Physiol.** 54: 1803–1821 (2013).

Hirano, K., Kondo, M., Aya, K., Miyao, A., Sato, Y., Antonio, B.A., Namiki, N., Nagamura, Y., and Matsuoka, M. Identification of transcription factors involved in rice secondary cell wall formation. **Plant Cell Physiol.** 54:1791–1802 (2013).

Aya, K., Hobo, T., Sato-Izawa, K., Ueguchi-Tanaka, M., Kitano, H., and Matsuoka, M. A Novel AP2-type Transcription Factor, SMALL ORGAN SIZE1, Controls Organ Size Downstream of an Auxin Signaling Pathway. **Plant Cell Physiol.** 55: 897–912 (2014).

Hiroi, K., Sone, M., Sakazono, S., Osaka, M., Masuko-Suzuki, H., Matsuda, T., Suzuki, G., Suwabe, K., and Watanabe, M. Time-lapse imaging of self- and cross-pollinations in *Brassica rapa*. **Ann. Bot.** 112: 115–122 (2013).

Sakazono, S., Hiramatsu, M., Watanabe, M., and Okubo, H. Development and characterization of microsatellite markers for *Lilium longiflorum* Thunb. (Liliaceae). **Appl. Plant Sci.** 1: 1300014 (2013).

Kotani, Y., Henderson, S.T., Suzuki, G., Johnson, S.D., Okada, T., Siddons, H., Mukai, Y., and

Koltunow, A.M.G. The *LOSS OF APOMEIOSIS (LOA)* locus in *Hieracium praealtum* can function independently of the associated large-scale repetitive chromosomal structure. **New Phytol.** 201: 973–981 (2014).

Fujiwara, M., Suzuki, G., Kudo, D., Oba, H., Wada, Y., Wada, H., Wada, N., Rahman, S., Fukui, K., and Mukai, Y. Localization of transgene-derived friabilins in rice endosperm cells. **Plant Biotech.** 31: 67–70 (2014).

Takahashi, A. Pigmentation and behavior: potential association through pleiotropic genes in *Drosophila*. **Genes Genet. Syst.** 88: 165–174 (2013).

Osada, N., Nakagome, S., Mano, S., Kameoka, Y., Takahashi, I., and Terao, K. Finding the factors of reduced genetic diversity on X chromosomes of *Macaca fascicularis*: male-driven evolution, demography, and natural selection. **Genetics** 195: 1027–1035 (2013).

Kono, H., Tamura, M., Osada, N., Suzuki, H., Abe, K., Moriwaki, K., Ohta, K., and Shiroishi, T. *Prdm9* polymorphism unveils mouse evolutionary tracks. **DNA Res.** 21: 315–326 (2014).

Sharma, S., Sharma, S., Hirabuchi, A., Yoshida, K., Fujisaki, K., Ito, A., Uemura, A., Terauchi, R., Kamoun, S., Sohn, K., Jones, J.D.G., and Saitoh, H. Deployment of the *Burkholderia glumae* type III secretion system as an efficient tool for translocating pathogen effectors to monocot cells. **Plant J.** 74: 701–712 (2013).

Takagi, H., Uemura, A., Yaegashi, H., Tamiru, M., Abe, A., Mitsuoka, C., Utsushi, H., Natsume, S., Kanzaki, H., Matsumura, H., Saitoh, H., Yoshida, K., Cano, L., Kamoun, S., and Terauchi, R. MutMap-Gap: Whole genome resequencing of mutant F2 progeny bulk combined with de novo assembly of gap regions identifies the rice resistance gene *Pii*. **New Phytol.** 200:276–283 (2013).

Fekih, R., Takagi, H., Tamiru, M., Abe, A., Natsume, S., Yaegashi, H., Sharma, S., Sharma, S., Kanzaki, H., Matsumura, H., Saitoh, H., Mitsuoka, C., Utsushi, H., Uemura, A., Kanzaki, E., Kosugi, S., Yoshida, K., Cano, L., Kamoun, S., and Terauchi, R. MutMap+: Genetic mapping and mutant identification without crossing in rice. **PLoS ONE** 8: e68529 (2013).

Kosugi, S., Natsume, S., Yoshida, K., MacLean, D., Cano, L., Kamoun, S., and Terauchi, R. Coval: Improving alignment quality and variant calling accuracy for next-generation sequencing data. **PLoS ONE** 8: e75402 (2013).

Giraldo, M. C., Dagdas, Y. F., Gupta, Y. K., Mentlak, T. A., Yi, M., Matinez-Rocha, A. L., Saitoh, H., Terauchi, R., Talbot, N. J., and Valent, B. Two distinct secretion systems facilitate tissue invasion by the rice blast fungus *Magnaporthe oryzae*. **Nat. Commun.** 4: 1996 (2013).

Tamiru, M., Abe, A., Utsushi, H., Yoshida, K., Takagi, H., Fujisaki, K., Undan, J.R., Rakshit, S., Takaichi, S., Jikumaru, Y., Yokota, T., Terry, M.J., and Terauchi, R. The tillering phenotype of the rice plastid terminal oxidase (PTOX) loss-of-function mutant is associated with strigolactone deficiency. **New Phytol.** 202: 116–131 (2014).

Miyazono, K.-i., Furuta, Y., Watanabe-Matsui, M., Miyakawa, T., Ito, T., Kobayashi, I., and Tanokura, M. A sequence-specific DNA glycosylase mediates restriction-modification in *Pyrococcus abyssi*. **Nat. Commun.** 5: 3178 (2014).

Mruk, I., and Kobayashi, I. To be or not to be: regulation in restriction-modification systems and other toxin-antitoxin systems. **Nucleic Acids Res.** 42: 70–86 (2014).

Yahara, K., Furuta, Y., Oshima, K., Yoshida, M., Azuma, T., Hattori, M., Uchiyama, U., and Kobayashi, I. Chromosome painting in silico in a bacterial species reveals fine population structure. **Mol. Biol. Evol.** 30: 1454–1464. (2013).

Iwasaki, S., Suzuki, S., Pelekanos, M., Clark, H., Ono, R., Shaw, G., Renfree, MB., Kaneko-Ishino T., and Ishino F. Identification of a Novel PNMA-MS1 Gene in Marsupials Suggests the LTR retrotransposon-derived PNMA Genes Evolved Differently in Marsupials and Eutherians. **DNA Res.** 20: 425–436 (2013).

Nishimoto, M., Katano, M., Yamagishi, T., Hishida, T., Kamon, M., Nabeshima, Y., Nabeshima, Y., Katsura, Y., Satta, Y., Deakin, JE., Graves, JAM., Kuroki, Y., Ono, R., Ishino, F., Ema, M., Takahashi, S., Kato, H., and Okuda, A. *In vivo* function and evolution of the eutherian-specific pluripotency marker UTF1. **PLoS ONE** 8: e68119 (2013).

Wakayama, S., Kohda, T., Obokata, H., Tokoro, M., Li C., Terashita, Y., Mizutani, E., Nguyen, V.T., Kishigami, S., Ishino, F., and Wakayama T. Successful serial recloning in the mouse over multiple generations. **Cell Stem Cell.** 12: 293–297 (2013).

Oikawa, M., Matoba, S., Inoue, K., Kamimura, S., Hirose, M., Ogonuki, N., Shiura, H.,

Sugimoto, M., Abe, K., Ishino, F., and Ogura, A. RNAi-mediated Knockdown of Xist Does Not Rescue the Impaired Development of Female Cloned Mouse Embryos. **J. Reprod. Dev.** 2013 59: 231–237 (2013).

Ishino, F., Shinkai, Y., and Whitelaw, E. Mammalian epigenetics in biology and medicine. **Phil. Trans. R. Soc. B.** 368: 20120386 (2013).

Kohda T., and Ishino F. Embryo manipulation via assisted reproductive technology and epigenetic asymmetry in mammalian early development. **Phil. Trans. R. Soc. B.** 368: 20120353 (2013).

Uchida, N., and Tasaka, M. Regulation of plant vascular stem cells by endodermis-derived EPFL-family peptide hormones and phloem-expressed ERECTA-family receptor kinases, **J. Exp. Bot.** 64: 5335–5343 (2013).

Uchida, N., Sakamoto, T., Tasaka, M., and Kurata, T. Identification of EMS-induced Causal Mutations in *Arabidopsis thaliana* by Next-Generation Sequencing. **Methods Mol. Biol.** 1062: 259–270 (2014).

Okuda, S., Suzuki, T., Kanaoka, M.M., Mori, H., Sasaki, N., and Higashiyama, T. Acquisition of LURE-Binding Activity at the Pollen Tube Tip of *Torenia fournieri*. **Mol. Plant** 6: 1074–1090 (2013).

Nishida, S., Kanaoka, M.M., Hashimoto, K., Takakura, K-I., and Nishida, T. Pollen-pistil interactions in reproductive interference: comparisons of heterospecific pollen tube growth from alien species between two native *Taraxacum* species. **Funct. Ecol.** 28: 450–457 (2014).

Horade, M., Kanaoka, M.M., Kuzuya, M., Higashiyama, T., and Kaji, N. A microfluidic device for quantitative analysis of chemoattraction in plants. **RSC Advances** 3: 22301–22307 (2013).

Kobayashi, M.J., Takeuchi, Y., Kenta, T., Kume, T., Diway, B., and Shimizu, K.K. Mass flowering of the tropical tree *Shorea beccariana* was preceded by expression changes in flowering and drought-responsive genes. **Mol. Ecol.** 22: 4767–4782 (2013).

Szovenyi, P., Ricca, M., Hock, Z., Shaw, J.A., Shimizu, K.K., and Wagner, A. Selection is no more efficient in haploid than in diploid life stages of an angiosperm and a moss. **Mol. Biol.**

Evol. 30: 1929–1939 (2013).

Ogura, A., Yoshida, M., Moritaki, T., Okuda, Y., Sese, J., Shimizu, K.K., Sousounis, K., and Tsonis, P.A. Loss of the six3/6 controlling pathways might have resulted in pinhole-eye evolution in *Nautilus*. **Sci. Rep.** 3: 1432 (2013).

Wicker, T., Oberhaensli, S., Parlange, F., Buchmann, J.P., Shatalina, M., Roffler, S., Ben-David, R., Doležel, J., Šimková, H., Schulze-Lefert, P., Spanu, P.D., Bruggmann, R., Amselem, J., Quesneville, H., Ver Loren van Themaat, E., Paape, T., Shimizu, K.K., and Keller, B. The wheat powdery mildew genome shows the unique evolution of an obligate biotroph. **Nat. Genet.** 45: 1092–1096 (2013).

Akama, S., Shimizu-Inatsugi, R., Shimizu, K.K., and Sese, J. Genome-wide quantification of homeolog expression ratio revealed nonstochastic gene regulation in synthetic allopolyploid *Arabidopsis*. **Nucleic Acids Res.** 42: e46 (2014).

Zozomova-Lihova, J., Krak, K., Mandakova, T., Shimizu, K.K., Spaniel, S., and Lysak, M.A. Multiple hybridization events in *Cardamine* (Brassicaceae) during the last 150 years: revisiting a textbook example of neopolyploidy. **Ann. Bot.** 113: 817–830 (2014).

Tsuchimatsu, T., and Shimizu, K.K. Effects of pollen availability and the mutation bias on the fixation of mutations disabling the male specificity of self-incompatibility. **J. Evol. Biol.** 26: 2221–2232 (2013).

Fischer, M.C., Rellstab, C., Tedder, A., Zoller, S., Gugerli, F., Shimizu, K.K., Holderegger, R., and Widmer, A. Population genomic footprints of selection and associations with climate in natural populations of *Arabidopsis halleri* from the Alps. **Mol. Ecol.** 22: 5594–5607 (2013).

Mandáková, T., Kovařík, A., Zozomová-Lihová, J., Shimizu-Inatsugi, R., Shimizu, K.K., Mummenhoff, K., Marhold, K., and Lysak, M.A. The more the merrier: recent hybridization and polyploidy in *Cardamine*. **Plant Cell** 25: 3280–3295 (2013).

Dang, T.T., Shimatani, Z., Kawano, Y., Terada, R and Shimamoto, K. Gene editing a constitutively active OsRac1 by homologous recombination-based gene targeting induces immune responses in rice. **Plant Cell Physiol.** 54: 2058–2070 (2013).

Kawano, Y., and Shimamoto, K. Early signaling network in rice PRR- and R-mediated

immunity. **Curr. Opin. Plant Biol.** 16: 496–504 (2013).

Akamatsu, A., Wong, H., Fujiwara, M., Okuda, J., Nishide, K., Uno, K., Imai, K., Umemura, K., Kawasaki, T., Kawano, Y., and Shimamoto, K. An OsCEBiP/OsCERK1-OsRacGEF1-OsRac1 module is an essential component of chitin-induced rice immunity. **Cell Host Microbe** 13: 465–476 (2013).

Suzuki, T., Igarashi, K., Dohra, H., Someya, T., Takano, T., Harada, K., Omae, S., Hirai, H., Yano, K., and Kawagishi, H. A New Omics Data Resource of *Pleurocybella porrigens* for Gene Discovery. **PLoS ONE** 8: e69681 (2013).

Kobayashi, M., Nagasaki, H., Garcia, V., Just, D., Bres, C., Mauxion, J.P., Le Paslier, M.C., Brunel, D., Suda, K., Minakuchi, Y., Toyoda, A., Fujiyama, A., Toyoshima, H., Suzuki, T., Igarashi, K., Rothan, C., Kaminuma, E., Nakamura, Y., Yano, K., and Aoki, K. Genome-wide analysis of intraspecific DNA polymorphism in ‘Micro-Tom’, a model cultivar of tomato (*Solanum lycopersicum*). **Plant Cell Physiol.** 55: 445–454 (2014).

Habu, T., Yamane, H., Sasaki, R., Yano, K., Fujii, H., Shimizu, T., Yamamoto, T., and Tao, R. Custom microarray analysis for transcript profiling of dormant vegetative buds of Japanese apricot during prolonged chilling exposure. **J. Jap. Soc. Hort. Sci.** 83: 1–16 (2014)

Zalewski, C.S., Floyd, S.K., Furumizu, C., Sakakibara, K., Stevenson, D.W., Bowman, J.L. Phylogeny of Class IV HD-Zip genes and the evolution of epidermal complexity in land plants. **Mol. Biol. Evol.** 30: 2347–2365 (2013).

*Amemiya, C.T., Alföldi, J., Lee, A.P., Fan, S., Philippe, H., MacCallum, I., Braasch, I., Manousaki, T., Schneider, I., Rohner, N., Organ, C., Chalopin, D., Smith, J.J., Robinson, M., Dorrington, R.A., Gerdol, M.,Blatch, G.L., Buonocore, F., Burmester, T., Campbell, M.S., Stegeman, J.J., Sumiyama, K., Tabbaa, D.,Meyer, A., and Lindblad-Toh, K. The African coelacanth genome provides insights into tetrapod evolution. **Nature** 496, 311–316 (2013).

Goto, A., Sumiyama, K., Kamioka, Y., Nakasyo, E., Ito, K., Iwasaki, M., Enomoto, H., and Matsuda, M. GDNF and Endothelin 3 regulate migration of enteric neural crest-derived cells via Protein Kinase A and Rac1. **J. Neurosci.** 33: 4901–4912 (2013).

Oka, A., Takada, T., Fujisawa, H., and Shiroishi, T. Evolutionarily diverged regulation of X-chromosomal genes as a primal event in Mouse reproductive isolation. **PLoS Genet.** 10:

e1004301 (2014).

Bartlem, D.G., Jones, M.G.K., and Hammes, U.Z. Vascularization and nutrient delivery at root-knot nematode feeding sites in host roots. **J. Exp. Bot.** 65: 1789–1798 (2014).

Goto, D.B., Miyazawa, H., Mar, J.C., and Sato, M. Not to be suppressed? Rethinking the host response at a root-parasite interface. **Plant Sci.** 213: 9–17 (2013).

Okazaki, S., Kaneko, T., Sato, S., and Saeki, K. Hijacking of leguminous nodulation signaling by the rhizobial type III secretion system. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 110: 17131–17136 (2013).

Nobusawa, T., Okushima, Y., Nagata, N., Kojima, M., Sakakibara, H., and Umeda, M. Synthesis of very-long-chain fatty acids in the epidermis controls plant organ growth by restricting cell proliferation. **PLoS Biol.** 11: e1001531 (2013).

Nobusawa, T., Okushima, Y., Nagata, N., Kojima, M., Sakakibara, H., and Umeda, M. Restriction of cell proliferation in internal tissues via the synthesis of very-long-chain fatty acids in the epidermis. **Plant Signal. Behav.** 8: e25232 (2013).

Okamoto-Yoshiyama, K., Kobayashi, J., Ueda, M., Kimura, S., Maki, H., and Umeda, M. ATM-mediated phosphorylation of SOG1 is essential for the DNA damage response in *Arabidopsis*. **EMBO Rep.** 14: 817–822 (2013).

Takahashi, N., Okamura, C., Okushima, Y., Kim, Y., Ildoo, H., and Umeda, M. Cytokinins control endocycle onset by promoting the expression of an APC/C activator in *Arabidopsis* roots. **Curr. Biol.** 23: 1812–1817 (2013).

Takahashi, N., Kong, S., and Umeda, M. Dof transcription factors control the expression of the anaphase promoting complex/cyclosome activator CCS52A1. **Plant Biotech.** 30: 407–410 (2013).

Yi, D., Kamei, C. L. A., Cools, T., Vanderauwera, S., Takahashi, N., Okushima, Y., Eekhout, T., Yoshiyama, K. O., Larkin, J., Van den Daele, H., Conklin, P., Britt, A., Umeda, M. and De Veylder, L. The *Arabidopsis thaliana* SIAMESE-RELATED cyclin-dependent kinase inhibitors

SMR5 and SMR7 control the DNA damage checkpoint in response to reactive oxygen species. **Plant Cell**, 26: 296–309 (2014).

Takatsuka, H. and Umeda, M. Hormonal control of cell division and elongation along differentiation trajectories in roots. **J. Exp. Bot.** 65: 2633–2643 (2014).

Takahashi, N. and Umeda, M. In: **The Plant Sciences – Cell Biology: Cell cycle**. Liu, B., Assmann, S. Eds. Springer, New Delhi, p.1–19 (2014).

Tomita, H., Shimizu, M., Doullah, M.A.D., Fujimoto, R., and Okazaki, K. Accumulation of quantitative trait loci conferring broad-spectrum clubroot resistance in *Brassica oleracea*. **Mol. Breed.** 32: 889–900 (2013).

Tonu, N.N., Doullah, M.A.U., Shimizu, M., Karim, M.M., Kawanabe, T., Fujimoto, R. and Okazaki, K. Comparison of positions of QTLs conferring resistance to *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* in *Brassica oleracea*. **Amer. J. Plant Sci.** 4: 11–20 (2013).

Groszmann, M., Greaves, I.K., Fujimoto, R., Peacock, W.J., and Dennis, E.S. The role of epigenetics in hybrid vigour. **Trends Genet.** 29: 684–690 (2013).

Okazaki, T., Chikuma, S., Iwai, Y., Fagarasan, S., and Honjo, T. A rheostat for immune responses: the unique properties of PD-1 and their advantages for clinical application. **Nat. Immunol.** 14: 1212–1218 (2013).

Yamaguchi, K., Yamada, K., and Kawasaki, T. Receptor-like cytoplasmic kinases are pivotal components pattern recognition receptor-mediated signaling in plant immunity. **Plant Signal. Behav.** 8: e25662 (2013).

Yamaguchi, K., Yamada, K., Ishikawa, K., Yoshimura, S., Hayashi, N., Uchihashi, K., Ishihama, N., Kishi-Kaboshi, M., Takahashi, A., Tsuge, S., Ochiai, H., Tada, Y., Shimamoto, K., Yoshioka, H., and Kawasaki, T. A receptor-like cytoplasmic kinase targeted by a plant pathogen effector is directly phosphorylated by the chitin receptor and mediates rice immunity. **Cell Host Microbe** 13: 347–357 (2013).

Kosami, K.I., Ohki, I., Hayashi, K., Tabata, R., Usugi, S., Kawasaki, T., Fujiwara, T., Nakagawa, A., Shimamoto, K., and Kojimai, C. Purification, crystallization and preliminary X-ray crystallographic analysis of a rice Rac/Rop GTPase, OsRac1. Acta Crystallographica Section F,

Struct. Biol. Commun. 70: 113–115 (2014).

Masuda, S., Nakatani, Y., Ren, S., Tanaka, M. Blue light-mediated manipulation of transcription factor activity in vivo. **ACS Chem. Biol.** 8: 2649–2653 (2013).

Gonda, S., Matsumura, S., Saito, S., Go, Y., and Imai, H. Expression of taste signal transduction molecules in the caecum of common marmosets. **Biol. Lett.** 9: 20130409 (2013).

Fukuda, K., Ichiyangi, K., Yamada, Y., Go, Y., Udono, T., Wada, S., Maeda, T., Soejima, H., Saitou, N., Ito, T., and Sasaki, H. Regional DNA methylation differences between humans and chimpanzees are associated with genetic changes, transcriptional divergence and disease genes. **J. Hum. Genet.** 58: 446–454 (2013).

To, T.K., and Kim, J.M. Epigenetic regulation of gene responsiveness in *Arabidopsis*. **Front. Plant Sci.** 4: 548 (2014).

Jung, J.H., Park, J.H., Lee, S., To, T.K., Kim, J.M., Seki, M., and Park, C.M. The Cold Signaling Attenuator HIGH EXPRESSION OF OSMOTICALLY RESPONSIVE GENE1 activates *FLOWERING LOCUS C* transcription via chromatin remodeling under short-term cold stress in *Arabidopsis*. **Plant Cell** 25: 4378–4390 (2013).

Murai, K. Homeotic genes and the ABCDE model for floral organ formation in wheat. **Plants** 2: 379–395 (2013).

Tahira, C., Shitsukawa, N., Kazama, Y., Abe, T. and Murai, K. The wheat plastochron mutant, fushi-darake, shows transformation of reproductive spikelet meristem into vegetative shoot meristem. **American J. Plant Sci.** 4: 28–36 (2013).

Iwano, M., Ito, K., Shimosato-Asano, H., Lai, K.-S., and Takayama, S. Self-Incompatibility in the Brassicaceae. In: **Sexual Reproduction in Animals and Plants**. Sawada, H., Inoue, N., and Iwano, M. Eds., Springer, pp.245-254 (2014).

Osada, N., Sugano, S., and Suzuki, Y. Evolution of Gene Expression in Human and Chimpanzee Brains. In: **eLS**. Wiley, A20748 (2013).

Kim, J.M., Endo, T.A., To, K.T., Matsui, A., Robertson, F.C., Ishida, J., Tanaka, M., Toyoda, T., and Seki, M. Highly-reproducible ChIP-on-chip analysis to identify genome-wide protein binding and chromatin status in *Arabidopsis thaliana*. **Meth. Mol. Biol.** 1062: 405-426 (2014).

Tomita, H., Shimizu, M., Kume, C., Kawanabe, T., Osabe, K., Okazaki, K., and Fujimoto, R. Screening of DNA markers suitable for purity test of inbred lines in *Brassica oleracea*. **Bull. Facul. Agric. Niigata Univ.** 65: 137-147 (2013).

McLysaght, A., Makino, T., Grayton, H., Tropeano, M., Mitchell, K., Vassos E., and Collier DA. Ohnologs are overrepresented in pathogenic copy number mutations. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA.** 111: 361-366 (2014).

Tomimatsu, H., Sasaki, T., Kurokawa, H., Bridle, J.R., Fontaine, C., Kitano, J., Stouffer, D.B., Vellend, M., Bezemer, T.M., Crutsinger, G., Fukami, T., Hadly, E.A., van der Heijden, M.G.A., Kawata, M., Kéfi, S., Kondoh, M., Kraft, N.J.B., McCann, K.S., Montoya, J., Mumby, P., Nakashizuka, T., Petchey, O.L., Romanuk, T., Suding, K.N., Takimoto, G., Urabe, J., and Yachi, S. Sustaining ecosystem functions in a changing world: a call for an integrated approach. **J. Appl. Ecol.** 50: 1124-1130 (2013).

Lema, S.C., and Kitano, J. Hormones and phenotypic plasticity: implications for the evolution of integrated adaptive phenotypes. **Curr. Zool.** 59: 506–525 (2013).

Kitano, J., Yoshida, K., and Suzuki, Y. RNA sequencing reveals small RNAs differentially expressed between incipient Japanese threespine sticklebacks. **BMC Genomics** 14:214 (2013)

Cassidy, L.M., Ravinet, M., Mori, S., and Kitano, J. Are Japanese freshwater populations of threespine stickleback derived from the Pacific Ocean lineage? **Evol. Ecol. Res.** 15: 295–311 (2013).

Kitano, J., and Lema, S.C. Divergence in thyroid hormone levels between juveniles of marine and stream ecotypes of the threespine stickleback (*Gasterosteus aculeatus*). **Evol. Ecol. Res.** 15: 143–153 (2013).

Ishikawa, A., Takeuchi, N., Kusakabe, M., Kume, M., Mori, S., Takahashi, H., and Kitano, J. Speciation in ninespine sticklebacks: reproductive isolation and phenotypic divergence among cryptic species of Japanese ninespine stickleback. **J. Evol. Biol.** 26: 1417–1430 (2013).

Makino, T., McLysaght, A., and Kawata, M. Genome-wide deserts for copy number variation in vertebrates. **Nat. Commun.** 4: 2283 (2013).

Makanae, K., Kintaka, R., Makino, T., Kitano, H., and Moriya, H. Identification of dosage-sensitive genes in *Saccharomyces cerevisiae* using the genetic tug-of-war method. **Genome Res.** 23: 300-311 (2013).

Kitano, J., Ishikawa, A., and Lema, S.C. Integrated genomics approaches in evolutionary and ecological endocrinology. In: **Ecological Genomics**. Landry, C., and Aubin-Horth, N. Eds. Springer, pp. 299-319. (2014).

Sakurai, A., Koganezawa, M., Yasunaga, K., Emoto, K. and Yamamoto, D. Select interneuron clusters determine female sexual receptivity in *Drosophila*. **Nat. Commun.** 4: 1825-1833 (2013).

Yamamoto, D., and Koganezawa, M. Genes and circuits of courtship behavior in *Drosophila* males. **Nat. Rev. Neurosci.** 14: 681-692 (2013).

Yamamoto, D., and Ishikawa, Y. Genetic and neural bases for species-specific behavior in *Drosophila* species. **J. Neurogenet.** 27: 130-142 (2013).

Ito, H., Sato, K., and Yamamoto, D. Sex-switching of the *Drosophila* brain by two antagonistic chromatin factors. **Fly** 7: 87-91 (2013).

Yamamoto, D., Kohatsu, S., and Koganezawa, M. Insect pheromone behavior: fruit fly. In: **Pheromone Signaling**. Touhara, K. Ed., Humana Press, Springer, New York. pp.261-272 (2013).

平成 26 年度

Iwano, M., Igarashi, M., Tarutani, Y., Kaothien-Nakayama, P., Nakayama, H., Moriyama, H., Yakabe, R., Entani, T., Shimosato-Asano, H., Ueki, M., Tamiya, G., and Takayama, S. A pollen coat-inducible autoinhibited Ca²⁺-ATPase expressed in stigmatic papilla cells is required for compatible pollination in the Brassicaceae. **Plant Cell** 26: 636–649 (2014).

Kaya, H., Nakajima, R., Iwano, M., Kanaoka, M.M., Kimura, S., Takeda, S., Kawarazaki, T., Senzaki, E., Hamamura, Y., Higashiyama, T., Takayama, S., Abe, M., and Kuchitsu, K. Ca²⁺-activated reactive oxygen species production by *Arabidopsis* RbohH and RbohJ is essential for proper pollen tube tip growth. **Plant Cell** 26: 1069–1080 (2014).

Entani, T., Kubo, K., Isogai, S., Fukao, Y., Shirakawa, M., Isogai, A., and Takayama, S. Ubiquitin-proteasome-mediated degradation of S-RNase in a solanaceous cross-compatibility reaction. **Plant J.** 78: 1014–1021 (2014).

Hirai, H., Takai, R., Kondo, M., Furukawa, T., Hishiki, T., Takayama, S., and Che, F-S. Glycan moiety of flagellin in *Acidovorax avenae* K1 prevents the recognition by rice that causes the induction of immune responses. **Plant Signal. Behav.** 9: e972782 (2014).

Kubo, K., Paape, T., Hatakeyama, M., Entani, T., Takara, A., Kajihara, K., Tsukahara, M., Shimizu-Inatsugi, R., Shimizu, K.K., and Takayama, S. Gene duplication and genetic exchange drive the evolution of S-RNase-based self-incompatibility in *Petunia*. **Nat. Plants** 1: 14005 (2015).

Buzas, D.M., Nakamura, M., and Kinoshita, T. Epigenetic role for the conserved Fe-S cluster biogenesis protein AtDRE2 in *Arabidopsis thaliana*. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 111: 13655–13670 (2014).

Kurusu, T., Koyano, T., Hanamata, S., Kubo, T., Noguchi, Y., Yagi, C., Nagata, N., Yamamoto, T., Ohnishi, T., Okazaki, Y., Kitahata, N., Ando, D., Ishikawa, M., Wada, S., Miyao, A., Hirochika, H., Shimada, H., Makino, A., Saito, K., Ishida, H., Kinoshita, T., Kurata, N., and Kuchitsu, K. OsATG7 is required for autophagy-dependent lipid metabolism in rice postmeiotic anther development. **Autophagy** 10: 887–888 (2014).

Kinoshita, T., and Seki, M. Epigenetic Memory for Stress Response and Adaptation in plants. **Plant Cell Physiol.** 55: 1859–1863 (2014).

Ohnishi, T., Sekine, D., and Kinoshita, T. Genomic imprinting in plants: what makes the functions of paternal and maternal genes different in endosperm formation? **Adv. Genet.** 86: 1–25 (2014).

Islam, F.B., Uno, Y., Nunome, M., Nishimura, O., Tarui, H., Agata, K., and Matsuda, Y.

Comparison of the chromosome structures between the chicken and three anserid species, the domestic duck (*Anas platyrhynchos*), Muscovy duck (*Cairina moschata*), and Chinese goose (*Anser cygnoides*), and the delineation of their karyotype evolution by comparative chromosome mapping. **J. Poult. Sci.** 51: 1–13 (2014).

Kinoshita, K., Akiyama, T., Mizutani, M., Shinomiya, A., Ishikawa, A., Younis, H.H., Tsudzuki, M., Namikawa, T., and Matsuda, Y. *Endothelin receptor B2 (EDNRB2)* is responsible for the tyrosinase-independent recessive white (*mo^w*) and mottled (*mo*) plumage phenotypes in the chicken. **PLoS ONE** 9: e86361 (2014).

Kuroiwa, A., Terai, Y., Kobayashi, N., Yoshida, K., Suzuki, M., Nakanishi, A., Matsuda, Y., Watanabe, M., and Okada, N. Construction of chromosome markers from the Lake Victoria cichlid *Paralabidochromis chilotes* and their application to comparative mapping. **Cytogenet. Genome Res.** 142: 112–120 (2014).

Mizuno, S., Dinh, T., Mizobuchi, A., Iseki, H., Mizuno-Iijima, S., Kim, J.-D., Ishida, J., Matsuda, Y., Kunita, S., Fukamizu, A., Yagami, K., and Sugiyama, F. Truncated Cables1 causes agenesis of the corpus callosum in mice. **Lab. Invest.** 94: 321–330 (2014).

Nishida, C., Ishishita, S., Yamada, K., Griffin, D.K., and Matsuda, Y. Dynamic chromosomal reorganization in the osprey (*Pandion haliaetus*, Pandionidae, Falconiformes): the relationship between chromosome size and chromosomal distribution of centromeric repetitive DNA sequences. **Cytogenet. Genome Res.** 142: 179–189 (2014).

Nunome, M., Kinoshita, G., Tomozawa, M., Torii, H., Matsuki, R., Yamada, F., Matsuda, Y., and Suzuki, H. Lack of association between winter coat colour and genetic population structure in the Japanese hare, *Lepus brachyurus* (Lagomorpha: Leporidae). **Biol. J. Linn. Soc.** 111: 761–776 (2014).

Ishishita, S., Tsuruta, Y., Uno, Y., Nakamura, A., Nishida, C., Griffin, D.K., Tsudzuki, M., Ono, T., and Matsuda, Y. Chromosome size-correlated and chromosome size-uncorrelated homogenization of centromeric repetitive sequences in New World quails. **Chromosome Res.** 22: 15–34 (2014).

Matsubara, K., Sarre, S.D., Georges, A., Matsuda, Y., Graves, J.A.M., and Ezaz, T. Highly differentiated ZW sex microchromosomes in the Australian *Varanus* species evolved through

rapid amplification of repetitive sequences. **PLoS ONE** 9: e95226 (2014).

Ishijima, J., Uno, Y., Nishida, C., and Matsuda, Y. Genomic structures of the *kWI* loci on the Z and W chromosomes in ratite birds: structural changes at an early stage of W chromosome differentiation. **Cytogenet. Genome Res.** 142: 255–267 (2014).

Srikulnath, K., Matsubara, K., Uno, Y., Nishida, C., Olsson, M., and Matsuda, Y. Identification of the linkage group of the Z sex chromosomes of the sand lizard (*Lacerta agilis*, Lacertidae) and elucidation of karyotype evolution in lacertid lizards. **Chromosoma** 123: 563–575 (2014).

Kawagoshi, T., Nishida, C., and Matsuda, Y. The Staurotypus turtles and Aves have the same origin of sex chromosomes but evolved different types of XY and ZW heterogametic sex determination. **PLoS ONE** 9: e105315 (2014).

Ishishita, S., Matsuda, Y., and Kitada, K. Genetic evidence suggests that Spata22 is required for the maintenance of Rad51 foci in mammalian meiosis. **Sci. Rep.** 4: 6148 (2014).

Matsubara, K., Gamble, T., Matsuda, Y., Zarkower, D., Sarre, S.D., Georges, A., Graves, J.A.M., and Ezaz, T. Non-homologous sex chromosomes in two geckos (Gekkonidae: Gekkota) with female heterogamety. **Cytogenet. Genome Res.** 43: 251–258 (2014).

Tadano, R., Nunome, M., Mizutani, M., Kawahara-Miki, R., Fujiwara, A., Takahashi, S., Kawashima, T., Nirasawa, K., Ono, T., Kono, T., and Matsuda, Y. Cost-effective development of highly polymorphic microsatellite in Japanese quail facilitated by next-generation sequencing. **Anim. Genet.** 45: 881–884 (2014).

Romanov, M.N., Farré, M., Lithgow, P.E., Fowler, K.E., Skinner, B.M., O'Connor, R., Fonseka, G., Backström, N., Matsuda, Y., Nishida, C., Houde, P., Jarvis, ED., Ellegren, H., Burt, D.W., Larkin, D.M., Griffin, D.K. Reconstruction of gross avian genome structure, organization and evolution suggests that the chicken lineage most closely resembles the dinosaur avian ancestor. **BMC Genomics** 15: 1060 (2014).

Yoshida, H., Hirano, K., Sato, T., Mitsuda, N., Nomoto, M., Maeo, K., Koketsu, E., Mitani, R., Kawamura, M., Ishiguro, S., Tada, Y., Ohme-Takagi, M., Matsuoka, M., and Ueguchi-Tanaka, M. DELLA protein functions as a transcriptional activator through the DNA binding of the indeterminate domain family proteins. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA.** 2014 111: 7861–7866

(2014).

Tanaka, J., Yano, K., Aya, K., Hirano, K., Takehara, S., Koketsu, E., Ordonio, R.L., Park, S.H., Nakajima, M., Ueguchi-Tanaka, M., and Matsuoka, M. Antheridiogen determines sex in ferns via a spatiotemporally split gibberellin synthesis pathway. **Science**. 346: 469–473 (2014).

Aya, K., Kobayashi, M., Tanaka, J., Ohyanagi, H., Suzuki, T., Yano, K., Takano, T., Yano, K., and Matsuoka, M. De Novo Transcriptome Assembly of a Fern, *Lygodium japonicum*, and a Web Resource Database, Ljtrans DB. **Plant Cell Physiol**. 56: e5 (2015).

Yano, K., Aya, K., Hirano, K., Ordonio, R.L., Ueguchi-Tanaka, M., and Matsuoka, M. Comprehensive gene expression analysis of rice aleurone cells: probing the existence of an alternative gibberellin receptor(s). **Plant Physiol**. 167: 531–544 (2015).

Miyazaki, S., Nakajima, M., and Kawaide, H. Hormonal diterpenoids derived from ent-kaurenoic acid are involved in the avoidance response to blue-light in *Physcomitrella patens*. **Plant Signal. Behav.** 10: e989046 (2015).

Miyazaki, S., Toyoshima, H., Natsume, M., Nakajima, M., and Kawaide, H. (2014) Blue-light irradiation up-regulates the ent-kaurene synthase gene and affects the avoidance response of protonemal growth in *Physcomitrella patens*. **Planta**. 240: 117–124 (2014).

Sakata, T., Oda, S., Tsunaga, Y., Kawagishi-Kobayashi, M., Aya, K., Saeki, K., Endo, T., Nagano, K., Kojima, M., Sakakibara, H., Watanabe, M., Matsuoka, M., and Higashitani, A. Reduction of gibberellin by low temperature disrupts pollen development in rice. **Plant Physiol**. 164: 2011–2019 (2014).

Matsuda, T., Matsushima, M., Nabemoto, M., Osaka, M., Sakazono, S., Masuko-Suzuki, H., Takahashi, H., Nakazono, M., Iwano, M., Takayama, S., Shimizu, K. K., Okumura, K., Suzuki, G., Watanabe, M., and Suwabe, K. Transcriptional characteristics and differences in *Arabidopsis* stigmatic papilla cells pre- and post-pollination. **Plant Cell Physiol**. 56: 663–673 (2015).

Liu, T., Kim, D.-W., Niitsu, M., Maeda, S., Watanabe, M., Kamio, Y., Berberich, T., and Kusano, T. Polyamine oxidase 7, a terminal catabolism-type enzyme in *Oryza sativa*, and is specifically expressed in anthers. **Plant Cell Physiol**. 55: 1110–1122 (2014).

Sakazono, S., Nagata, T., Matsuo, R., Kajihara, S., Watanabe, M., Ishimoto, M., Shimomura, S., Harada, K., Takahashi, R., and Mochizuki, T. Variation in root development response to flooding among 92 soybean lines during early growth stages. **Plant Prod. Sci.** 17: 228–236 (2014).

Park, J.-I., Ahmed, N. U., Jung, H.-J., Arasan, S. K., Chung, M.-Y., Cho, Y.-G., Watanabe, M., and Nou, I.-S. Identification and characterization of LIM gene family in *Brassica rapa*. **BMC Genomics** 15: 641 (2014).

Ohyanagi, H., Takano, T., Terashima, S., Kobayashi, M., Kanno, M., Morimoto, K., Matsumura, H., Sasaki, Y., Aya, K., Suwabe, K., Suzuki, G., Watanabe, M., Matsuoka, M., Yokoyama, K., and Yano, K. Plant omics data center: an integrated web repository for interspecies gene expression networks with NLP-based curation. **Plant Cell Physiol.** 56: e9 (2015).

Sudo, K., Park, J.-I., Sakazono, S., Masuko-Suzuki, H., Osaka, M., Kawagishi, M., Fujita, K., Maruoka, M., Nanjo, H., Suzuki, G., Suwabe, K., and Watanabe, M. Demonstration in vivo of the role of *Arabidopsis* PLIM2 actin-binding proteins during pollination. **Genes Genet. Syst.** 88: 279–287 (2013).

Tanaka, K.M., Takahashi, A., Fuse, N., and Takano-Shimizu-Kouno, T. A novel cell death gene acts to repair patterning defects in *Drosophila melanogaster*. **Genetics** 197: 739–742 (2014).

Osada, N. Extracting population genetics information from a diploid genome sequence. **Front. Ecol. Evol.** 2: 7 (2014)

Osada, N., Kohara, A., Yamaji, T., Hirayama, N., Kasai, F., Sekizuka, T., Kuroda, M., and Hanada, K. The genome landscape of the African green monkey kidney-derived Vero cell line. **DNA Res.** 21: 673–683 (2014).

Komiyama, T., Iwama, H., Osada, N., Nakamura, Y., Kobayashi, H., Tateno, Y., and Gojobori, T. Dopamine receptor genes and evolutionary differentiation in the domestication of fighting cocks and long-crowing chickens. **PLoS ONE** 9: e101778 (2014).

Fan, Z., Zhao, G., Li, P., Osada, N., Xing, J., Yi, Y., Du, L., Silva, P., Wang, H., Sakate, R., Zhang, X., Xu, H., Yue, B., and Li, J. Whole genome sequencing of Tibetan macaque (*Macaca thibetana*) provides new insight into the macaque evolutionary history. **Mol. Biol. Evol.** 31:

1475–1489 (2014).

Huang, C.-L., Ho, C.-W., Chiang, Y.-C., Shigemoto, Y., Hsu, T.-W., Hwang, C.-C., Ge, X.-J., Chen, C., Wu, T.-H., Chou, C.-H., Huang, H.-J., Gojobori, T., Osada, N., and Chiang, T.-Y. Adaptive divergence with gene flow in incipient speciation of *Miscanthus floridulus/sinensis* complex (Poaceae). **Plant J.** 80: 834–847 (2014).

Takagi, H., Tamiru, A., Abe, A., Yoshida, K., Uemura, A., Yaegashi, H., Obara, T., Oikawa, K., Utsushi, H., Kanzaki, E., Mitsuoka, C., Natsume, S., Kosugi, S., Kanzaki, H., Matsumura, H., Urasaki, N., Kamoun, S., and Terauchi, R. MutMap accelerates breeding of a salt-tolerant rice cultivar. **Nat. Biotechnol.** 33: 445–449 (2015).

Fekih, R., Tamiru, M., Kanzaki, H., Abe, A., Yoshida, K., Kanzaki, E., Saitoh, H., Takagi, H., Natsume, S., Undan, J.R., Undan, J., and Terauchi, R. The rice (*Oryza sativa* L.) *LESION MIMIC RESEMBLING*, which encodes an AAA-type ATPase, is implicated in defense response. **Mol. Genet. Genomics** 290: 611–622 (2015).

Cesari, S., Kanzaki, H., Fujiwara, T., Bernoux, M., Chalvon, V., Kawano, Y., Shimamoto, K., Dodds, P., Terauchi, R., and Kroj, T. The NB-LRR proteins RGA4 and RGA5 interact functionally and physically to confer disease resistance. **EMBO J.** 33: 1941–1959 (2014).

Varshney, R., Terauchi, R., and McCouch, S. Harvesting the promising fruits of genomics: Applying genome sequencing technologies to crop breeding. **PLoS Biol.** 12 e1001883 (2014).

Kanzaki, H., Yoshida, K., Saitoh, H., Tamiru, M., and Terauchi, R. Protoplast cell death assay to study *Magnaporthe oryzae* AVR gene function in rice. **Methods Mol. Biol.** 1127: 311–322 (2014).

Furuta, Y., Namba-Fukuyo, H., Shibata, T.F., Nishiyama, T., Shigenobu, S., Suzuki, Y., Sugano, S., Hasebe, M., and Kobayashi, I. Methylome diversification through changes in DNA methyltransferase sequence specificity. **PLoS Genet.** 10: e1004272 (2014).

Lim, K., Kobayashi, I., and Nakai, K. Alterations in rRNA-mRNA interaction during plastid evolution. **Mol. Biol. Evol.** 31: 1728–1740 (2014).

Guillaume Meric, Yahara, K., Mageiros, L., Pascoe, B., Maiden, M.C.J., Jolley, K.A., and

Sheppard, S.K. A reference pan-genome approach to comparative bacterial genomics: identification of novel epidemiological markers in pathogenic *Campylobacter*. **PLoS ONE** 9: e92798 (2014).

Yahara, K., Didelot, X., Ansari, M.A., Sheppard, S.K., and Falush, D. Efficient inference of recombination hot regions in bacterial genomes. **Mol. Biol. Evol.** 31: 1593–1605 (2014).

Osaki, T., Konno, M., Yonezawa, H., Hojo, F., Takahashi, M., Fujiwara, S., Zaman, C., and Kamiya, S. Analysis of intra-familial transmission of *Helicobacter pylori* in Japanese families. **J. Med. Microbiol.** 64: 67–73 (2015).

Okuda, M., Osaki, T., Kikuchi, S., Ueda, J., Lin, Y., Yonezawa, H., Maekawa, K., Hojo, F., Yagyu, K., Kamiya, S., and Fukuda, Y. Evaluation of a stool antigen test using a monoclonal antibody for native catalase for diagnosis of *Helicobacter pylori* infection in children and adults. **J. Med. Microbiol.** 63: 1621–1625 (2014).

Okuda, M., Osaki, T., Lin, Y., Yonezawa, H., Maekawa, K., Kamiya, S., Fukuda, Y., and Kikuchi, S. Low prevalence and incidence of *Helicobacter pylori* infection in children: a population-based study in Japan. **Helicobacter** 20: 133–138 (2014).

Zaman, C., Osaki, T., Yonezawa, H., Hanawa, T., Kurata, S., and Kamiya, S. Analysis for microbial ecology between *Helicobacter pylori* and gastric microbiota of Mongolian gerbil. **J. Med. Microbiol.** 63: 129–137 (2014).

Naruse, M., Ono, R., Irie, M., Nakamura, K., Furuse, T., Hino, T., Oda, K., Kashimura, M., Yamada, I., Wakana, S., Yokoyama, M., Ishino, F., and Kaneko-Ishino, T. *Sirh7/Ldoc1* KO mice exhibit placental P4 overproduction and delayed parturition., **Development** 141: 4763–4771 (2014).

Aguilar-Martínez, J.A., Uchida, N., Townsley, B., West, D.A., Yanez, A., Lynn, N., Kimura, S., and Sinha, N. Transcriptional, post-transcriptional and post-translational regulation of *STM* gene expression in *Arabidopsis* determine gene function in the shoot apex. **Plant Physiol.** 167: 424–442 (2015).

Kaya, H., Nakajima, R., Iwano, M., Kanaoka, M.M., Kimura, S., Takeda, S., Kawarazaki, T., Senzaki, E., Hamamura, Y., Higashiyama, T., Takayama, S., Abe, M., Kuchitsu, K.

Ca²⁺-activated ROS production by AtRbohH and AtRbohJ is essential for proper pollen tube tip growth. **Plant Cell** 26: 1069–1080 (2014).

Miyazaki, Y., Maruyama, Y., Chiba, Y., Kobayashi, M.J., Joseph, B., Shimizu, K.K., Mochida, K., Hiura, T., Kon, H., and Satake, A. Nitrogen as a key regulator of flowering in *Fagus crenata*: Understanding the physiological mechanism of masting by gene expression analysis. **Ecol. Lett.** 17: 1299–1309 (2014).

Szovenyi, P., Devos, N., Weston, D.J., Yang, X., Hock, Z., Shaw, J.A., Shimizu, K.K., McDaniel, S., and Wagner, A. Efficient purging of deleterious mutations in plants with haploid selfing. **Genome Biol. Evol.** 6: 1238–1252 (2014).

Ishida, T., Tabata, R., Yamada, M., Aida, M., Mitsumasu, K., Fujiwara, M., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Higuchi, M., Tsuji, H., Shimamoto, K., Hasebe, M., Fukuda, H., and Sawa, S. Heterotrimeric G proteins control stem cell proliferation through CLAVATA signaling in *Arabidopsis*. **EMBO rep.** 15: 1202–1209 (2014).

Fujikawa, Y., Nakanishi, T., Kawakami, H., Yamasaki, K., Sato, H.M., Tsuji, H., Matsuoka, M., and Kato, N. Split luciferase complementation assay to detect regulated protein-protein interactions in rice protoplasts in a large-scale format. **Rice** 7:11 (2014).

Pasque, V., Tchieu, J., Karnik, R., Uyeda, M., Sadhu, Dimashkie. A., Case, D., Papp, B., Bonora, G., Patel, S., Ho, R., Schmidt, R., McKee, R., Sado, T., Tada, T., Meissner, A., and Plath, K. X chromosome reactivation dynamics reveal stages of reprogramming to pluripotency. **Cell** 159: 1681–1697 (2014).

Nakajima, T., and Sado, T. Current view of the potential roles of proteins enriched on the inactive X chromosome. **Genes Genet. Syst.** 89: 151–157 (2014).

Yamamoto, N., Suzuki, T., Kobayashi, M., Dohra, H., Sasaki, Y., Hirai, H., Yokoyama, K., Kawagishi, H., and Yano, K. A-WINGS: an integrated genome database for *Pleurocybella porrigens* (Angel's wing oyster mushroom, Sughiratake). **BMC Res. Notes** 7: 866 (2014).

Furumizu, C., Alvarez, J.P., Sakakibara, K., and Bowman, J.L. Antagonistic roles for *KNOX1* and *KNOX2* genes in patterning the land plant body plan following an ancient gene duplication. **PLoS Genet.** 11: e1004980 (2015).

Tamada, Y., Murata, T., Hattori, M., Oya, S., Hayano, Y., Kamei, Y., and Hasebe, M. Optical property analyses of plant cell for adaptive optics microscopy. **Int. J. Optomechatronics** 8: 89–99 (2014).

Sakakibara, K., Reisewitz, P., Aoyama, T., Friedrich, T., Ando, S., Sato, Y., Tamada, Y., Nishiyama, T., Hiwatashi, Y., Kurata, T., Ishikawa, M., Deguchi, H., Rensing, S.A., Werr, W., Murata, T., Hasebe, M., and Laux, T. *WOX13-like* genes are required for reprogramming of leaf and protoplast cells into stem cells in the moss *Physcomitrella patens*. **Development** 141: 1660–1670 (2014).

Hettiarachchi, N., Kryukov, K., Sumiyama, K., and Saitou, N. Lineage specific conserved noncoding sequences of plant genomes: their possible role in nucleosome positioning. **Genome Biol. Evol.** 6: 2527–2542 (2014).

Mizuno, R., Kamioka, Y., Kabashima, K., Imajo, M., Sumiyama, K., Nakasho, E., Ito, T., Hamazaki, Y., Okuchi, Y., Sakai, Y., Kiyokawa, E., and Matsuda, M. *In vivo* FRET imaging of activities of PKA and ERK during neutrophil recruitment to inflamed intestines. **J. Exp. Med.** 211: 1123–1136 (2014).

Oka, A., and Shiroishi, T. Regulatory divergence of X-linked genes and hybrid male sterility in mice. **Genes Genet. Syst.** 89: 99–108 (2014).

Kimura, R., Murata, C., Kuroki, Y., and Kuroiwa, A. Mutations in the Testis-Specific Enhancer of SOX9 in the SRY Independent Sex-Determining Mechanism in the Genus Tokudaia. **PLoS ONE.** 9: e108779 (2014).

Mimura, M., and Itoh, J. Genetic interaction between rice *PLASTOCHRON* genes and the gibberellin pathway in leaf development. **RICE** 7:25 (2014).

Yoshikawa, T., Ito, M., Sumikura, T., Nakayama, A., Nishimura, T., Kitano, H., Yamaguchi, I., Koshiba, T., Hibara, K., Nagato, Y., and Itoh, J. The rice *FISH BONE* gene encodes a tryptophan aminotransferase, which affects pleiotropic auxin-related processes. **Plant J.** 78: 927–936 (2014).

Kuwayama, H., Gotoh, H., Konishi, Y., Nishikawa, H., Yaginuma, T., and Niimi, T.

Establishment of transgenic lines for jumpstarter method using a composite transposon vector in the ladybird beetle, *Harmonia axyridis*. **PLoS ONE** 9: e100804 (2014)

Yin, K., Ueda, M., Takagi, H., Kajihara, T., Sugamata-Aki, S., Nobusawa, T., Umeda-Hara, C., Umeda, M.: A dual-color marker system for in vivo visualization of cell cycle progression in *Arabidopsis*. **Plant J.** 80: 541–552 (2014).

Hara, T., Katoh, H., Ogawa, D., Kagawa, Y., Sato, Y., Kitano, H., Nagato, Y., Ishikawa, R., Ono, A., Kinoshita, T., Takeda, S., and Hattori, T. Rice SNF2 family helicase ENL1 is essential for syncytial endosperm development. **Plant J.** 81: 1–12 (2015).

Ohnishi, Y., Hoshino, R., and Okamoto, T. Dynamics of male and female chromatin during karyogamy in rice zygotes. **Plant Physiol.** 165: 1533–1543 (2014).

Ohnishi, Y., and Okamoto, T. Karyogamy in rice zygotes: Actin filament-dependent migration of sperm nucleus, chromatin dynamics, and *de novo* gene expression. **Plant Signal. Behav.** 10: e989021 (2015).

Kim, J.M., Sasaki, T., Ueda, M., Sako, K., and Seki, M. Chromatin changes in response to drought, salinity, heat and cold stresses in plants. **Front. Plant Sci.** 6: 114 (2015).

Matsui, A., Mizunashi, K., Tanaka, M., Kaminuma, E., Nguyen, A.H., Nakajima, M., Kim, J.M., Van, D.N., Toyoda, T., and Seki, M. tasiRNA-ARF pathway moderates floral architecture in plants subjected to drought and high-salinity stress. **BioMed Res. Int.** 2014: 303451 (2014).

Kobayashi, I., Handa, N., and Kusano, K. DNA Double-strand breaks and their consequences in bacteria and their genomes. **eLS.** Wiley, A21652 (2014).

Kanaoka, M.M. Pollen tube guidance toward the ovule. In: **Atlas of Plant Cell Structure** Noguchi, T., Kawano, S., Tsukaya, H., Matsunaga, S., Sakai, A., Karahara, I., and Hayashi, Y. Eds., Springer, pp.174-175 (2014).

Kanaoka, M.M. Protoplasts from plant female gametophytes. In: **Atlas of Plant Cell Structure** Noguchi, T., Kawano, S., Tsukaya, H., Matsunaga, S., Sakai, A., Karahara, I., and Hayashi, Y. Eds., Springer, pp.178-179 (2014).

Kobayashi, M., Ohyanagi, H., and Yano, K. Omics Databases and Gene Expression Networks in Plant Sciences. In: **Omics Technologies and Crop Improvement**. Benkeblia, N. Eds., CRC Press, pp.1-14 (2014).

Yoshida, K., Makino, T., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Hasebe, M., Kawata, M., Kume, M., Mori, S., Peichel, C.L., Toyoda, A., Fujiyama, A., and Kitano, J. Sex chromosome turnover contributes to genomic divergence between incipient stickleback species. **PLoS Genet.** 10: e1004223 (2014).

Bachtrog, D., Mank, J.E., Peichel, C.L., Kirkpatrick, M., Otto, S.P., Ashman, T.L., Hahn, M.W., Kitano, J., Mayrose, I., Ming, R., Perrin, N., Ross, L., Valenzuela, N., and Vamosi, J.C. Sex determination: Why so many ways of doing it? **PLoS Biol.** 12: e1001899. (2014)

Tamate, C.S., Kawata, M., and Makino, T. Contribution of non-ohnologous duplicated genes to high habitat variability in mammals. **Mol. Biol. Evol.** 31: 1779-1786 (2014).

Ravinet, M., Takeuchi, N., Kume, M., Mori, S., and Kitano, J. Comparative analysis of Japanese three-spined stickleback clades reveals the Pacific Ocean lineage has adapted to freshwater environments while the Japan Sea lineage has not. **PLoS ONE** 9: e112404 (2014).

Kawajiri, M., Yoshida, K., Fujimoto, S., Mokodongan, D., Ravinet, M., Kirkpatrick, M., Yamahira, K., and Kitano, J. Ontogenetic stage-specific quantitative trait loci contribute to divergence in developmental trajectories of sexually dimorphic fins between medaka populations. **Mol. Ecol.** 23: 5258-5275. (2014)

Fujimoto, S., Kawajiri, M., Kitano, J., Yamahira, K. Female mate preference for longer fins in medaka. **Zoolog. Sci.** 31: 703-708 (2014).

Kusakabe, M., Ishikawa, A., and Kitano, J. Relaxin-related gene expression differs between anadromous and stream-resident stickleback (*Gasterosteus aculeatus*) following seawater transfer. **Gen. Comp. Endocrinol.** 205: 197-206 (2014).

Ashman, T.L., Bachtrog, D., Blackmon, H., Goldberg, E., Hahn, M., Kirkpatrick, M., Kitano, J., Mank, J., Mayrose, I., Ming, R., Otto, S.P., Peichel, C.L., Pennell, M.W., Perrin, N., Ross, L., Valenzuela, N., and Vamosi, J.C. Tree of Sex: A database of sexual systems. **Sci. Data** 1:

140015 (2014).

Kimura, K.I., Sato, C., Yamamoto, K., and Yamamoto, D. From the back or front: the courtship position is a matter of smell and sight in *Drosophila melanogaster* males. **J. Neurogenet.** 29: 18-22 (2015).

Kimura, S., Sakakibara, Y., Sato, K., Ote, M., Ito, H., Koganezawa, M., and Yamamoto, D. The *Drosophila* Lingerer protein cooperates with Orb2 in long-term memory formation. **J. Neurogenet.** 29: 8-17 (2015).

Takayanagi, S., Toba, G., Lukacsovich, T., Ote, M., Sato, K., and Yamamoto, D. A *fruitless* upstream region that defines the species specificity in the male-specific muscle patterning in *Drosophila*. **J. Neurogenet.** 29: 23-29 (2015).

Sato, K., and Yamamoto, D. An epigenetic switch of the brain sex as a basis of gendered behavior in *Drosophila*. **Adv. Genet.** 86: 46-63 (2014).

Yamamoto, D. Epigenetic Shaping of Sociosexual Interactions: **From Plants to Humans.** Elsevier, Waltham, USA, p.314 (2014).

平成 27 年度

Iwano, M., Ito, K., Fujii, S., Kakita, M., Asano-Shimosato, H., Igarashi, M., Kaothien-Nakayama, P., Entani, T., Kanatani, A., Takehisa, M., Tanaka, M., Komatsu, K., Shiba, H., Nagai, T., Miyawaki, A., Isogai, A., and Takayama, S. Calcium signalling mediates self-incompatibility response in the Brassicaceae. **Nat. Plants** 1: 15128 (2015).

Murase, K., Sugai, Y., Hayashi, S., Suzuki, Y., Tsujii, K., and Takayama, S. Generation of transgenic *Linum perenne* by *Agrobacterium*-mediated transformation. **Plant Biotech.** 32: 349–352 (2015).

Murase, K., Hirano, Y., Takayama, S., and Hakoshima, T. Efficient expression of SRK intracellular domain by modeling-based protein engineering. **Protein Expr. Purif.** 131: 70–75 (2016).

Kudo, T., Sasaki, Y., Terashima, S., Matsuda-Imai, N., Takano, T., Saito, M., Kanno, M., Ozaki, S., Suwabe, K., Suzuki, G., Watanabe, M., Matsuoka, M., Takayama, S., and Yano, K.

Identification of reference genes for quantitative expression analysis using large scale RNA-seq data of *Arabidopsis thaliana* and model crop plants. **Genes Genet. Syst.** 91: 111–125 (2016).

Tonosaki, K., and Kinoshita, T. Possible roles for polycomb repressive complex 2 in cereal endosperm. **Front. Plant Sci.** 6: 144 (2015).

Kosugi, A., Tamaru, J., Gotou, K., Furihata, H., Shimizu, A., Kawabe, A., and Harada, E. Metal accumulation by *Arabidopsis halleri* subsp. *gemmifera* at a limestone mining site. **Aust. J. Botany** 63: 134–140 (2015).

Furihata, H.Y., Suenaga, K., Kawanabe, T., Yoshida, T., and Kawabe, A. Gene duplication, silencing and expression alteration shape the molecular evolution of the *PRC2* genes in Plants. **Genes Genet. Syst.** 91: 85–95 (2016).

Kosugi, A., Nishizawa, C., Kawabe, A., and Harada, E. Zinc accumulation and vegetation ecology in the allotetraploid, *Arabidopsis kamchatica* ssp. *kawasakiana*. **Plant Biotech.** 33: 33–37 (2016).

Shibuya, K., Kinoshita, K., Mizutani, M., Oshima, A., Yamashita, R., and Matsuda, Y. Intraocular ossification in the GSP/pe chicken with imperfect albinism. **Vet. Pathol.** 52: 688–691 (2015).

Srikulnath, K., Uno, Y., Nishida, C., Ota, H., and Matsuda, Y. Karyotype reorganization in the Hokou gecko (*Gekko hokouensis*, Gekkonidae): the process of microchromosome disappearance in Gekkota. **PLoS ONE** 10: e0134829 (2015).

Matsuda, Y., Uno, Y., Kondo, M., Gilchrist, M.J., Zorn, A.M., Rokhsar, D.S., Schmid, M., and Taira, M. A new nomenclature of *Xenopus laevis* chromosomes based on the phylogenetic relationship to *Silurana/Xenopus tropicalis*. **Cytogenet. Genome Res.** 145: 187–191 (2015).

Uno, Y., Nishida, C., Takagi, C., Igawa, T., Ueno, N., Sumida, M., and Matsuda, Y. Extraordinary diversity in the origins of sex chromosomes in anurans inferred from comparative gene mapping. **Cytogenet. Genome Res.** 145: 218–229 (2015).

Hikosaka, A., Uno, Y., and Matsuda, Y. Distribution of the T2-MITE family transposons in the *Xenopus (Silurana) tropicalis* genome. **Cytogenet. Genome Res.** 145: 230–242 (2015).

Nakamura, Y., Iwasaki, T., Umei, Y., Saotome, K., Nakajima, Y., Kitahara, S., Uno, Y., Matsuda, Y., Oike, A., Kodama, M., and Nakamura, M. Molecular cloning and characterization of oocyte-specific *Pat1a* in *Rana rugosa* frogs **J. Exp. Zool. A.** 323: 516–526 (2015).

Suzuki-Hashido, N., Hayakawa, T., Matsui, A., Go, Y., Ishimaru, Y., Misaka, T., Abe, K., Hirai, H., Satta, Y., and Imai, H. Rapid expansion of phenylthiocarbamide non-tasters among Japanese macaques. **PLoS ONE** 10: e0132016 (2015).

Matsubara, K., O’Meally, D., Azad, B., Georges, A., Sarre, S.D., Graves, J.A.M., Matsuda, Y., and Ezaz, T. Amplification of microsatellite repeat motifs is associated with the evolutionary differentiation and heterochromatinization of sex chromosomes in *Sauropsida*. **Chromosoma** 125: 111–123 (2016).

Matsubara, K., Uno, Y., Srikulnath, K., Matsuda, Y., Miller, E., and Olsson, M. No interstitial telomeres on autosomes but remarkable amplification of telomeric repeats on the W sex chromosome in the sand lizard (*Lacerta agilis*). **J. Hered.** 106: 753–757 (2015).

Matsubara, K., Uno, Y., Srikulnath, K., Seki, R., Nishida, C., and Matsuda, Y. Molecular cloning and characterization of satellite DNA sequences from constitutive heterochromatin of the habu snake (*Protobothrops flavoviridis*, Viperidae) and the Burmese python (*Python bivittatus*, Pythonidae). **Chromosoma** 124: 529–539 (2015).

Carelli, F.N., Hayakawa, T., Go, Y., Imai, H., Warnefors, M., and Kaessmann, H. The life history of retrocopies illuminates the evolution of new mammalian genes. **Genome Res.** 26: 301–314 (2016).

Miyazaki, S., Kimura, H., Natsume, N., Asami, T., Hayashi, K., Kawaide, H., and Nakajima, M. Analysis of ent-kaurenoic acid by ultra performance liquid chromatography-tandem mass spectrometry. **Biochem. Biophys. Reports** 2: 103–107 (2015).

Gan, L., Wu, H., Wu, D., Zhang, Z., Guo, Z., Yang, N., Xia, K., Zhou, X., Oh, K., Matsuoka, M., Ng, D., and Zhu, C. Methyl jasmonate inhibits lamina joint inclination by repressing brassinosteroid biosynthesis and signaling in rice. **Plant Sci.** 241: 238–245 (2015).

Maeda, S., Sakazono, S., Masuko-Suzuki, H., Taguchi, M., Yamamura, K., Nagano, K., Endo, T.,

Saeki, K., Osaka, M., Nabemoto, M., Ito, K., Kudo, T., Kobayashi, M., Kawagishi, M., Fujita, K., Nanjo, H., Shindo, T., Yano, K., Suzuki, G., Suwabe, K. and Watanabe, M. Comparative analysis of microRNA profiles of rice anthers between cool-sensitive and cool-tolerant cultivars under cool-temperature stress. **Genes Genet. Syst.** 91: 97–109 (2016).

Matsuba, A., Fujii, M., Lee, S.S., Suzuki, G., Yamamoto, M. and Mukai, Y. Molecular cytogenetic use of BAC clones in *Neofinetia falcata* and *Rhynchosyilis coelestis*. **Nucleus** 58: 207–210 (2016).

Saha, G., Park, J.-I., Jung, H.-H., Ahmed, N. U., Chung, M.-Y., Hur, Y., Gu, Y.-G., Watanabe, M. and Nou, I.-S. Genome-wide identification and characterization of MADS-box family genes related to organ development and stress resistance in *Brassica rapa*. **BMC Genomics** 16: 178 (2015).

Sunaga, S., Akiyama, N., Miyagi, R., and Takahashi, A. Factors underlying natural variation in body pigmentation of *Drosophila melanogaster*. **Genes Genet. Syst.** 91: 127–137 (2015).

Miyagi, R., Akiyama, N., Osada, N., and Takahashi, A. Complex patterns of cis-regulatory polymorphisms in ebony underlie standing pigmentation variation in *Drosophila melanogaster*. **Mol. Ecol.** 24: 5829–5841 (2015).

Matsumoto, T., Mineta, K., Osada, N., and Araki, H. An individual-based diploid model predicts limited conditions under which stochastic gene expression becomes advantageous. **Front. Genet.** 6: 336 (2015).

Osada, N. Genetic diversity in humans and non-human primates and its evolutionary consequences. **Genes Genet. Syst.** 90: 133–145 (2015).

Huang, C.-Li, Pu, P.-H., Huang, H.-J., Sung, H.-M., Liaw, H.-J., Chen, Y.-M., Chen, C.-M., Huang, M.-B., Osada, N., Gojobori, T., Pai, T.-W., Chen, Y.-T., Hwang, C.-C., and Chiang, T.-Y. Ecological genomics in *Xanthomonas*: the nature of genetic adaptation with homologous recombination and host shifts. **BMC Genomics** 16: 188 (2015).

Mineta, K., Matsumoto, T., Osada, N., and Araki, H. Population genetics of non-genetic traits: evolutionary roles of stochasticity in gene expression. **Gene** 562: 16-21 (2015).

Osada, N., Hettiarachchi, N., Babarinde, I. A., Saitou, N., and Blancher, A. Whole-genome sequencing of six Mauritian cynomolgus macaques (*Macaca fascicularis*) reveals a genome-wide pattern of polymorphisms under extreme population bottleneck. **Genome Biol. Evol.** 7: 821–830 (2015).

Uno, Y., Uehara, S., Kohara, S., Osada, N., Murayama, N., and Yamazaki, H. *CYP2D44* polymorphisms in cynomolgus and rhesus macaques. **Mol. Biol. Rep.** 42: 1149–1155 (2015).

Maqbool, A., Saitoh, H., Franceschetti, M., Stevenson, C.E.M., Uemura, A., Kanzaki, H., Kamoun, S., Terauchi, R., and Banfield, M.J. Structural basis of pathogen recognition by an integrated HMA domain in a plant NLR immune receptor. **eLIFE** 4: e08709 (2015).

Fujisaki, K., Abe, Y., Ito, A., Saitoh, H., Yoshida, K., Kanzaki, H., Kanzaki, E., Utsushi, H., Yamashita, T., Kamoun, S., and Terauchi, R. Rice Exo70 interacts with a fungal effector AVR-Pii and is required for AVR-Pii-triggered immunity. **Plant J.** 83:875–887 (2015).

Tamiru, M., Undan, J.R., Takagi, H., Abe, A., Yoshida, K., Undan, J.Q., Natsume, S., Uemura, A., Saitoh, H., Matsumura, H., Urasaki, N., Yokota, T., and Terauchi, R. A cytochrome P450, OsDDS1, is involved in growth and drought stress responses in rice (*Oryza sativa* L.). **Plant Mol. Biol.** 88: 85–99 (2015).

Tamiru, M., Takagi, H., Abe, A., Yokota, T., Kanzaki, H., Okamoto, H., Saitoh, H., Takahashi, H., Fujisaki, K., Oikawa, K., Uemura, A., Natsume, S., Jikumaru, Y., Matuura, H., Umemura, K., Tery, M.J., and Terauchi, R. A chloroplast-localized protein LESION AND LAMINA BENDING affects defence and growth responses in rice. **New Phytol.** 210: 1282–1297 (2016).

Terauchi, R., Abe, A., Takagi, H., Tamiru, M., Fekih, R., Natsume, S., Yaegashi, H., Kosugi, S., Kanzaki, H., Matsumura, H., Saitoh, H., Yoshida, K., Cano, L., and Kamoun, S. Whole genome sequencing to identify genes and QTL in rice. In: Sablok G. et al. (eds.) **Advances in the Understanding of Biological Sciences Using Next Generation Sequencing (NGS) Approaches**. Springer, pp.33–42 (2015).

Kojima, K.K., and Kobayashi, I. (2015) Transmission of the *PabI* family of restriction DNA glycosylase genes: mobility and long-term inheritance. **BMC Genomics** 16: 817 (2015).

Furuta, Y., Konno, M., Osaki, T., Yonezawa, H., Ishige, T., Imai, M., Shiwa, Y., Shibata-Hatta, M., Kanasaki, Y., Yoshikawa, H., Kamiya, S., Kobayashi, I. Microevolution of Virulence-Related Genes in *Helicobacter pylori* Familial Infection. **PLoS ONE** 10: e0127197 (2015).

Fukuyo, M., Nakano, T., Zhang, Y., Furuta, Y., Ishikawa, K., Watanabe-Matsui, M., Yano, H., Hamakawa, T., Ide, H., and Kobayashi, I. Restriction-modification system with methyl-inhibited base excision and abasic-site cleavage activities. **Nucleic Acids Res.** 43: 2841–2852 (2015).

Ono, R., Ishii, M., Fujihara, Y., Kitazawa, M., Usami, T., Kaneko-Ishino, T., Kanno, J., Ikawa, M., and Ishino, F. Double strand break repair by capture of retrotransposon sequences and reverse-transcribed spliced mRNA sequences in mouse zygotes. **Sci. Rep.** 5: 12281 (2015).

Irie, M., Yoshikawa, M., Ono, R., Iwafune, H., Furuse, T., Yamada, I., Wakana, S., Yamashita, Y., Abe, T., Ishino, F., and Kaneko-Ishino, T. Cognitive Function Related to the Sirh11/Zcchc16 Gene Acquired from an LTR Retrotransposon in Eutherians. **PLoS Genet.** 11: e1005521 (2015).

Tameshige, T., Hirakawa, Y., Torii, K.U., and Uchida, N. Cell walls as a stage for intercellular communication regulating shoot meristem development. **Front. Plant Sci.**, 6: 324 (2015).

Kanaoka, M.M., and Higashiyama, T. Peptide signaling in pollen tube guidance. **Curr. Opin. Plant Biol.** 28: 127–136 (2015).

Kaya, H., Iwano, M., Takeda, S., Kanaoka, M.M., Kimura, S., Abe, M., and Kuchitsu, K. Apoplastic ROS production upon pollination by RbohH and RbohJ in *Arabidopsis*. **Plant Signal. Behav.** 10: e989050 (2015).

Menardo, F., Praz, C., Wyder, S., Ben-David, R., Bourras, S.A., Matsumae, H., McNally, K.E., Parlange, F., Riba, A., Roffler, S., Schaefer, L.K., Shimizu, K.K., Valenti, L., Zbinden, H., Wicker, T., and Keller, B. Hybridization of powdery mildew strains gives raise to pathogens on novel agricultural crop species. **Nat. Genet.** 48: 201–205 (2016).

Shimizu, K.K., and Tsuchimatsu, T. Evolution of selfing: recurrent patterns in molecular adaptation. **Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.** 46: 593–622 (2015).

Takeuchi, Y., Chaffron, S., Salcher, M.M., Shimizu-Inatsugi, R., Kobayashi, M.J., Diway, B.,

von Mering, C., Pernthaler, J., and Shimizu, K.K. Bacterial diversity and composition in the fluid of pitcher plants of the genus *Nepenthes*. **Syst. Appl. Microbiol.** 38: 330–339 (2015).

Tedder, A., Carleial, S., Golebiewska, M., Kappel, C., Shimizu, K.K., and Stift, M. Evolution of the selfing syndrome in *Arabidopsis thaliana* (Brassicaceae). **PLoS ONE** 10: e0126618 (2015).

Stockenhuber, R., Zoller, S., Shimizu-Inatsugi, R., Gugerli, F., Shimizu, K.K., Widmer, A., Fischer, M.C. Efficient detection of novel nuclear markers for Brassicaceae by transcriptome sequencing. **PLoS ONE** 10: e0128181 (2015).

Tedder, A., Helling, M., Pannell, J.R., Shimizu-Inatsugi, R., Kawagoe, T., van Campen, J., Sese, J., and Shimizu, K.K. Female sterility is associated with increased clonal propagation in populations of *Cardamine amara* (Brassicaceae). **Ann. Bot.** 115: 763–776 (2015).

Akamatsu, A., Shimamoto, K., and Kawano, Y. Crosstalk of signaling mechanisms involved in host defense and symbiosis against microorganisms in rice. **Curr. Genomics** 17: 297–307 (2016).

Akamatsu, A., Uno, K., Kato, M., Wong, H.L., Shimamoto, K., and Kawano, Y. New insights into the dimerization of small GTPase Rac/ROP guanine nucleotide exchange factors in rice. **Plant Signal. Behav.** 10: e1044702 (2015).

Liu, L., Park, C.H., He, F., Nagano, M., Wang, M., Bellizzi, M., Zeng, X., Liu, W., Ning, Y., Kawano, Y., and Wang, G.L. The RhoGAP SPIN6 associates with SPL11 and OsRac1 and negatively regulates programmed cell death and innate immunity in rice. **PLoS Pathog.** 11: e1004629 (2015).

Amakawa, Y., Sakata, Y., Hoki, Y., Arata, S., Shioda, S., Fukagawa, T., Sasaki, H., Sado, T. A new *Xist* allele driven by a constitutively active promoter is dominated by *Xist* locus environment and exhibits the parent-of-origin effects. **Development** 142: 4299–4308 (2015)

Sarkar, M.K., Gayen, S., Kumar, S., Maclary, E., Buttigieg, E., Hinten, M., Kumari, A., Harris, C., Sado, T., and Kalantry, S. An *Xist*-activating antisense RNA required for X-chromosome inactivation. **Nat. Commun.** 6: 8564 (2015).

Yamamoto, N., Kudo, T., Fujiwara, S., Takatsuka, Y., Hirokawa, Y., Tsuzuki, M., Takano, T., Kobayashi, M., Suda, K., Asamizu, E., Yokoyama, K., Shibata, D., Tabata, S., Yano, K. Pleurochrysome: A web-database of Pleurochrysis transcripts and orthologues among heterogeneous algae. **Plant Cell Physiol.** 57: e6 (2016).

Sunagawa, G.A., Sumiyama, K., Ukai-Tadenuma, M., Perrin, D., Fujishima, H., Ukai, H., Nishimura, O., Shi, S., Ohno, R.-i., Narumi, R., Shimizu, Y., Tone, D., Ode, K.L., Kuraku, S. and Ueda, H.R. Mammalian reverse genetics without crossing reveals *Nr3a* as a short-sleeper gene. **Cell Rep.** 14: 1–16 (2016).

Noguchi, M., Sumiyama, K. and Morimoto, M. Directed migration of pulmonary neuroendocrine cells toward airway branches organizes the stereotypic location of neuroepithelial bodies. **Cell Rep.** 13: 1–8 (2016).

Goto, A., Nakahara, I., Yamaguchi, T., Kamioka, Y., Sumiyama, K., Matsuda, M., Nakanishi, S., and Funabiki, K. Circuit-dependent striatal PKA and ERK signaling underlies rapid behavioral shift in mating reaction of male mice **Proc. Natl. Acad. Sci. USA.** 112: 6718–6723 (2015).

Murata, C., Kuroki, Y., Imoto, I., Tsukahara, M., Ikejiri, N., Kuroiwa, A. Initiation of recombination suppression and PAR formation during the early stages of neo-sex chromosome differentiation in the Okinawa spiny rat, *Tokudaia muenninki*. **BMC Evol. Biol.** 15:234 (2015).

Dechkrong, P., Yoshikawa, T., and Itoh, J. Morphological and molecular dissection of leaf development in wild-type and various morphogenetic mutants in rice. **American J. Plant Sci.** 6: 1215–1232 (2015).

Gotoh, H., Nishikawa, H., Sahara, K., Yaginuma, T., and Niimi, T. A new molecular technique for determining the sex of *Harmonia axyridis*. **J. Insect Biotechnol. Sericol.** 84: 9–15 (2015).

Hatakeyama, M., Yatomi, J., Sumitani, M., Takasu, Y., Sekiné, K., Niimi, T., and Sezutsu, H. Knockout of a transgene by transcription activator-like effector nucleases (TALENs) in the sawfly, *Athalia rosae* (Hymenoptera) and the ladybird beetle, *Harmonia axyridis* (Coleoptera). **Insect Mol. Biol.** 25: 24–31 (2016).

Gooh, K., Ueda, M., Aruga, K., Park, J., Arata, H., Higashiyama, T., AND Kurihara, D. Live-Cell Imaging and Optical Manipulation of Arabidopsis Early Embryogenesis. **Dev. Cell** 34: 242–251 (2015).

Maruyama, D., Völz, R., Takeuchi, H., Mori, T., Igawa, T., Kurihara, D., Kawashima, T., Ueda, M., Itoh, M., Umeda, M., Nishikawa, S., Groß-Hardt, R., and Higashiyama, T. Rapid elimination of the persistent synergid through a cell-fusion for polytubey block. **Cell** 161: 907–918 (2015).

Yamaguchi, E., Wang, C., Fukazawa, A., Taki, M., Sato, Y., Sasaki, T., Ueda, M., Sasaki, N., Higashiyama, T., and Yamaguchi, S. Environment-sensitive fluorescent probe: a benzophosphole oxide with an electron-donating substituent. **Angew. Chem. Int. Ed. Engl.** 54: 4539–4543 (2015).

Suzuki, M., Sato, Y., Wu, S., Kang, B.-H., McCarty, D.R. Conserved functions of the MATE transporter BIG EMBRYO 1 in regulation of lateral organ size and initiation rate. **Plant Cell** 27: 2288–2300 (2015).

Ohnishi, Y., and Okamoto, T. Microscopic observation, three-dimensional reconstruction, and volume measurements of sperm nuclei. **Bio Protocol** 5: e1437 (2015).

Soko, K., Kim, J.-M., Matsui, A., Nakamura, K., Tanaka, M., Kobayashi, M., Saito, K., Nishino, N., Kusano, M., Taji, T., Yoshida, M., and Seki, S. Ky-2, a Histone Deacetylase Inhibitor, Enhances High-Salinity Stress Tolerance in *Arabidopsis thaliana*. **Plant Cell Physiol.** 57: 776–783 (2016).

Kimura, Y., Aoki, S., Ando, E., Kitatsuji, A., Watanabe, A., Ohnishi, M., Takahashi, K., Inoue, S.-i., Nakamichi, N., Tamada, Y., and Kinoshita, T. A flowering integrator, SOC1, affects stomatal opening in *Arabidopsis thaliana*. **Plant Cell Physiol.** 56: 640–649 (2015).

Osada, N., Compensatory Evolution. In: **Encyclopedia of Evolutionary Biology** 1: 329-333 (2016).

Kobayashi, I., Genome evolution: Helicobacter pylori as an extreme model. In: **Helicobacter pylori Research: From Bench to Bedside**. Backert, S., and Yamaoka Y. Eds., Springer pp.217-231 (2016).

Mruk, I., and Kobayashi, I. Epigenetics mediated by restriction-modification systems. In: **Stress and Environmental Control of Gene Expression in Bacteria**. de Bruijn, F.J. Eds., Wiley

(2016).

Kobayashi, M., Ohyanagi, H., and Yano, K. Chapter 13 Omics Analysis and Databases for Plant Science. In: **Genomics, Proteomics and Metabolomics in Nutraceuticals and Functional Foods, Second Edition**. Bagchi, D., Swaroop, A., and Bagchi, M. Eds., Wiley, pp.150-159 (2015).

Kobayashi, M., Ohyanagi, H., and Yano, K. Expression Analysis and Genome Annotations with RNA Sequencing. In: **Advances in the Understanding of Biological Sciences Using Next Generation Sequencing (NGS) Approaches**. Sablok, G. et al. Eds., Springer, pp.1-12. (2015).

Kobayashi, M., Ohyanagi, H., and Yano, K. Databases for Solanaceae and Cucurbitaceae Research. In: **Functional Genomics and Biotechnology in Solanaceae and Cucurbitaceae Crops**. Ezura, H., Ariizumi, T., Garcia-Mas, J., and Rose, J. Eds., Springer, (2016).

Kawajiri, M., Fujimoto, S., Yoshida, K., Yamahira, K., and Kitano, J. Genetic architecture of the variation in male-specific ossified processes on the anal fins of Japanese medaka. **G3** 5: 2875-2884 (2015).

Matsunami, M., Kitano, J., Kishida, O., Michimae, H., Miura, T., and Nishimura, K. Transcriptome analysis of predator- and prey-induced phenotypic plasticity in the Hokkaido salamander (*Hynobius retardatus*). **Mol. Ecol.** 24: 3064–3076 (2015).

Pennell, M.W., Kirkpatrick, M., Otto, S.P., Vamosi, J., Peichel, C.L., Valenzuela, N., and Kitano, J. Y fuse? Sex chromosome fusions in fishes and reptiles. **PLoS Genet.** 11: e1005237 (2015).

White, M.A., Kitano, J. and Peichel, C.L. Purifying selection maintains dosage-sensitive genes during degeneration of the threespine stickleback Y chromosome. **Mol. Biol. Evol.** 32:1981-1995 (2015).

Rezansoff, A., Crispo, E., Blair, C., Kitano, J., Vamosi, S., and Rogers, S.M. Toward the genetic origins of a potentially non-native population of threespine stickleback (*Gasterosteus aculeatus*) in Alberta. **Conserv. Genet.** 16: 859-873 (2015).

Sunouchi, K., Koganezawa, M., Yamamoto, D. Requirement of the Tec family tyrosine kinase Btk29A for courtship memory in *Drosophila* males. **Arch. Insect Biochem. Physiol.** 910:

165-174 (2016).

Goto, T., Sato, K., Sone, H., Koganezawa, M., Ito, H., and Yamamoto, D. Zeste tunes the timing of ecdysone actions in triggering programmed tissue degeneration in *Drosophila*. **J. Neurogenet.** 29: 169-173 (2015).

Hara, Y., Koganezawa, M., and Yamamoto, D. The *DmcalD* channel mediates Ca²⁺ inward currents in *Drosophila* embryonic muscles. **J. Neurogenet.** 29: 117-123 (2015).

Kimura, K.-I., Sato, C., Koganezawa, M., and Yamamoto, D. *Drosophila* ovipositor extension in mating behavior and egg deposition involves distinct sets of brain interneurons. **PLoS ONE** 10: e0126445 (2015).

(2) 主な学会発表

平成 23 年度

柴博史, 樽谷芳明, 三浦栄子, 岩野恵, 柿崎智博, 渡辺正夫, 磯貝彰, 高山誠司, エピゲノムを介した自家不和合性対立遺伝子間の優劣性発現制御, 第83回日本遺伝学会, 2011年9月20-22日, 京都. (招待講演)

Takayama, S. Self/non-self discrimination in plant self-incompatibility. **NAIST Global COE International Symposium “Achievements and Future”**, 2011年11月7-9日, 奈良. (招待講演)

Iwano, M., Ito, K., Takayama, S. Molecular mechanisms of self-incompatibility in Brassicaceae. **22nd International Congress of Sexual Plant Reproduction**, 2012年2月13-17日, Melbourne, Australia. (招待講演)

Kubo, K., Enatani, T., Takayama, S. Collaborative non-self recognition system in S-RNase-based self-incompatibility. **8th Solanaceae and 2nd Cucurbitaceae Joint Conference (SOL & ICuGI 2011)**, 2011年11月28日-12月2日, 神戸. (招待講演)

Shiba, H., Tarutani, Y., Miura, E., Watanabe, M., Isogai, A., Takayama, S. Epigenetic regulation of dominance relationships in Brassica self-incompatibility alleles. 第34回日本分子生物学会ワークショップ, 2011年12月13-16日, 横浜. (招待講演)

Tarutani, Y., Miura, E., Shiba, H., Takayama, S. Noncoding RNA and epigenetics in self, non-self recognition in fertilization. **Keystone Symposia on Molecular and Cellular Biology** “Nuclear Events in Plant Gene Expression and Signaling”, 2012年3月6-11日, Taos, USA. (招待講演)

吉田貴徳, 河邊昭, ゲノムインプリンティングがType-I MADS遺伝子の分子進化に及ぼす影響, **日本遺伝学会第83回大会**, 2011, 京都.

大西孝之, 山川博幹, 木下哲, イネの屋内栽培系の開発, **日本遺伝学会**, 2011, 京都. (ワークショップ主催)

Matsuda, Y., Origin and evolution of vertebrate sex determination –From a viewpoint of sex chromosomal evolution–. **International Workshop ‘Evolution of Sex Chromosomes and Sex Determination in Vertebrates’**, April 20–21, 2011, Canberra, Australia.

Matsuda, Y., Comparative genomics: tracking chromosomal evolution in vertebrates. **Biomodulation Symposium: Biotechnology for Future Era**, May 26–27, 2011, Seoul, Korea.

松田洋一, ヘビ類のゲノム・染色体構造とその進化—四肢動物の比較ゲノムの視点から—, **第84回生化学会シンポジウム「生物毒素はどうして生まれたか—二面的多様性とベノミクス—**」, 2011年9月21日, 京都.

松田洋一, 核型進化が語るもの—マイクロ染色体とゲノム構造の区画化, **染色体学会第62回年会シンポジウム「染色体構造—形態と分子の対話—**」, 2011年11月12日, 平塚.

Asano K, Yamasaki M, Takuno S, Miura K, Katagiri S, Ito T, Doi K, Wu J, Ebana K, Matsumoto T, Innan H, Kitano H, Ashikari M, Matsuoka M. Artificial selection for a green revolution gene during japonica rice domestication. **International Symposium of Rice Functional Genomics (9th ISRFG)**, Nov 8, 2011, Taiwan

Fujioka, T., Hamada, K., Hongo, K., Yano, K., Masuko-Suzuki, H., Yamamura, K., Makino, A., Mae, T., Suwabe, K., Suzuki, G., Watanabe, M. NGS transcriptome of

small RNAs in rice male gametophyte development. P0264, **Plant and Animal Genome XX**, Jan 14-18, 2012, San Diego, USA.

Kitano, J., Genomic and functional characterization of a neo-sex chromosome important for stickleback speciation. **Annual Meeting of the Society for Molecular Biology and Evolution (SMBE 2011)**, 2011, Kyoto. (招待講演)

Kitano, J., Genetic basis for invasive colonization in sticklebacks. **141st Annual Meeting of the American Fisheries Society**, 2011, Seattle, USA.

Kitano, J., Physiological Genomics of sticklebacks. **日本動物学会**, 2011, 北海道. (国際ワークショップ主催)

Takahashi, A., Association between Color and Behavior in Drosophila. **Society for Molecular Biology and Evolution**, 2011, Kyoto.

Osada, N., Akashi, H., Compensatory evolution between mitochondrial and nuclear genomes: evidence from primate respiratory chain complex genes. **Society for Molecular Biology and Evolution**, 2011, Kyoto.

高橋文, ショウジョウバエ脳における ebony 発現量変異と性行動の日周活動性について. **日本遺伝学会第 83 回大会**, 2011, 京都.

Osada, N., Inference of population history using a single genome data. **日本分子生物学会第 34 回大会**, 2011, 横浜.

寺内良平、阿部陽、小杉俊一、吉田健太郎、夏目俊、高木宏樹、神崎洋之、松村英生、吉田佳言、三岡周子、宇津志裕恵、Muluneh Tamiru, イネ大規模突然変異系統と RILs を用いた有用遺伝子同定:次世代シーケンサーの活用. **日本遺伝学会第 83 回大会**, 2011, 京都.

Terauchi, R., Genomics reveals Magnaporthe-rice interactions. **International Union of Microbiological Congress**, 2011, 札幌.

Terauchi, R., Genomics reveals Magnaporthe-rice interactions. **Biotechnologia Habana 2011 Conference**, 2011, Havana, Cuba.

Terauchi, R., Genomics reveals Magnaporthe-rice interactions. **Journees Jean Chevaugeron**, 2012, Aussois, France.

平成 24 年度

岩野恵, 高山誠司, STEM トモグラフィ法による植物細胞微細構造の 3D 解析. **第 28 回日本医学生物学電子顕微鏡学会**, 2012 年 5 月 12 日, 盛岡.

高山誠司, 自家不和合性の優劣性を制御する低分子 RNA. **第 6 回日本エピジェネティクス研究会シンポジウム**, 2012 年 5 月 14 日, 東京. (招待講演)

岩野恵, 伊藤花菜江, 小池千恵子, 永井里奈, 高山誠司, バイオイメージングによるアブラナ科植物自家不和合性の生理学的解析. **第 68 回日本顕微鏡学会シンポジウム**, 2012 年 5 月 14 日, つくば.

Ito, K., Nakayama, P., Kakita, M., Shimosato-Asano, H., Iwano, M., Takayama, S. Analysis of intracellular signaling pathway in Brassica self-incompatibility, **23rd International Conference on Arabidopsis Research (ICAR 2012)**, July 4, 2012, Vienna, Austria.

岩野恵, 伊藤花菜江, 浅野 (下里) 裕子, 小池千恵子, 永井里奈, 高山誠司. アブラナ科植物の自家・他家受粉過程の生理学的解析, **第 30 回日本植物細胞分子生物学会**, 2012 年 8 月 4 日, 奈良.

久保健一, 円谷徹之, 高良明枝, 高山誠司. ペチュニア自家不和合性の花粉側因子として機能する新規なタイプの SLFs の機能解析, **第 30 回日本植物細胞分子生物学会**, 2012 年 8 月 4 日, 奈良.

円谷徹之, 磯貝信, 久保健一, 村瀬浩司, 白川昌広, 磯貝彰, 高山誠司. ペチュニア自家不和合性における花粉側因子 SLF の機能解析, **第 30 回日本植物細胞分子生物学会**, 2012 年 8 月 4 日, 奈良.

岩野恵, 伊藤花菜江, 浅野 (下里) 裕子, 高山誠司. アブラナ科植物の自家不和合性の分子機構, **第 83 回日本動物学会**, 2012 年 9 月 13 日, 大阪. (招請講演).

柴博史, 日野沙友里, 桂奈津美, 五十嵐香理, 藤橋大祐, 堀内映実, 鈴木穰, 矢野健太郎,

磯貝彰, 高山誠司. オミクス解析で明らかとなってきた種内雑種特異的な遺伝子発現制御, 日本育種学会第 122 回講演会, 2012 年 9 月 14 日, 京都.

Ikeda, Y., Kinoshita, Y., Susaki, D., Ikeda, Y., Iwano, M., Takayama, S., Higashiyama, T., Kakutani, T., Kinoshita, T. Control of genomic imprinting by a component of the FACT histone chaperon, **10th International Congress on Plant Molecular Biology (IPMB)**, Oct. 22, 2012, Juju, Korea.

Kubo, K., Paape, T., Enatni, T., Hatakeyama, R., Shimizu-Inatsugi, K., Shimizu, K.K., Takayama, S. Identification and characterization of the novel types of S-locus F-boxes (SLFs), the pollen-side determinants of S-RNase-based self-incompatibility in the Solanaceae, **10th International Congress on Plant Molecular Biology (IPMB)**, Oct. 24, 2012, Jeju, Korea.

Entani, T., Kubo, K., Isogai, S., Fukao, Y., Shirakawa, M., Isogai, A., Takayama, S. Ubiquitin-proteasome system-mediated self/non-self discrimination in solanaceous self-incompatibility, **NAIST International Symposium “A New Generation of Plant Embryo Research”**, Oct. 29, 2012, Nara.

Kubo, K., Entani, T., Paape, T., Hatakeyama, M., Shimizu-Inatsugi, R., Shimizu, K.K., Takayama, S. Identification and characterization of the novel types of S-locus F-boxes (SLFs), the pollen -side determinants of S-RNase-based self-incompatibility in the Solanaceae, **The International Symposium on the Mechanisms of Sexual Reproduction in Animals and Plants**, Nov. 14, 2012, Nagoya. (Best Poster Award)

Shimosato-Asano, H., Tarutani, M., Ogawa, Y., Igarashi, M., Ohara, K., Isogai, A., Iwano, M., Takayama, S. Stigma expressed aquaporins AtPIP2s play a role in the control of compatible pollination, **The International Symposium on the Mechanisms of Sexual Reproduction in Animals and Plants**, Nov. 14, 2012, Nagoya.

Igarashi, M., Ohara, K., Iwano, M., Takayama, S. Search for genes involved in cross- and self-pollination in the Brassicaceae, **The International Symposium on the Mechanisms of Sexual Reproduction in Animals and Plants**, Nov. 14, 2012, Nagoya.

Lao, X., Suwabe, K., Niikura, S., Kakita, M., Takayama, S. CO₂-induced self-incompatibility-overcome in the Brassicaceae, **The International Symposium on the**

Mechanisms of Sexual Reproduction in Animals and Plants, Nov. 15, 2012, Nagoya.

Ito, K., Iwano, M., Takayama, S. Analysis of signaling pathway in Brassica self-incompatibility, **The International Symposium on the Mechanisms of Sexual Reproduction in Animals and Plants**, Nov. 15, 2012, Nagoya. (Best Poster Award)

Entani, T., Kubo, K., Isogai, S., Fukao, Y., Shirakawa, M., Isogai, A., Takayama, S. Structural and functional analyses of a protein complex containing SLF, a pollen self-incompatibility determinant of Petunia, **The International Symposium on the Mechanisms of Sexual Reproduction in Animals and Plants**, Nov. 16, 2012, Nagoya.

三浦栄子, 樽谷芳明, 柴博史, 高山誠司. 自家不和合性の優劣性を制御する低分子 RNA, **第 35 回日本分子生物学会ワークショップ「有性生殖におけるゲノム・遺伝子相関」**, 2012 年 12 月 11 日, 福岡. (主催) .

柴博史, 三浦栄子, 樽谷芳明, 磯貝彰, 高山誠司. 植物におけるエピゲノムを介した優劣性発現制御機構の解明, **日本農芸化学会第 2 回関東支部例会**, 2013 年 2 月 9 日, 茨城. (招待講演)

久保健一, 円谷徹之, 梶原貴映, 高山誠司. 自家不和合性ペチュニアの花粉側因子 SLF の自他識別機構の解析, **日本農芸化学会 2013 年度大会**, 2013 年 3 月 26 日, 仙台.

Tetsu Kinoshita, “Role for imprinted genes in interspecies hybridization barrier in rice”, **XXII International Congress on Sexual Plant Reproduction**, Feb. 16, 2012, Melbourne.

関根大輔, 大西孝幸, 古海弘康, 吉野みほ子, 倉田のり, 木下哲, イネの倍数体交雑における胚乳発生異常の解析, **第 53 回植物生理学会**, 2012 年 3 月 16 日, 京都.

Ryo Ishikawa, Takayuki Ohnishi, Yuki Kinoshita, Mitsugu Eiguchi, Nori Kurata and Tetsu Kinoshita,. “Epigenetic Control of Species Hybridization in Plant Endosperm”. -Speciation and Adaptation II, Environment and Epigenetics-, **The 8th Okazaki Biological Conference**, Mar. 22, 2012, Aichi.

関根大輔, 大西孝幸, 古海弘康, 倉田のり, 木下哲, イネの胚乳発生・サイズを制御する父・母ゲノムの効果, **日本育種学会第 121 回講演会**, 2012 年 3 月 29 日, 栃木.

木下哲、変異体解析による作物の形態に關与する遺伝子の解明、植物の種間交雜による胚乳形態変化のルールとイネ属を用いた分子機構の解明、**第 51 回ガンマーフィールドシンポジウム**、2012 年 7 月 11 日、水戸。

Tetsu Kinoshita, Implications of parental genome imbalance for plant endosperm development, -Plant Genetics in Asia-, **日本遺伝学会ワークショップ**、2012 年 9 月 26 日、福岡。

Tetsu Kinoshita, Control of genomic imprinting by a component of the FACT histone chaperon, -Reproductive Organ Development I: Genetic and Epigenetic Aspects of Seed Development-, **The 10th International Congress on Plant Molecular Biology**, Oct. 22, 2012, Juju, Korea. (Session co-chair)

Tetsu Kinoshita, Control of genomic imprinting by a component of the FACT histone chaperon, -A New Generation of Plant Embryo Research-, **NAIST International Symposium**, Oct. 29, 2012, Nara. (Organizer)

池田陽子、木下哲、植物生殖過程におけるリプログラミングとセクシャルコンフリクト、有性生殖におけるゲノム・遺伝子相関、**第 35 回日本分子生物学会年会ワークショップ**、2012 年 12 月 11 日、福岡。

降旗初佳、吉田貴徳、河邊昭、葉緑体ゲノム断片の核移行パターン、**日本遺伝学第 84 回大会**、2012 年 9 月 24 日、福岡。

吉田 貴徳、河邊昭、ゲノムインプリンティングされる type I MADS-box 遺伝子の分子進化、**日本遺伝学会第 84 回大会**、2012 年 9 月 24 日、福岡。

河邊昭、降旗初佳、吉田貴徳、動原体特異性を持つ転移因子 COPIA93/20 ファミリーのアブラナ科植物での存在様式、**日本遺伝学会第 84 回大会**、2012 年 9 月 26 日、福岡。

水野信之、河邊昭、E. Evtushenko、A. Houben、遠藤隆、那須田周平、コムギ祖先種における 2 タイプのセントロメア特異的ヒストン H3 の DNA 変異解析、**日本育種学会第 121 回講演会**、2012 年 3 月 30 日、栃木。

Matsuda Y., The origin and evolutionary process of microchromosomes and chromosome size dependent genomic compartmentalization in vertebrates, **7th**

International Chick Meeting, Nov 18, 2012, Nagoya.

Seung-Hyun Park、中嶋正敏、尹禎敏、大谷征史、浅見忠男、標的因子 DELLA との結合におけるジベレリン受容体の親和性決定領域の研究、**日本農芸化学会 2012 年度大会**、2012 年 3 月、京都。

Seung-Hyun Park、中嶋正敏、尹禎敏、大谷征史、浅見忠男、標的転写因子 DELLA との結合におけるジベレリン受容体 **GID1** の親和性決定領域の研究、**植物化学調節学会 第 47 回大会**、2012 年 10 月、山形県。

田中純夢、竹原清日、瀬瀬永里子、長谷川香織、Park Seung-Hyun、中嶋正敏、五十嵐香理、矢野健太郎、安益公一郎、上口（田中）美弥子、松岡信、カニクサ造精器誘導の解析（The analysis of the antheridium-inducing mechanism in *Lygodium Japonicum*.）、ポスター発表、**第 54 回日本植物生理学会年会**、2013 年 3 月、岡山県。

安益公一郎、横山幸治、土田博子、矢野健太郎、松岡信、新規共発現データベースによる転写因子スクリーニング-花粉壁形成を例に- **第 54 回日本植物生理学会**、2013 年 3 月、岡山県。

大坂正明、松田智貴、藤岡智明、坂園聡美、高橋宏和、中園幹夫、岩野恵、高山誠司、Yong Pyo Lim、鈴木剛、訪部圭太、渡辺正夫、アブラナ科植物における乳頭細胞特異的発現遺伝子群の情報基盤構築。 **第 122 回日本育種学会講演会**、2012 年 9 月 14 日、京都。

Yano, K., Tsuchida, H., Yokoyama, K., Chiba, H., Tada, Y., Mochizuki, T., Suwabe, K., Shimizu, A., Watanabe, M., Matsuoka, M., and Kurata, N. OryzaExpress for rice omics information resources -a new statistical method for gene expression network analysis-. **10th International Symposium on Rice Functional Genomics**, Nov. 26-29, 2012, Chiang Mai, Thailand.

Sakata, T., Tsunaga, Y., Oda, S., Kawagishi-Kobayashi, M., Aya, K., Watanabe, M., Matsuoka, M., and Higashitani, A. Beware of a gene contributing to the Green Revolution in global climate change - Gibberellin signaling is essential to sustain pollen formation under lower temperature conditions in rice plant -. **10th International Congress on Plant Molecular Biology**, Oct. 21-26, 2012, Jeju, Korea.

Oda, S., Tsunaga, Y., Sakata, T., Fujioka, T., Suwabe, K., Watanabe, M., Nagano, K., and Higashitani, A. Trade-off between spikelet number and cool temperature tolerance in rice *Oryza sativa* L. **10th International Congress on Plant Molecular Biology**, Oct. 21-26, 2012, Jeju, Korea.

Maeda, S., Sakazono, S., Yano, K., Yamamura, K., Suzuki, H., Fujioka, T., Nagano, K., Endo, T., Saeki, K., Makino, A., Terauchi, R., Suzuki, G., Suwabe, K., and Watanabe, M., High-throughput sequencing of small RNAs and comparative analysis between two rice cultivars different of cool temperature stress tolerance. **Plant and Animal Genome XXI**, Jan. 12, 2013, San Diego, USA.

Matsuda, T., Osaka, M., Nagasaka, K., Sakazono, S., Takahashi, H., Nakazono, M., Iwano, M., Takayama, S., Lim, Y.P., Suzuki, G., Watanabe, M., and Suwabe, K. Transcriptome analysis of the *Arabidopsis* papilla cell by a combination of laser microdissection and next generation sequencer. **Plant and Animal Genome XXI**, Jan. 12, 2013, San Diego, USA.

松田智貴・大坂正明・長坂香里・坂園聡美・高橋宏和・中園幹生・岩野恵・高山誠司・Yong Pyo Lim・鈴木剛・渡辺正夫・諏訪部圭太, *Arabidopsis* 属植物における乳頭細胞の単離法及び遺伝子情報基盤の構築, 第 20 回日本育種学会中部地区談話会, 2012 年 12 月 8 日, 名古屋.

古田芳一, ピロリ菌日本株の全ゲノム比較解析から見る発癌細菌の適応進化メカニズム、岡山大学第 368 回生物科学セミナー、2012 年 6 月 28 日、岡山.

Koji Yahara, Mikihiro Kawai, Yoshikazu Furuta, Noriko Takahashi, Naofumi Handa, Takeshi Tsuru, Kenshiro Oshima, Masaru Yoshida, Takeshi Azuma, Masahira Hattori, Ikuo Uchiyama, Ichizo Kobayashi. Genome-wide survey of homologous recombination and diversifying selection in an extremely sexual bacterial species, **Annual Meeting of the Society for Molecular Biology and Evolution 2012**, June 23, 2012, Dublin, Ireland.

小林一三、古田芳一、吉田優、東健, ピロリ菌ゲノムに残された相同組換えの痕跡、シンポジウム「H. pylori 基礎研究の最新知見」、S1-7、第 18 回日本ヘリコバクター学会学術集会、2012 年 6 月 29 日、岡山.

古田芳一、小林一三、ピロリ菌 CagA 発がんタンパクの DNA 組換えによる進化、シンポジウム「H. pylori 病原因子と炎症」、第 18 回日本ヘリコバクター学会学術集会、2012 年 6 月 30 日、岡山。

河合幹彦、古田芳一、矢原耕史、南波宏枝、鶴剛史、高橋規子、半田直史、吉田優、大島健志朗、内山郁夫、東健、服部正平、小林一三、「超悪玉発がん細菌」ピロリ菌のゲノム比較から種内進化の新しいしくみへ、第 12 回東京大学生命科学シンポジウム、2012 年 6 月 30 日、東京。

福世真樹、佐々木顕、小林一三：なぜ死ぬのか？ 利他的な「感染防御としての死」仮説の検証、第 12 回東京大学生命科学シンポジウム、2012 年 6 月 30 日、東京。

Koji Yahara,,,,,, Ichizo Kobayashi (15/15). Genome-wide survey of mutual homologous recombination in H. pylori, **10th International Workshop on Pathogenesis and Host Response in Helicobacter Infections**, July 6, 2012, Helsingør, Denmark.

Masaki Fukuyo, Akira Sasaki, Ichizo Kobayashi, Why do we die from infection? Success of an altruistic suicidal defense strategy in a structured habitat, **Evolution**, July 7, 2012, Ottawa, CANADA.

矢原耕史、相同組換えから見た種、**進化学会第 14 回大会ワークショップ「種(species)とは何なのか？原核生物での根源的な問い・Phylogenomics and nature of species in the prokaryotes**」、平成 24 年 8 月 21 日、東京。

福世真樹、佐々木顕、小林一三、なぜ感染で死ぬのか？ 利他的感染防御としての死の集団実験と数理モデルによる検討、**進化学会第 14 回大会**、平成 24 年 8 月 21 日、東京。

Masaki Fukuyo, Akira Sasaki, Ichizo Kobayashi, Why do we die from infection?, **SESJ2012 Symposium: Experimental evolution and conflicts**, August 23, 2012, Tokyo.

Yoko Asakura, Hiroyuki Kojima, Ichizo Kobayashi, Evolutionary genome engineering accelerated by a restriction-modification system, **SESJ2012, Symposium: Experimental evolution and conflicts**, August 23, 2012, Tokyo.

Yoshikazu Furuta, Ichizo Kobayashi, Epigenome evolution—Two mechanisms in alteration of DNA sequence recognition domains in restriction-modification systems. **Bacteria, Archaea & Phages**, August 24, 2012, Cold Spring Harbor, US.

福世真樹, 佐々木顕, 小林一三, 「感染防御戦略としての利他的な死」仮説の検討, 第22回日本数理生物学会大会, シンポジウム「フリーライダーの進化生物学」, 2012年9月12日, 岡山.

矢原耕史、河合幹彦、吉田芳一、高橋規子、半田直史、鶴剛史、大島健志朗、吉田優、東健、服部正平、Dorota Matelska, Stanisław Dunin-Horkawicz, Janusz Bujnicki, 内山郁夫、小林一三, 相同組換え率の分布と多様化選択：細菌でのゲノムワイド解析、日本遺伝学会第84回大会、2012年9月24日、福岡.

小林一三、エピゲノムのデジタルな進化とデザイン、日本遺伝学会第84回大会ワークショップ「細胞創成に向けた遺伝子とゲノムデザインのシナリオ」、2012年9月26日、福岡.

Koji Yahara, Mikihiro Kawai, Yoshikazu Furuta, Noriko Takahashi, Naofumi Handa, Takeshi Tsuru, Kenshiro Oshima, Masaru Yoshida, Takeshi Azuma, Masahira Hattori, Dorota Matelska, Stanisław Dunin-Horkawicz, Janusz Bujnicki, Ikuo Uchiyama, Ichizo Kobayashi, Genome-wide Survey of Homologous Recombination and Diversifying Selection in *H. pylori*, a Highly Sexual Bacterial Species, **Infectious Disease Genomics & Global Health Conference**, Oct. 1, 2012, Cambridge, UK.

K. Yahara, M. Kawai, Y. Furuta, J. Bujnicki, I. Uchiyama, I. Kobayashi : Genome-wide Survey of homologous recombination and diversifying selection in *H. pylori*, a highly sexual bacterial species, **11th International Conference on Molecular Epidemiology and Evolutionary Genetics of Infectious Diseases**, October 31, 2012, New Orleans, US.

小林一三、多様なエピゲノムからの選択によって進化が実現する：細菌の配列特異的DNAメチル化にもとづく仮説、第44回種生物学シンポジウム、2012年12月9日、滋賀.

福世真樹、佐々木顕、小林一三、なぜ死ぬ/進化する？「感染防御戦略としての個体死」
仮説の実験進化による検証、**第 35 回日本分子生物学会年会ワークショップ**「生物進化
への新しいアプローチ」、2012 年 12 月 11 日、福岡.

小林一三、系列間の遺伝情報フラックスとそのバリアー、**第 35 回日本分子生物学会年
会ワークショップ**「原核生物における種の定義:新時代のゲノム微生物学から種の規定
を考える」、2012 年 12 月 12 日、福岡.

吉田芳一、小林一三、DNA 配列認識ドメインの非オーソログタンパク質間の移動、
第 85 回日本生化学会大会、2012 年 12 月 15 日、福岡.

吉田芳一、小林一三、DNA 配列認識ドメインの非オーソログ遺伝子間の移動、**第 7
回日本ゲノム微生物学会年会**、2013 年 3 月 8-10 日、長浜.

矢原耕史、河合幹彦、吉田芳一、高橋規子、半田直史、鶴剛史、大島健志朗、吉田優、
東健、服部正平、Dorota Matelska, Stanis 史、鶴剛史、大島健志朗、核口的 ifying
selection in H. 内山郁夫、小林一三、種内系列間相同組換えと適応進化の関連のゲノム
ワイド解析、**第 7 回日本ゲノム微生物学会年会**、2013 年 3 月 8-10 日、長浜.

吉田芳一、小林一三、Movement of DNA sequence recognition domains between
non-orthologous proteins. **第 8 6 回日本細菌学会総会**、2013 年 3 月 18 日～20 日、幕
張.

Koji Yahara, Yoshikazu Furuta, ition domains betweenon in H. pylori, of Mutual
Homologous Recombination and Diversifying Selection in H. pylori. **第86回日本細菌
学会総会**、2013年3月18日～20日、幕張.

小林一三、系統間の遺伝情報フローとそのバリアー、日本農芸化学会 2013 年度大会シ
ンポジウム「微生物の種・系統とはいったい何なのか？～爆発するゲノム情報から考え
る～」、2013 年 3 月 24 日～28 日、仙台.

小野竜一、成瀬美衣、北澤萌恵、金児・石野知子、石野史敏、「哺乳類特異的レトロトラ
ンスポゾン獲得による胎生進化」、**第 35 回日本分子生物学会年会ワークショップ**、2012
年 12 月 11 日、福岡.

成瀬美衣、小野竜一、日野敏昭、赤塚明、中村健司、横山峯介、石野史敏、金児・石知

子、「哺乳類で新たに獲得された遺伝子 Sirh7 と哺乳類の胎生進化」、第 35 回日本分子生物学会年会ワークショップ、2012 年 12 月 13 日、福岡。

Ryuichi Ono, Mie Naruse, Moe Kitazawa, Jay Cross, Tomoko Kaneko-Ishino, Fumitoshi Ishino, Role of Sushi-ichi retrotransposon-derived imprinted gene, Peg10, in mammalian developments, **63rd Fujihara Seminar 2012- A New Horizon of Retrotransposon Research**, Aug. 1, 2012, Kyoto.

河野洋治、林敬子、赤松明、宝泉雄介、奥田淳、中島綾子、高橋弘喜、吉田均、Hann Ling WONG, 川崎努、島本功、細胞膜上でのNLRファミリー免疫受容体PitによるRhoファミリーGタンパク質OsRac1の活性化がイネ免疫に重要である、第35回日本分子生物学会年会、2012年12月、福岡。

河野洋治、八尾藍、宝泉雄介、島本功、NB-LRR型Rタンパク質Pitのパルミトイル化が細胞膜局在と免疫誘導に重要である、平成24年度日本植物病理学会、2012年3月28日～30日、福岡。

Yoji Kawano, Ai Yao, Yusuke Housen, Ko Shimamoto. Palmitoylation plays an important role in the localization and the immune responses of NB-LRR-type R protein Pit, 第 53 回日本植物生理学会年会, 2012 年 3 月 16 日～18 日, 京都。

Naoyuki Uchida, Tomohiko Ogawa, Kadunari Igari, Masao Tasaka, A novel model system to study the rapid diversification of R genes, **GENETIC STABILITY & CHANGE: Genome maintenance mechanisms in plants**, May 2, 2012, Roscoff, France.

打田直行、植物の形作りにおける未解明の細胞間コミュニケーションを探求する、京都産業大学総合生命科学部 第 20 回生命科学セミナー、2012 年 6 月 6 日、京都。

Naoyuki Uchida, Regulation of inflorescence architecture by novel peptide hormones via communication between endodermis and phloem. **The 23rd International Conference on Arabidopsis Research**, July 2, 2012, Vienna, Austria.

Naoyuki Uchida, Regulation of inflorescence architecture by intertissue layer ligand-receptor communication between endodermis and phloem. **Plant Vascular Development 2012**, July 5, 2012, Vienna, Austria.

Naoyuki Uchida, Regulation of plant vascular stem cells by ERECTA-family receptor kinases. **1st European Workshop on Peptide Signaling in Plants**, Jan. 17, 2013, Oslo, Norway.

打田直行、田坂昌生, 内皮・篩部コミュニケーションを介した花茎の形成層の制御, **第54回日本植物生理学会年会**、2013年3月21日, 岡山.

木村友香、島田昌典、田坂昌生、打田直行, ERECTAファミリー受容体による茎頂分裂組織の制御, **第54回日本植物生理学会年会**、2013年3月21日, 岡山.

岡本智史、相田 光宏、田坂昌生、打田直行, 葉の鋸歯の成長を司るリガンド・受容体ペアの解析, **第54回日本植物生理学会年会**、2013年3月21日, 岡山.

池松朱夏、田坂昌生、打田直行, ERECTAファミリー受容体による胚軸の二次成長における維管束制御, **第54回日本植物生理学会年会**、2013年3月21日, 岡山.

Motoki Kuzuya, Tetsuya Higashiyama, Masahiro Kanaoka, Exploration of a novel pollen tube guidance signal derived from the ovule, **第53回植物生理学会年会**、2012年3月18日、京都.

Masahiro Kanaoka, Motoki Kuzuya, Nao Kawano, Tetsuya Higashiyama, Molecular characterization of pollen tube guidance and its species-specificity in Torenia.- Speciation and Adaptation II, Environment and Epigenetics-, **The 8th Okazaki Biological Conference**, Mar. 23, 2012, Okazaki.

Masahiro Kanaoka, Motoki Kuzuya, Tetsuya Higashiyama, Investigation of pollen tube guidance molecules and their roles for species-specificity in Torenia -The biology of plants, **The LXXVII Cold Spring Harbor Symposium on Quantitative Biology**, June 2, 2012, Cold Spring Harbor Laboratory, USA.

金岡雅浩、青木優里、秋山玲子、東山哲也、清水健太郎、清水（稻継）理恵、植物の異質倍数化がひきおこす新たな環境への適応機構の解析, **高遠シンポジウム**、2012年8月23日、伊那.

葛谷元規、東山哲也、金岡雅浩、トレンニア胚珠に由来する新規花粉管ガイダンス現象とその因子の探索, **日本植物学会第 76 回大会**、2012 年 9 月 15 日, 兵庫.

青木優里、清水健太郎、東山哲也、清水(稲継)理恵、金岡雅浩、異質倍数化植物に見られる環境応答可塑性の解析, **第 54 回日本植物生理学会年会**、2013 年 3 月, 岡山.

Motoki Kuzuya, Tetsuya Higashiyama, Masahiro M. Kanaoka, Investigation of a novel molecule that affects pollen tube growth and orientation in *Torenia*. **International symposium "Arabidopsis and Emerging Model Systems"**, Nov. 19, 2012, Okazaki.

清水(稲継)理恵、山田恵、奥田裕樹、瀬々潤、清水健太郎、シロイヌナズナに近縁な倍数体種のトランスクリプトーム, **第 53 回植物生理学会**、2012 年 3 月 17 日、京都.

Kentaro Shimizu. Toward recurrent patterns in the evolution of breeding systems and polyploid speciation in *Arabidopsis* relatives, "Speciation and Adaptation II, Environment and Epigenetics", Aichi, **The 8th Okazaki Biological Conference**, Mar. 20, 2012, Okazaki.

Kentaro Shimizu, Ecological transcriptome and SNP analysis: from model to non-model species, **Joining Forces Symposium Next Generation Sequencing**, June 22, 2012, Zurich, Switzerland.

Kentaro Shimizu, Recurrent patterns in the evolution of predominant selfing in *Arabidopsis* relatives, **Evolution 2012**, July 8, 2012, Ottawa, Canada.

Kentaro Shimizu, Evolution of selfing in diploid and polyploid *Arabidopsis*, **The pre-SOL2012 Symposium in Plant Evolutionary Biology: "Spencer Barrett et al. in Zurich"**, Aug. 24, 2012, Zurich, Switzerland.

Kentaro Shimizu, Evolutionary and ecological genomics for *Arabidopsis* relatives and non-model species, **5th URPP Systems Biology and Functional Genomics Meeting**, Sep. 14, 2012, Brunnen, Switzerland.

Kentaro Shimizu, Next-generation sequencing for evolutionary genomics of model and non-model species, **The 13th Swiss-Japanese-Conference on Biotechnology and**

Bioprocess Engineering 2012, Nov. 4, 2012, Walzenhausen, Switzerland.

Kentaro Shimizu, Recurrent patterns in the evolution of plant breeding systems, **International Symposium on the Mechanisms of Sexual Reproduction in Animals and Plants**, Joint Meeting of the 2nd Allo-authentication Meeting and the 5th Egg-Coat Meeting (MCBEEC), Nov. 14, 2012, Nagoya.

Kentaro Shimizu, Polyploid model species of Arabidopsis and Cardamine: recurrent patterns in the evolution of selfing and polyploid speciation, **International symposium "Arabidopsis and Emerging Model Systems"**, Nov. 19, 2012, Okazaki.

Kentaro Shimizu, Recurrent patterns in the evolution of selfing and polyploid speciation in Arabidopsis relatives, **The 35th Annual Meeting of the Molecular Biology Society of Japan**, Dec. 11-14, 2012, Fukuoka.

清水健太郎、土松隆志、畠山剛臣、清水(稻継)理恵、瀬々潤、赤間悟、シロイヌナズナ近縁種の適応・種分化に繰り返し見られるパターン、**第 54 回日本植物生理学会年会**、2013 年 3 月、岡山。

小林正明、朽木大器、原田清令、土田博子、菊江佳世子、五十嵐香理、鈴木貴之、佐々木陽平、高野知之、横山幸治、吉田有希、千葉洋、多田欣史、清水顕史、安益公一郎、松岡信、渡辺正夫、諏訪部圭太、矢野健太郎、モデル植物の遺伝子発現ネットワーク情報を活用した大規模な種間比較解析、**日本育種学会第123回講演会**、2013年3月26-28日、東京。

土田博子、朽木大器、原田清令、佐々木陽平、鈴木貴之、横山幸治、浅水恵理香、白澤健太、平川英樹、青木考、矢野健太郎、大規模配列情報に基づく網羅的なSNP探索とゲノムアノテーション解析、**日本育種学会第123回講演会**、2013年3月26-28日、東京。

小林正明、朽木大器、原田清令、土田博子、菊江佳世子、五十嵐香理、鈴木貴之、佐々木陽平、高野知之、横山幸治、吉田有希、千葉洋、多田欣史、清水顕史、安益公一郎、松岡信、渡辺正夫、諏訪部圭太、矢野健太郎、A comprehensive analysis of gene expression networks and large-scale omics data across multiple plant species. **日本植物生理学会第54回年会**、2013年3月21-23日、岡山。

土田博子、朽木大器、佐々木陽平、鈴木貴之、横山幸治、浅水恵理香、白澤健太、平川英樹、青木考、矢野健太郎, Large-scale sequence analysis for identification of DNA markers in tomato. 日本植物生理学会第54回年会、2013年3月21-23日、岡山.

Kentaro Yano, Hiroko Tsuchida, Taiki Kuchiki, Koji Yokoyama, Yuuki Yoshida, Kayoko Kikue, Hiroshi Chiba, Yoshifumi Tada and Akifumi Shimizu. A gene discovery method from large-scale gene expression data with next-generation sequencing technology. **International Plant & Animal Genome XXI**, Jan. 12-16, 2013, San Diego, USA.

土田博子、朽木大器、藤田圭、佐々木陽平、鈴木貴之、横山幸治、五十嵐香理、浅水恵理香、青木考、矢野健太郎, トマト・オミックス情報統合データベース「TOMATOMICS」の構築, 日本分子生物学会第35回年会、2012年12月11-14日、福岡.

Ohyanagi H., Kubo T., Toyoda A., Fujiyama A., Fujita M., Igarashi K., Yano K, Goicoechea JL., Wing RA., Kurata N. CC genome pseudomolecule construction by BAC-Supported Super Scaffolding, **10th International Symposium on Rice Functional Genomics**, Nov. 26-29, 2012, Chiang Mai, Thailand.

藤井美希、新田順子、上中弘典、鈴木絢子、矢野健太郎、板井章浩, 形質転換体を用いたトマトGA Repeat Binding Protein(SIGABP1)の機能解析, 園芸学会平成24年度秋季大会、2012年9月22-24日、福井.

土田博子、五十嵐香理、横山幸治、朽木大器、藤田圭、佐々木陽平、鈴木貴之、青木考、矢野健太郎, トマト・オミックス情報統合データベース「TOMATOMICS」の構築, 日本育種学会第122回講演会、2012年9月14-16日、京都.

三科興平、川浦香奈子、Alagu Manickavelu、持田恵一、五十嵐香理、矢野健太郎、樽井寛、河合純、田中剛、荻原保成, 比較ゲノム解析によるコムギ転写産物の網羅的染色体帰属, 日本育種学会第122回講演会、2012年9月14-16日、京都.

五十嵐香理、土田博子、深澤開、原田清令、高野知之、横山幸治、千葉洋、多田欣史、清水顕史、矢野健太郎, 植物の大規模オミックス情報に基づく網羅的な種間比較解析, 日本育種学会第122回講演会、2012年9月14-16日、京都.

土田博子、原田清令、深澤開、五十嵐香理、横山幸治、矢野健太郎、複数のオミックス情報に基づくネットワーク比較解析手法の構築、**日本育種学会第122回講演会**、2012年9月14-16日、京都.

Kentaro Yano, Hiroko Tsuchida, Kei Fujita, Taiki Kuchiki, Koji Yokoyama, Kaori Igarashi, Koh Aoki. TOMATOMICS: An integrated omics database in tomato. **9th Solanaceae Conference**, August 26-30, 2012, Neuchâtel, Switzerland.

青木考、五十嵐香理、長崎英樹、小田原真樹、尾形善之、神沼英里、豊田敦、矢野健太郎、マイクロトムゲノム配列のトマトゲノムクスへの利用、**第30回日本植物細胞分子生物学会大会・シンポジウム**、2012年8月3-5日、奈良.

五十嵐香理、土田博子、横山幸治、千葉洋、多田欣史、清水顕史、矢野健太郎、高速シーケンサーを用いた大規模遺伝子発現情報に基づく遺伝子探索手法の開発、**第30回日本植物細胞分子生物学会大会・シンポジウム**、2012年8月3-5日、奈良.

中務明、坂田裕明、中川強、矢野健太郎、小林伸雄、板村裕之、樹上軟化果実EST由来のペクチン分解酵素遺伝子の発現解析、**日本食品保蔵科学会第61回大会**、2012年6月21日-22日、大阪.

Yosuke Tamada, Chaoyang Cheng, Yuji Hiwatashi, Yukiko Kabeya, Hitoshi Mori, Tetsuya Kurata, Tomoaki Nishiyama, Mitsuyasu Hasebe. HIRA complex regulates H3K27me3 and transcription in the moss *Physcomitrella patens*. **The 54th Annual Meeting of The Japanese Society of Plant Physiologists**, Mar. 21-23, 2013, Okayama.

Yosuke Tamada, Masayuki Hattori, Shin Oya, Takashi Murata, Yasuhiro Kamei, Yutaka Hayano, Mitsuyasu Hasebe. Development of adaptive optics microscopy to observe plant cells. **The 10th NIBB-EMBL Symposium 2013 Quantitative Bioimaging**, Mar. 17-19, 2013, Okazaki.

木村宏、ヒストン翻訳後修飾の生細胞動態可視化プローブの開発、**第85回日本生化学会大会**、2012年12月14-16日、博多.

木村宏、ヒストン修飾動態制御の単一細胞解析、**第35回日本分子生物学会大会**、2012年12月11-14日、博多.

玉田洋介、クロマチン修飾と非コード RNA が制御するエコロジカル・エピジェネティクス、第 44 回種生物学シンポジウム、2012 年 12 月 9 日、高島。

木村宏、『Opto-epigenetics (オプトエピジェネティクス)』の創生へ向けて、第 7 回 NIBB バイオイメーキングフォーラム、2012 年 11 月 26 日、岡崎。

服部雅之、大屋真、早野裕、玉田洋介、亀井保博、村田隆、長谷部光泰、補償光学顕微鏡の試作と初期的な実験結果 –植物細胞の観察に向けて–、第 7 回 NIBB バイオイメーキングフォーラム、2012 年 11 月 26 日、岡崎。

大屋真、服部雅之、早野裕、玉田洋介、村田隆、亀井保博、補償光学装置と大気ゆらぎについて、第 7 回 NIBB バイオイメーキングフォーラム、2012 年 11 月 26 日、岡崎。

玉田洋介、檜山武史、自然科学研究機構 若手研究者による分野間連携研究プロジェクトの概要、第 7 回 NIBB バイオイメーキングフォーラム、2012 年 11 月 26 日、岡崎。

Yosuke Tamada, Chaoyang Cheng, Yukiko Kabeya, Hitoshi Mori, Tetsuya Kurata, Tomoaki Nishiyama, Mitsuyasu Hasebe. HIRA complex regulates H3K27me3 and transcription in the moss *Physcomitrella patens*. **The 4th NIBB-MPIPZ-TLL Symposium Arabidopsis and Emerging Model Systems**, Nov. 19-21, 2012, Okazaki.

Keiko Sakakibara, Tsuyoshi Aoyama, Sayuri Ando, Yoshikatsu Sato, Tetsuya Kurata, Takashi Murata, Tomoaki Nishiyama, Mitsuyasu Hasebe. *Physcomitrella* WOX genes are necessary for the formation of stem cells from differentiated leaf cells. **Third Marchantia workshop**, Nov. 16, 2012, Aso.

Takashi Murata, Mitsuyasu Hasebe. Studies for development of adaptive optics microscope toward observation of a plant cell. **2012 University of California Center for Adaptive Optics Fall Science Retreat and Workshops**, Nov. 1-4, 2012, Lake Arrowhead, USA.

Yosuke Tamada, Takashi Murata, Shin Oya, Masayuki Hattori, Yasuhiro Kamei, Yutaka Hayano, Mitsuyasu Hasebe. Observation and simulation of the deflection of light through the plant cell. **2012 University of California Center for Adaptive Optics Fall Science Retreat and Workshops**, Nov. 1-4, 2012, Lake Arrowhead,

USA.

玉田洋介、村田隆、服部雅之、大屋真、亀井保博、早野裕、長谷部光泰、天体観測に用いる補償光学を応用した植物細胞の新規観察手法の確立、平成24年度生理学研究所研究会「電子顕微鏡機能イメージングの医学・生物学への応用」高次機能イメージングの最先端、2012年10月24日、岡崎。

玉田洋介、村田隆、服部雅之、大屋真、亀井保博、早野裕、長谷部光泰、天体観測に用いる補償光学を応用した植物細胞の新規観察手法の確立、**新学術領域「植物の環境感覚」第4回ワークショップ「IR-LEGOを用いた遺伝子発現誘導法」**、2012年10月18日、岡崎。

玉田洋介、石川貴章、日渡祐二、倉田哲也、西山智明、長谷部光泰、陸上植物におけるヒストン修飾を介した発生制御機構の進化、**新学術領域研究「複合適応形質進化の遺伝子基盤解明」平成24年度公開シンポジウム**、2012年9月26日、東京。

榎原恵子、ヒメツリガネゴケからみる陸上植物の発生進化、**日本植物学会第76回大会**、2012年9月15日、姫路。

Keiko Sakakibara, Tsuyoshi Aoyama, Sayuri Ando, Yoshikatsu Sato, Tetsuya Kurata, Takashi Murata, Tomoaki Nishiyama, Mitsuyasu Hasebe. Physcomitrella WOX genes are necessary for the formation of stem cells from differentiated leaf cells. **Moss 2012**, June 18, 2012, New York, USA.

Yosuke Tamada, Chaoyang Cheng, Mitsuyasu Hasebe. H3.3 chaperon complex HIRA functions in regulating H3K27me3 modification. **International Symposium on Epigenetic Regulation in Higher Plants**, Apr. 20, 2012, Beijing, China.

隅山健太、Gsx ホメオボックス遺伝子のパラログ転写調節領域の機能と進化、**日本進化学会第14回大会**、2012年8月23日、東京。

隅山健太、人類進化におけるゲノム非コード領域転写調節機能進化解析の試み、**第66回日本人類学会大会**、2012年11月4日、横浜。

隅山健太、Function and evolution of paralogous conserved regulatory elements of Gsx homeobox genes. **総合研究大学院大学・学融合推進センター・共同研究プロジェ**

クト研究会「脳の進化 ー大脳新皮質の起源を尋ねてー」、2012年11月12日、葉山。

隅山健太、発生調節遺伝子の co-option と cis-regulatory element の分子進化、総合研究大学院大学進化生物学セミナー、2012年11月15日、葉山。

Kenta Sumiyama, Cis-element evolution of the Dlx genes as an underlying mechanism in toolkit gene co-option in vertebrate appendages. **CDB SEMINAR**, 2012年12月25日, Kobe.

Miyazawa H., Hayashi S., Souda N., Suzaki T., Kawaguchi M., Asamizu E., Goto D., Hijack of a symbiosis signaling pathway by parasitic nematodes for infection of plant roots, **Japan-Australia Symposium on Plant Sciences for Agriculture IV**, Dec. 11-12, 2012, Perth, Australia.

Maruyama Y., Noorul Amin A.N., Yamaguchi J., Goto D., Recognition of root-knot nematode invasion and defense signaling activation does not limit infection in a susceptible host, **Japan-Australia Symposium on Plant Sciences for Agriculture IV**, Dec. 11-12, 2012, Perth, Australia.

Nakano C., Miyazawa N., Fujita T., Goto D., A novel system to investigate parasitic nematode secretion activity in plant cells, **Japan-Australia Symposium on Plant Sciences for Agriculture IV**, Dec. 11-12, 2012, Perth, Australia.

Hayashi S., Souda N., Ezawa T., Fosu-Nyarko J., Jones M.G.K., Suzaki T., Kawaguchi M., Asamizu E., Goto D.B. Mechanistic overlap between symbiosis and sedentary parasitism of plant roots, **10th International Congress on Plant Molecular Biology**, Oct. 21-26, 2012, Jeju, Korea.

Hayashi S., Souda N., Ezawa T., Fosu-Nyarko J., Jones M.G.K., Suzaki T., Kawaguchi M., Asamizu E., Goto D.B., The plant symbiosis pathway is hijacked by a parasitic nematode for infection site development, **ComBio2012**, Sep. 23-27, 2012, Adelaide, Australia.

Goto D.B., Getting your own way: How does a nematode parasite deceive plants into providing a permanent home?, **Invited Seminar at School of Biological Sciences**, University of Queensland, Sep. 21, 2012, Brisbane, Australia.

Hayashi S., Souda N., Ezawa T., Kawaguchi M., Asamizu E., Goto D.B., Interaction between root-knot nematodes and plant signaling networks during parasitic invasion, **XV International Congress of Molecular Plant-Microbe Interactions**. July. 29-Aug. 2, 2012, Kyoto.

Hayashi S., Souda N., Ezawa T., Kawaguchi M., Asamizu E., Goto D.B., The common symbiosis pathway is used by a parasitic nematode for infection site development, **77th Cold Spring Harbor Symposium on Quantitative Biology: The Biology of Plants**. May 30-June 4, 2012, Cold Spring Harbor, USA.

岡崎一美、杉浦大祐、高橋涼香、梶原武雄、岡崎拓、PD-1 欠損マウスを用いた自己免疫疾患のゲノム解析、**第 11 回四国免疫フォーラム**、2012 年 6 月 9 日、高知。

岡崎拓、aida マウスを用いた自己免疫疾患発症制御機構の解析、**第 7 回自己免疫疾患研究会**、2012 年 7 月 7 日、東京。

Taku Okazaki, Immuno-inhibitory receptors in the regulation of autoimmunity, **The Second Immunology Symposium of The University of Tokushima** “Immune Development, Deviation, and Regulation”, Jan. 25, 2013, Tokushima.

Il-mi Okazaki, Genetic reconstitution of autoimmunity in mice, **The Second Immunology Symposium of The University of Tokushima** “Immune Development, Deviation, and Regulation”, Jan. 25, 2013, Tokushima.

Taku Okazaki, Regulation of autoimmunity by immuno-inhibitory receptors, **2013 SKKU International Symposium on Molecular Medicine: New Trends in Cancer and Autoimmunity Research**, Feb. 28, 2013, Korea.

郷康広、サル行動ゲノム多型の検索と解析-全ゲノム・エキソーム・トランスクリプトーム解析による多型情報整備、**平成 23 年度京都大学霊長類研究所共同利用研究会「行動特性を支配するゲノム基盤と脳機能の解明」**、2012 年 3 月 2 日、犬山。

郷康広、霊長類ゲノム・トランスクリプトーム・メチローム研究、**NGS 現場の会第二回研究会**、2012 年 5 月 24 日、大阪。

Nami Suzuki, Atsushi Matsui, Yasuhiro Go, Yoshiro Ishimaru, Takumi Misaka, Keiko Abe, Hirohisa Hirai and Hiroo Imai, Identification of PTC “non-taster” Japanese macaques caused by TAS2R38 dysfunction, **XVI International Symposium on Olfaction and Taste (ISOT XVI)**, June. 25, 2012, Stockholm, Sweden.

鈴木南美、郷康広、松井淳、平井啓久、颯田葉子、今井啓雄、ニホンザル味盲多型はどのようにして集団中に広がったか、**第 28 回日本霊長類学会大会**、2012 年 7 月 7 日、名古屋。

早川卓志、鈴木南美、松井淳、今井啓雄、平井啓久、郷康広、霊長類味覚受容体レパトリーの進化史、**第 28 回日本霊長類学会大会**、2012 年 7 月 7 日、名古屋。

郷康広、辰本将司、豊田敦、西村理、友永雅己、平井啓久、松沢哲郎、藤山秋佐夫、阿形清和、チンパンジーパーソナルゲノム研究、**第 28 回日本霊長類学会大会**、2012 年 7 月 7 日、名古屋。

落合知美、綿貫宏史朗、西村剛、郷康広、今井啓雄、伊谷原一、友永雅己、松沢哲郎、大型類人猿情報ネットワーク (GAIN) の 10 年の活動を振り返って、**第 28 回日本霊長類学会大会**、2012 年 7 月 7 日、名古屋。

郷康広、ヒトとチンパンジーにおけるアليل特異的発現遺伝子の同定と遺伝子発現制御機構の進化、**日本進化学会第 14 回大会ワークショップ「遺伝子発現の相互作用と進化」**、2012 年 8 月 23 日、東京。

松井淳、郷康広、豊田敦、会津智幸、石崎比奈子、今井啓雄、藤山秋佐夫、平井啓久、新村芳人、Exome データを利用した霊長類の嗅覚受容体遺伝子の比較解析、**日本進化学会第 14 回大会**、2012 年 8 月 23 日、東京。

早川卓志、鈴木南美、松井淳、今井啓雄、平井啓久、郷康広、真主齧類における苦味受容体の進化、**日本進化学会第 14 回大会**、2012 年 8 月 23 日、東京。

松村研哉、郷康広、大島一彦、新生遺伝子の転写調節機構の獲得と進化、**日本進化学会第 14 回大会**、2012 年 8 月 23 日、東京。

金鍾明、藤泰子、関原明、エピジェネティックに制御される酢酸発酵は植物の乾燥耐性獲得に必須である、**第54回植物生理学会**、2013年3月21-23日、岡山。

金鍾明, 藤泰子, 関原明, 酢酸合成経路を介した植物の新規乾燥耐性機構はエピジェネティクスに制御される, **第 35 回日本分子生物学会**, 2012 年 12 月 12 日, 福岡.

金鍾明, 植物のエピジェネティクス研究で砂漠を緑化できるかも!?, **京都産業大学生命資源環境学部招聘セミナー**, 2013 年 1 月 11 日, 京都.

金鍾明, 植物のゲノム構造と新規環境ストレス応答機構を制御するエピジェネティック因子, **資源植物科学研究所招聘セミナー**, 2012 年 8 月 21 日, 岡山.

佐伯和彦, 谷佳美, 池田翠, 金子貴一, 眞板寛子, 平川英樹, 田畑哲之, 佐藤修正. ミヤコグサ根粒菌共生アイランドの伝搬と進化: 宿主モデル系統 MG20 自生地採集株群に焦点をあてて, **植物微生物研究会第 22 回研究交流会**, 2012 年 9 月 25 日, 神戸.

沼田興治, 亜種間ハイブリッドマウスにおける遺伝子発現のアレル間差異, **日本進化学会第 14 回大会**, 2012 年 8 月 23 日, 東京.

Minako Ueda, "Transcriptional network for Arabidopsis zygote polarization", -A New Generation of Plant Embryo Research-, **NAIST International Symposium**, Oct. 29, 2012, Nara. (Organizer)

植田美那子, Ke Yin, 梶原武紘, 高木瞳, 梅田正明, M 期および S 期の同時可視化による時空間的な細胞分裂パターンのライブイメージング, **第 54 回植物生理学会**, 2013 年 3 月 21-23 日, 岡山.

Kawasaki, T., Yamaguchi, K., Yamada, K., Ishikawa, K., Tsuge, S., Shimamoto, K., Ichimura, K., and Yoshioka, H. OsRLCK2 targeted by Xanthomonas Xoo1488 effector regulates MAP kinase cascade activated by Os CERK1-mediated recognition of chitin in rice, **The Biology of Plant, 77th symposium of Cold Spring Harbor Laboratory**, May 30-June 4, 2012, Cold Spring Harbor, USA.

Ishikawa, K., Yamaguchi, K., Sakamoto, K., Muraguchi, Y., Tsuge, S., Shimamoto, K., Kojima, C., Kawasaki, T. OsPUB44, a regulator of PAMPs-induced basal resistance, is targeted by Xanthomonas type III effector Xoo3222, **The Biology of Plant, 77th symposium of Cold Spring Harbor Laboratory**, May 30-June 4, 2012, Cold Spring Harbor, USA.

Yamaguchi, K., Yamada, K., Ishikawa, K., Tsuge, S., Ichimura, K., Yoshioka, H., Shimamoto, K., Kawasaki, T. OsRLCK2 targeted by Xanthomonas Xoo1488 effector regulates MAP kinase cascade activated by OsCERK1-mediated recognition of chitin in rice, **XV International Congress of Molecular Plant-Microbe Interactions**, July 29-Aug. 2, 2012, Kyoto.

Yamaguchi, K., Masutani, I., Ishikawa, K., Kawasaki, T. OsBPC1 targeted by Xoo1488 effector regulates chitin induced immunity in rice, **XV International Congress of Molecular Plant-Microbe Interactions**, July 29-Aug. 2, 2012, Kyoto.

山口公志、川崎努, 病原菌エフェクターの標的である OsRLCK を介したキチンシグナル伝達機構, **イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ**, 2012年7月5-6日、奈良.

石川和也、川崎努, 植物免疫における OsPUB44 の機能と病原菌エフェクターによる阻害機構の解析, **イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ**, 2012年7月5-6日、奈良.

山口公志、山田健太、石川和也、加星(岸)光子、高橋章、林長生、市村和也、島本功、吉岡博文、川崎努, キチン認識受容体 OsCERK1 の相互作用因子 OsRLCK2 を介した MAP キナーゼ活性化機構の解明, **第30回日本植物分子細胞学会**, 2012年8月3-5日、奈良.

石川和也、山口公志、坂本一明、村口由一郎、津下誠治、島本功、児嶋長次郎、川崎努, 病原菌エフェクターによる新奇の植物免疫阻害機構の解明, **平成24年度植物感染生理談話会**, 2012年8月30日-9月1日、滋賀.

山口公志、石川和也、山田健太、石濱信明、濱田聡、高橋章、加星(岸)光子、津下誠治、島本功、吉岡博文、川崎努, 病原菌エフェクターの標的である OsRLCK を介したキチンシグナル伝達機構の解明, **平成24年度植物感染生理談話会**, 2012年8月30日-9月1日、滋賀.

吉村悠矢、山口公志、石川和也、川崎努, 植物免疫における Anamorsin の機能解明, **平成24年度植物感染生理談話会**, 2012年8月30日-9月1日、滋賀.

川崎努、山口公志、石川和也、吉村智美、山田健太、吉村悠矢, イネにおける PAMPs 誘導抵抗性の情報伝達機構と病原菌の感染戦略, **平成24年度植物感染生理談話会**,

2012年8月30日-9月1日, 滋賀. (招待講演)

川崎努, 植物の免疫と病原菌の感染戦略, 平成 24 年度近畿植物学会講演会、2012 年 11 月 10 日, 奈良.

川崎努, 植物と病原菌の分子レベルの戦い, 第 12 回けいはんな地区植物科学懇談会、2012 年 11 月 29 日, 奈良.

川崎努, 山口公志、石川和也、山田健太、吉村悠矢, エフェクターによるイネ免疫信号伝達系の抑制機構, 日本植物生理学会・シンポジウム、2013 年 3 月 21-23 日、岡山.

石川和也、山口公志、坂本一明、村口由一郎、津下誠治、 児嶋長次郎、 川崎努, 植物免疫における OsPUB44 の機能と Xoo3222 による阻害機構, 日本植物生理学会、2013 年 3 月 21-23 日, 岡山.

Yamaguchi, K., Yamada, K., Ishikawa, K., Kishi-Kaboshi, M., Takahashi, A., Tsuge, S., Yoshioka, H., Simamoto, K., and Kawasaki, T. OsRLCK2 regulates MAP kinase cascade activated by OsCERK1-mediated PAMPs recognition in rice, 第 54 回日本植物生理学会、2013 年 3 月 21-23 日、岡山.

加藤啓介, 嶋田早苗, 村井耕二, ミトコンドリア・レトログレード・シグナルによる花成関連遺伝子の発現制御、第 53 回日本植物生理学会年会、2012 年 3 月 17 日、京都.

村井耕二, 加藤啓介、ミトコンドリアゲノムによる花成関連遺伝子のエピジェネティック制御、第 35 回日本分子生物学会年会、2012 年 12 月 11 日、福岡.

Koh Onimaru, Mikiko Tanaka, Insight into the origin of the thumb, **The Making of a Vertebrate - CDB International Symposium**, Mar. 4-6, 2013, Kobe.

Mikiko Tanaka, Evolution and development of vertebrate limbs, **7th International Chick Meeting**, Nov. 14-18, 2012, Nagoya. (Organizer)

Natsuno Suda, Daisuke Shirakawa, Takehiko Itoh, Masashige Bando, Katsuhiko Shirahige, Kohsuke Kataoka, Cheryll Tickle, Mikiko Tanaka, Dimeric combinations of MafB, c-maf, c-Jun and c-Fos control the apoptosis-survival balance in limb patterning under BMP/FGF regulation, **12th International Conference Limb**

Development & Regeneration, June 3-7, 2012, Mont-Tremblant, Canada.

田中幹子, フェムト秒レーザーによる高等脊椎動物胚の単一細胞への遺伝子導入, **超短パルスレーザー細胞プロセス研究会**, 2012年4月13日, 奈良. (招待講演)

Shogo Ueda, Yasuko Kanazawa, Natsuno Suda, Ryo Yamada, Hisanobu Shimamura, Ryoichiro Nakato, Katsuhiko Shirahige, Mikiko Tanaka, Cux2 can shift the limb position along the rostral-caudal axis during chick development, **7th International Chick Meeting**, Nov. 14-18, 2012, Nagoya.

鬼丸洗、倉谷滋、田中幹子, 脊椎動物の進化における側板中胚葉の役割 ; ナメクジウオとヤツメウナギの比較発生研究からの洞察, **日本動物学会第83回大会**, 2012年9月13-15日、大阪.

鬼丸洗、倉谷滋、田中幹子, 脊椎動物における側板中胚葉の発生プログラムの変化がもたらした区画化された心臓と対鰭の進化, **日本進化学会第14回大会**, 2012年8月21-24日、東京.

Koh Onimaru, Shigeru Kuratani and Mikiko Tanaka, Evolution of the lateral plate mesoderm: Insights from amphioxus and lampreys development, **The 4th Meeting of the European Society for Evolutionary Developmental Biology**, July 10–13, 2012, Lisbon.

Natsuno Suda, Daisuke Shirakawa, Takehiko Itoh, Masashige Bando, Katsuhiko Shirahige, Kohsuke Kataoka, Cheryll Tickle, Mikiko Tanaka, Dimeric combinations of MafB, c-maf, c-Jun and c-Fos control the apoptosis–survival balance in limb patterning under BMP/FGF regulation, **Joint Meeting of JSDB 45th & JSCB 64th**, May 28-31, 2012, Kobe.

清水元樹, 江部裕介, 藤本龍, 川邊隆大, Hua Ying, 加治誠, Elizabeth Dennis, 岡崎桂一, RNA-sequence法を用いたハクサイ品種間 (S11×R09) 特異的な NBS-LRR モチーフ遺伝子の探索, **日本育種学会第122回講演会**, 2012年9月14-15日, 京都.

Yamamoto, D. Neural basis for mating decision in female and male *Drosophila melanogaster*. Janelia Farm Workshop: **The Neurobiology and Evolution of Insect Acoustic Communication**. Janelia Campus Research Campus, Ashburn, VA, USA, May 14-16, 2012

(invited).

Yamamoto, D. Single-gene-single-neuron approach to *Drosophila* courtship behavior. **Cold Spring Harbor Asia Conference: Invertebrate Neurobiology**, Suzhou, China, June 18-22, 2012 (invited).

平成 25 年度

高山誠司、植物の自家不和合性における自己非自己識別機構に関する研究、**第 84 回日本農学大会**、2013 年 4 月 5 日、東京。

Kanae Ito, Megumi Iwano, Hiroko Shimosato-Asano, Mitsuru Kakita, Pulla Nakayama and Seiji Takayama. Analysis of intracellular signaling pathway in Brassica self-incompatibility. **International Symposium on “Signaling and Coordination in Plant Development”**, 2013 年 11 月 29 日、奈良。

Mai Tsukahara, Tetsuyuki Entani, Ken-ichi Kubo, Kohji Murase, Megumi Iwano and Seiji Takayama. Molecular mechanism for S-RNase-based self-incompatibility in Petunia. **International Symposium on “Signaling and Coordination in Plant Development”**, 2013 年 11 月 29 日、奈良。

岩野恵、伊藤花菜江、浅野（下里）裕子、五十嵐元子、岩尾康宏、高山誠司、アブラナ科植物自家不和合性の分子メカニズム、**第 36 回日本分子生物学会ワークショップ**、2013 年 12 月 4 日、神戸。

Motoko Igarashi, Keiko Ohara, Megumi Iwano, Masahiro Fujita, Nori Kurata and Seiji Takayama. Search for genes involved in cross- and self-pollination in the Brassicaceae, **第 55 回日本植物生理学会**、2014 年 3 月 18-20 日、富山。

岩野恵、伊藤花菜江、五十嵐元子、浅野（下里）裕子、高山誠司、アブラナ科植物の和合・不和合受粉過程における情報伝達系の解析、**第 55 回日本植物生理学会シンポジウム**、2014 年 3 月 18-20 日、富山。

堀井真人、岩野恵、森稔幸、高山誠司、Analysis of fertilization in *Arabidopsis thaliana* by STEM tomography、**第 55 回日本植物生理学会**、2014 年 3 月 18-20 日、富山。

木下哲、男と女の争い ～ただし植物編～、**第 91 回バイオセミナー**、2013 年 8 月 6 日、

滋賀.

木下哲、オスゲノムとメスゲノムの争い～イネ属胚乳における生殖隔離とエピジェネティック制御～、**83th CRC Seminar & 第35回岩手育種談話会**、2013年7月19日、岩手.

木下哲、男と女の争い～ただし植物ゲノムの場合～、**第8回アロ認証領域会議**、2014年1月8日、名古屋.

木下哲、植物におけるエピジェネティックリプログラミングの役割、**第30回資源植物科学シンポジウム及び、第6回植物ストレス科学研究シンポジウム**、2014年3月7日、岡山.

降旗初佳、吉田貴徳、河邊昭、シロイヌナズナ属植物における染色体伝達率の偏りへの動原体配列の影響、**日本遺伝学会第85回大会**、2013年9月21日、横浜.

吉田貴徳、降旗初佳、角谷徹仁、河邊昭、核に移行した葉緑体ゲノム断片のエピジェネティックな修飾と分子進化、**日本遺伝学会第85回大会**、2013年9月20日、横浜.

付ゆう、河邊昭、伊藤たすく、豊田敦、藤山秋佐夫、樽谷芳明、角谷徹仁、シロイヌナズナTEの抑制解除活性、**日本遺伝学会第85回大会**、2013年9月19日、横浜.

吉田貴徳、河邊昭、ゲノムインプリンティングされる type I MADS-box 遺伝子の遺伝子重複と分子進化、**日本進化学会第15回講演会**、2013年8月30日、筑波.

松田洋一、異種ゲノムの不適合性が引き起こす雑種の不妊・発育不全現象の遺伝的制御機構、**日本遺伝学会第85回大会ワークショップ「異なるゲノム間の軋轢と協調～相互作用のゲノミクス～**」、2013年9月21日、横浜.

松田洋一、ナショナルバイオリソースプロジェクト「ニワトリ・ウズラ」の現状と今後に向けて、**第2回実験動物科学シンポジウム**、2013年12月9日、名古屋.

Lithgow PE, Smith DA, O'Conner RE, Fonseka KG, Al Mutery AF, Ferguson-Smith MA, O'Brien PCM, Matsuda Y, Nanda I, Griffin DK. Comparative genomics and genome evolution of avian micro-chromosomes through the use of novel chromosome painting tools, **The 19th International Chromosome Conference**, Sep.

2–6, 2013, Bologna, Italy.

Srikulnath K, Matsubara K, Uno Y, Nishida C, Matsuda Y., Dynamics of karyotypic evolution in squamate reptiles inferred comparative gene mapping, **The 19th International Chromosome Conference**, Sep. 2–6, 2013, Bologna, Italy.

Uno Y, Nishida C, Takagi C, Igawa T, Ueno N, Sumida M, Matsuda Y., Molecular cytogenetic studies on the process of genomic and chromosomal evolution in *Xenopus leavis* after whole-genome duplication and the origin and evolution of sex chromosomes in anuran species, **The 19th International Chromosome Conference**, Sep. 2–6, 2013, Bologna, Italy.

布目三夫、只野亮、中野幹治、川原玲香、河野友宏、藤原哲、葦澤圭二郎、水谷誠、松田洋一。マイクロサテライトマーカーを用いた野生ウズラおよび家禽ウズラにおける遺伝的多様性、**日本鳥学会 2013 年度大会**、2013 年 9 月 16 日、名古屋。

西田千鶴子、松田洋一。ミサゴに生じた大規模な染色体の構造変化に関する分子細胞遺伝学的解析、**日本鳥学会 2013 年度大会**、2013 年 9 月 16 日、名古屋。

木下圭司、秋山豊子、水谷誠、四宮愛、石川明、都築政起、並河鷹夫、松田洋一。ニワトリの基石および新奇白色装変異のポジショナルクローニング、**日本遺伝学会第 85 回大会**、2013 年 9 月 19 日、横浜。

石下聡、鶴田祐理、宇野好宣、中村篤史、西田千鶴子、都築政起、小野珠乙、松田洋一。旧世界ウズラと新世界ウズラから単離された動原体ヘテクロマチンを構成する反復配列の分子細胞遺伝学的解析、**日本遺伝学会第 85 回大会**、2013 年 9 月 21 日、横浜。

宇野好宣、西田千鶴子、高木知世、井川武、上野直人、住田正幸、松田洋一。アフリカツメガエルのゲノム倍数化過程に生じた染色体再配列と無尾両生類における性染色体の起源とその進化に関する分子細胞遺伝学的研究、**日本遺伝学会第 85 回大会**、2013 年 9 月 21 日、横浜。

布目三夫、只野亮、中野幹治、川原玲香、河野友宏、高橋慎司、川島貴治、藤原哲、葦澤圭二郎、水谷誠、松田洋一。マイクロサテライトマーカーと mtDNA を用いたニホンウズラの遺伝的特性の解析、**第 1 回ウズラ研究会**、2013 年 12 月 10 日、名古屋。

中野幹治、堀内浩幸、松田洋一．ウズラ多機能幹細胞の樹立と利用方法、**第1回ウズラ研究会**、2013年12月10日、名古屋．

木下圭司、水谷誠、石下聡、松田洋一．ウズラ-ニワトリ属間雑種を利用した羽装突然変異形質の同座性検定ならびに原因遺伝子の同定、**第1回ウズラ研究会**、2013年12月10日、名古屋．

鶴田佑理、宇野好宣、西田千鶴子、小野珠乙、松田洋一．鳥類におけるZ染色体の進化過程に関する分子細胞遺伝学的研究、**第1回ウズラ研究会**、2013年12月10日、名古屋．

渥美優介、池上啓介、中根右介、村山至、松田洋一、吉田松生、吉村崇．ウズラの季節性精子形成機構の解明に向けて、**第1回ウズラ研究会**、2013年12月10日、名古屋．

石下聡、木下圭司、鈴木圭子、中野幹治、松田洋一．ニワトリとニホンウズラの属間雑種における胚発生の観察、**第1回ウズラ研究会**、2013年12月10日、名古屋．

鈴木孝幸、中野幹治、都築政起、松田洋一、黒岩厚．劣性遺伝で多指症を発症するHMM変異体の発生的解析、**第1回ウズラ研究会**、2013年12月10日、名古屋．

安益公一郎、小林正明、田中純夢、大柳一、鈴木貴之、高野知之、矢野健太郎、松岡信．De novo アセンブリによる非モデルシダ植物の遺伝子発現データベースの構築について、**第55回日本植物生理学会**、2014年3月18-20日、富山．

Suzuki, G., Takada, Y., and Watanabe, M. Incest avoidance applicable in hybrid seed production. **International Symposium on Diversifying Biological Resources -Toward Food Security and Sustainable Society-**, Nov. 20-21, 2013, Tsukuba. (Invited)

Sone, M., Hiroi, K., Sakazono, S., Osaka, M., Masuko-Suzuki, H., Matsuda, T., Suzuki, G., Suwabe, K., and Watanabe, M. Characterization of pollen behavior on self- and cross-pollination in *Brassica rapa*. **Plant Biology** 2013, July 20-24, 2013, Providence, USA.

Osaka, M., Matsuda, T., Sakazono, S., Masuko-Suzuki, H., Maeda, S., Sewaki, M., Sone, M., Takahashi, H., Nakazono, M., Iwano, M., Takayama, S., Shimizu, K. K., Yano, K., Lim, Y.-P., Suzuki, G., Suwabe, K., and Watanabe, M. Cell type-specific

transcriptome of Cruciferous stigmatic papilla cells from a combination of laser microdissection and RNA sequencing. **Plant and Animal Genome XXII**, Jan. 11-14, 2014, San Diego, USA. (invited)

前田隼輔, 坂園聡美, 矢野健太郎, 山村香織, 鈴木(増子)潤美, 藤岡智明, 永野邦明, 遠藤貴司, 佐伯研一, 牧野周, 寺内良平, 鈴木剛, 諏訪部圭太, 渡辺正夫, 耐冷性の異なるイネ品種間の蒴における miRNA 発現プロファイルの比較. **第 123 回日本育種学会講演**, 2013 年 3 月 27 日, 東京.

山村香織, 坂園聡美, 前田隼輔, 藤岡智明, 鈴木(増子)潤美, 永野邦明, 遠藤貴司, 佐伯研一, 寺内良平, 矢野健太郎, 鈴木剛, 諏訪部圭太, 渡辺正夫, イネ品種ひとめぼれの穂ばらみ期耐冷性に関する遺伝解析と遺伝子探索. **第 123 回日本育種学会講演**, 2013 年 3 月 27 日, 東京.

古武城由貴, 坂園聡美, 大坂正明, 高山誠司, Yong Pyo Lim, 鈴木剛, 諏訪部圭太, 渡辺正夫, *Brassica rapa* 自家和合性変異体 TSC4 の QTL 解析. **第 123 回日本育種学会講演**, 2013 年 3 月 27 日, 東京.

小林正明, 朽木大器, 原田清令, 土田博子, 菊江佳世子, 五十嵐香理, 鈴木貴之, 佐々木陽平, 高野知之, 横山幸治, 吉田有希, 千葉洋, 多田欣史, 清水顕史, 安益公一郎, 松岡信, 渡辺正夫, 諏訪部圭太, 矢野健太郎, モデル植物の遺伝子発現ネットワーク情報を活用した大規模な種間比較解析. **第 123 回日本育種学会講演**, 2013 年 3 月 27 日, 東京.

松田智貴, 大坂正明, 瀬脇みさと, 坂園聡美, 長坂香里, 曾根美佳子, 増子(鈴木)潤美, 岩野恵, 高山誠司, 矢野健太郎, 鈴木剛, 渡辺正夫, 諏訪部圭太, Arabidopsis 属植物における受粉前後の発現遺伝子の比較解析, **第 124 回日本育種学会講演会**, 2013 年 10 月 13 日, 鹿児島市.

小林正明, 高野知之, 菊江佳世子, 鈴木貴之, 佐々木陽平, 寺島伸, 松村駿斗, 吉岡幸江, 森本恭子, 菅野真麻, 横山幸治, 吉田有希, 千葉洋, 多田欣史, 清水顕史, 安益公一郎, 松岡信, 渡辺正夫, 諏訪部圭太, 矢野健太郎, モデル植物のオミクス情報を活用した遺伝子発現ネットワークの大規模な種間比較解析. **第 124 回日本育種学会講演会**, 2013 年 10 月 13 日, 鹿児島市.

高田美信, 鈴木剛, 高山誠司, 渡辺正夫, アブラナ科植物の新規一側性不和合性を支配する因子の遺伝学的研究. **第 124 回日本育種学会講演会**, 2013 年 10 月 13 日, 鹿児島市.

曾根美佳子, 広井健一郎, 坂園聡美, 大坂正明, 鈴木(増子)潤美, 松田智貴, 鈴木剛, 諏訪部圭太, 渡辺正夫, アブラナ科植物における自家および他家交配時の花粉動態解析. 第 124 回日本育種学会講演会, 2013 年 10 月 13 日, 鹿児島市.

稲葉靖子, 増子潤美, 片山陽子, 渡辺正夫, 稲葉丈人, ザゼンソウの花成ホルモン (SrFT) が熟産生に及ぼす影響の検討. 第 55 回日本植物生理学会年会, 2014 年 3 月 19 日. 富山.

Matsuda, T., Osaka, M., Sakasono, S., Takahashi, H., Nakazono, M., Iwano, M., Takayama, S., Suzuki, G., Watanabe, M., and Suwabe, K., Comprehensive analysis of the Arabidopsis stigmatic papilla cell transcriptome. **24th International Conference on Arabidopsis Research (Arabidopsis 2013)**, June 24-28, 2013, Sydney, Australia.

Matsuda, T., Osaka, M., Sewaki, M., Sakasono, S., Suzuki, G., Watanabe, M., and Suwabe, K. The Arabidopsis stigmatic cell transcriptome by LM-NGS. **Plant Biology 2013**, July 20-24, 2013, Providence, USA.

Takahashi A., Genome-wide expression analyses using allelic samples from Drosophila Genomic Resource Panel constructed from a natural population of Drosophila melanogaster, **The 2nd Asia-Pacific Drosophila Research Conference**, 2013 年 5 月 13 日, Seoul.

長田直樹, ヒトゲノムの進化における自然選択と遺伝的浮動の役割, 第 30 回インシリコ・メガバンク研究会, 2013 年 5 月 24 日, 仙台.

Takahashi A., Genome-wide expression analyses using allelic samples from a natural population of Drosophila, **NIG Workshop: Evolution of Junk DNAs**, 2013 年 6 月 22 日, Mishima.

Osada N., Finding evidence for weak compensatory evolution. **NIG Workshop: Evolution of Junk DNAs**, 2013 年 6 月 23 日, Mishima.

宮城竜太郎、長田直樹、高橋文、ショウジョウバエ自然集団内アレルサンプルにおけるドーパミン合成遺伝子群の発現解析、**日本遺伝学会第 85 回大会**、2013 年 9 月 20 日、横浜。

磯部琴葉、高橋文、田村浩一郎、Gal4-UAS を用いたアカショウジョウバエの低温耐性候補遺伝子の機能解析、**日本遺伝学会第 85 回大会**、2013 年 9 月 20 日、横浜。

長田直樹、宮城竜太郎、高橋文、キイロショウジョウバエにおける集団内での cis および trans 遺伝子発現変異の定量、**日本遺伝学会第 85 回大会**、2013 年 9 月 20 日、横浜。

長田直樹、霊長類のゲノム進化、**第 67 回日本人類学会大会**、2013 年 11 月 3 日、つくば。

Ryohei Terauchi, Hiromasa Saitoh, Hiroyuki Kanzaki, Koki Fujisaki, Hiroki Takagi, Kentaro Yoshida, Sophien Kamoun “Toward understanding evolution and function of *Magnaporthe oryzae* effectors AVR-Pia, AVR-Pii and AVR-Pik”, **6th International Rice Blast Conference**, Aug. 24, 2013, Jeju island, Korea.

Ryohei Terauchi, Whole genome analysis of rice-Magnaporthe interactions, **10th International Congress of Plant Pathology**, Aug. 26, 2013, Beijing, China.

寺内良平、植物-病原菌相互作用の集団ゲノム解析、**日本遺伝学会第 85 回大会**、2013 年 9 月 20 日、横浜。

寺内良平、分子間相互作用によるイネ-いもち病菌の共進化、**第 124 回日本育種学会**、2013 年 10 月 12 日、鹿児島。

Ichizo Kobayashi, Mobility of restriction-modification systems and their domains, **International Conference on Nucleic Acid Enzymes and Enzymes in Human Diseases (NAEEHD)**, June 17, 2013, Hong Kong.

古田芳一、小林一三、DNA メチル化酵素のドメイン移動によるピロリ菌のエピゲノム多様化、**第 19 回日本ヘリコバクター学会学術集会シンポジウム「ヘリコバクターの Omics」**、2012 年 6 月 28 日、長崎。

矢原耕史、古田芳一、吉田優、東健、小林一三、インシリコ染色体ペインティングでわ

かるピロリ菌の詳細な集団構造、第 19 回日本ヘリコバクター学会学術集会シンポジウム「ヘリコバクターの Omics」、2012 年 6 月 28 日、長崎。

矢原耕史、古田芳一、大島健志朗、吉田優、東健、服部正平、内山郁夫、小林一三、種内集団構造のインシリコ染色体ペインティングによる解明、日本進化学会第 15 回大会、2013 年 8 月 29 日、筑波。

南波宏枝、古田芳一、柴田朋子、西山智明、重信秀治、Desirazu N. Rao、長谷部光泰、小林一三、第三世代シーケンサー（PacBio 社）1 分子リアルタイム（SMRT）シーケンシングでのメチローム解読による制限修飾系の認識配列の決定、日本進化学会第 15 回大会、2013 年 8 月 30 日、筑波。

古田芳一、南波宏枝、柴田朋子、西山智明、重信秀治、鈴木穰、菅野純夫、長谷部光泰、小林一三、DNA メチル化系の認識配列変換によるメチローム多様化：種内複数株でのメチローム解読からの証拠、日本進化学会第 15 回大会、2013 年 8 月 30 日、筑波。

K. Yahara, Y. Furuta, K. Oshima, M. Yoshida, T. Azuma, M. Hattori, I. Uchiyama, I. Kobayashi, Chromosome painting in silico in a bacterial species reveals fine population structure, Workshop 1. Molecular Genetics & Virulence Factors, **EHSG XXVth International Workshop on Helicobacter and related bacteria in chronic digestive inflammation and gastric cancer**, Sep. 13, 2013, Madrid, Spain.

Yoshikazu Furuta and Ichizo Kobayashi, Mobility of DNA sequence recognition domains in DNA methyltransferases suggests epigenetics-driven adaptive evolution, **Campylobacter, Helicobacter and Related Organisms (CHRO) 2013**, Sep. 16, 2013, Aberdeen, UK.

Koji Yahara, Yoshikazu Furuta, Kenshiro Oshima, Masaru Yoshida, Takeshi Azuma, Masahira Hattori, Ikuo Uchiyama, and Ichizo Kobayashi, Chromosome painting in silico in a bacterial species reveals fine population structure, **Campylobacter, Helicobacter and Related Organisms (CHRO) 2013**, Sep. 19, 2013, Aberdeen, UK.

矢原耕史、古田芳一、大島健志朗、吉田優、東健、服部正平、内山郁夫、小林一三、種内集団構造のインシリコ染色体ペインティングによる解明、日本遺伝学会第 85 回大会、2013 年 9 月 21 日、横浜。

古田芳一、南波宏枝、柴田朋子、西山智明、重信秀治、鈴木穰、菅野純夫、長谷部光泰、小林一三、一分子リアルタイム(SMRT)シーケンシングによるメチローム解読と「エピジェネティクス駆動進化」仮説、日本遺伝学会第 85 回大会ワークショップ「網羅的ゲノム DNA メチル化解析から現れる新しい生命像」、2013 年 9 月 21 日、横浜。

Ichizo Kobayashi, Hiroe Namba, Tomoko F. Shibata, Tomoaki Nishiyama, Shuji Shigenobu, Yutaka Suzuki, Sumio Sugano, Mitsuyasu Hasebe, Yoshikazu Furuta, Methylome diversification through changes in the sequence specificity of DNA methyltransferases, **Infectious Disease Genomics & Global Health Conference**, Oct. 17, 2013, Cambridge, UK.

Ichizo Kobayashi, Why restriction enzymes? RM, epigenetic powers driving evolution, **The History of Restriction Enzymes**, Oct. 21, 2013, Cold Spring Harbor, USA.

小林一三、進化する能力を細胞に持たせるには、どうすればいいだろうか？「細胞を創る」研究会 6.0、2013 年 11 月 15 日、鶴岡。

Ichizo Kobayashi, Epigenetics in evolution, **Commemorative Symposium for the 29th International Prize for Biology**, Nov. 22, 2013, Fukuoka.

古田芳一、南波 宏枝、柴田朋子、西山智明、重信秀治、鈴木穰、菅野純夫、長谷部光泰、小林一三、DNA メチル化系の認識配列変換によるメチローム多様化：種内複数株でのメチローム解読からの証拠、第 36 回日本分子生物学会年会、2013 年 12 月 5 日、神戸。

Tomoko Tahira, Yoji Kukita, Koji Yahara, Ken Yamamoto, Kiyoko Kato, Norio Wake, Kenshi Hayashi, Functional annotation of structural variations detected in haploid genomes of Japanese population、第 36 回日本分子生物学会年会、2013 年 12 月 5 日、神戸。

Koji Yahara, Yoshikazu Furuta, Ichizo Kobayashi, Chromosome painting in silico in a bacterial species reveals fine population structure、第 87 回日本細菌学会総会、2014 年 3 月 26 日、東京。

Yoshikazu Furuta, Ichizo Kobayashi, Methylome diversification through changes in

the sequence specificity of DNA methyltransferases、第 87 回日本細菌学会総会、2014 年 3 月 26 日、東京.

吉田芳一、南波宏枝、柴田朋子、西山智明、重信秀治、鈴木穰、菅野純夫、長谷部光泰、小林一三、DNA メチル化系の認識配列変換によるエピゲノム多様化 : PacBio マシンによる全メチローム解読からの証拠、日本農芸化学会 2014 大会、2014 年 3 月 28 日、川崎.

小野竜一、ゲノムインプリンティングとレトロトランスポゾン、信州生命科学サマーセミナー、2013 年 7 月 23 日、長野。(招待講演)

小野竜一、レトロトランスポゾン獲得による哺乳類の胎生進化、国立遺伝学研究所研究集会「新機能獲得の分子進化」、2013 年 8 月 18 日、三島。(招待講演)

小野竜一、レトロトランスポゾン由来の遺伝子による哺乳類の胎生進化、国立遺伝学研究所研究集会「転移因子と宿主の相互作用による生命機能」2013 年 10 月 11 日、三島。(招待講演)

Ryuichi Ono, Evolution of mammalian viviparity by retrotransposon-derived imprinted genes. **Therapeutics Discovery Symposia Asia-2013** on "Small RNAs to Stem Cells & Epigenetic Reprogramming, -2013 Meeting", 2013 年 11 月 26 日, Tokyo. (招待講演)

小野竜一、成瀬美衣、北澤萌恵、岡野栄之、岡部勝、伊川正人、金児・石野知子、石野史敏、哺乳類特異的遺伝子 Peg10 の機能解析、第 36 回日本分子生物学会年会、2013 年 12 月 5 日、神戸.

打田直行、小川与比古、森明子、猪狩和成、森田(寺尾)美代、田坂昌生, Mechanisms for diversification of R genes revealed by analysis of uni-1D mutant, 第 55 回日本植物生理学会、2014 年 3 月 18 日、富山.

野中菜乃美、池松朱夏、田坂昌生、打田直行, Regulation of inflorescence stem growth by the pair of peptide hormones EPFL4/6 and their receptor ERECTA, 第 55 回日本植物生理学会、2014 年 3 月 18 日、富山.

池松朱夏、野田口理孝、東山哲也、鳥居啓子、田坂昌生、打田直行, Regulation of

vasculature development of Arabidopsis hypocotyls by ERECTA-family receptor kinases during secondary growth, 第 55 回日本植物生理学会、2014 年 3 月 18 日、富山.

松原健太、池松朱夏、平川有宇樹、東山哲也、鳥居啓子、田坂昌生、打田直行, Analysis of signaling crosstalks for vascular growth in Arabidopsis hypocotyls, 第 55 回日本植物生理学会、2014 年 3 月 18 日、富山.

木村友香、田坂昌生、打田直行, Novel mechanism for stem cell maintenance suggested by analysis of ERECTA-family receptor kinase genes, 第 55 回日本植物生理学会、2014 年 3 月 18 日、富山.

平川有宇樹、田畑亮、本田紘章、打田直行、河内孝之、澤進一郎、John Bowman, Functional analysis of a Marchantia CLE gene, 第 55 回日本植物生理学会、2014 年 3 月 18 日、富山.

池松朱夏、東山哲也、鳥居啓子、田坂昌生、打田直行, 植物の肥大成長を制御するメカニズム, 2013 年受精発生の会、2013 年 8 月 2 日、三重.

Kawano, Y., Akamatsu, A., Hamada, S., and Shimamoto, K. Study of Defense in rice immunity with Dr. Shimamoto, 13th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), Nov. 20-23, 2013, New Delhi, India.

Kawano, Y., and Shimamoto, K. Elucidation of mechanisms of small GTPase OsRac1 activation by R protein Pit through OsSPIKE1, The 6th International Rice Blast Conference (IRBC), Aug. 20-23, 2013, Jeju, Korea.

Kawano, Y., Yao, A., Yusuke Housen, and Ko Shimamoto, Elucidation of mechanisms of small GTPase OsRac1 activation by R protein Pit through OsSPIKE1, 第 54 回日本植物生理学会、2013 年 3 月 21-23 日、岡山.

矢野健太郎、大規模トランスクリプトームを用いた遺伝子発見手法、CLC Bio User Meeting 2013、2013 年 5 月 27 日、東京.

矢野健太郎、大規模オミックス解析とデータベース構築、明治大学・科学技術研究所シンポジウム「大規模オミックス情報解析がもたらす生命科学の新たな展開」、2013 年 9 月 2 日、東京.

鈴木智大、小林正明、豊島裕美、道羅英夫、佐々木陽平、高野知之、鈴木貴之、大前沙央理、平井浩文、矢野健太郎、河岸洋和、次世代シーケンサーを用いたスギヒラタケのゲノム及びトランスクリプトーム解析、**NGS 現場の会第 3 回研究会**、2013 年 9 月 4-5 日、神戸。

小林正明、高野知之、菊江佳世子、鈴木貴之、佐々木陽平、寺島伸、松村駿斗、亀山一樹、横山幸治、吉田有希、千葉洋、多田欣史、清水顕史、安益公一郎、松岡信、渡辺正夫、諏訪部圭太、矢野健太郎、モデル植物の大規模オミックス情報を活用した遺伝子発現ネットワークの種間比較解析、**日本植物細胞分子学会第 31 回大会**、2013 年 9 月 10-12 日、札幌。

矢野健太郎、大規模オミックス情報に基づく遺伝子探索手法、**日本植物細胞分子生物学会第 31 回大会シンポジウム「バイオインフォマティクス講習会」**、2013 年 9 月 12 日、札幌。

川勝弥一、上ノ山華織、五十嵐香里、中山北斗、久保中央、矢野健太郎、木村成介、京野菜のミズナとミブナに観察される葉形の多様性の発生的・遺伝的背景の解明、**日本植物学会第 77 回大会**、2013 年 9 月 13-15 日、札幌。

矢野健太郎、植物育種のためのオミックス・データ解析入門、**日本育種学会第 124 回講演会シンポジウム**、2013 年 10 月 11-13 日、鹿児島。

Kentaro Yano, High-throughput genotyping and large-scale expression network analysis of crops, **10th JSOL International Symposium on Solanaceae Genomics**, Nov. 29-30, 2013, Osaka.

矢野健太郎、小林正明、大柳一、システムズ・バイオロジー研究に向けた大規模データ解析とバイオインフォマティクス、**第 55 回日本植物生理学会年会シンポジウム「新技術による植物環境感覚研究」**、2014 年 3 月 18-20 日、富山。

安益公一郎、小林正明、田中純夢、大柳一、鈴木貴之、高野知之、矢野健太郎、松岡信、de novo アセンブリによる非モデルシダ植物の遺伝子発現データベースの構築について、**第 55 回日本植物生理学会年会シンポジウム「データベース講習会」**、2014 年 3 月 18-20 日、富山。

矢野健太郎、鈴木貴之、小林正明、菅野真麻、森本恭子、青木考、「TOMATOMICS : トマト・オミックス情報のための統合データベース」、**第 55 回日本植物生理学会年会**、2014 年 3 月 18-20 日、富山。

小林正明、高野知之、鈴木貴之、佐々木陽平、寺島伸、松村駿斗、豊島裕美、森本恭子、菅野真麻、横山幸治、吉田有希、千葉洋、多田欣史、清水顕史、安益公一郎、松岡信、渡辺正夫、諏訪部圭太、矢野健太郎、大規模オミックス情報に基づく網羅的な遺伝子発現ネットワーク構築と種間比較解析、**第 55 回日本植物生理学会年会**、2014 年 3 月 18-20 日、富山。

小林正明、高野知之、鈴木貴之、佐々木陽平、寺島伸、松村駿斗、豊島裕美、森本恭子、鐘ヶ江弘美、菅野真麻、横山幸治、吉田有希、千葉洋、多田欣史、清水顕史、安益公一郎、松岡信、渡辺正夫、諏訪部圭太、矢野健太郎、大規模オミックス情報を活用した網羅的な遺伝子発現ネットワーク構築と種間比較解析、**日本育種学会第 125 回講演会**、2014 年 3 月 21-22 日、仙台。

玉田洋介、天体観測に用いる補償光学を応用したライブイメージングの新展開、**定量生物学の会第 6 回年会**、2013 年 11 月 23 日、大阪。

服部雅之、玉田洋介、早野裕、亀井保博、高解像度観察を可能にする補償光学 ～すばる望遠鏡の技術から顕微鏡技術へ～、**第 204 回生物科学セミナー**、2013 年 11 月 11 日、東京。

服部雅之、玉田洋介、すばる望遠鏡から顕微鏡へ：高解像度観察を可能にする補償光学の新展開、**第 120 回 KARC コロキウム**、2013 年 11 月 5 日、神戸。

Yosuke Tamada, Takashi Murata, Masayuki Hattori, Shin Oya, Yutaka Hayano, Yasuhiro Kamei, Mitsuyasu Hasebe. “Optical Property Analyses of Plant Cell for Adaptive Optics Microscopy.” **International Symposium on Optomechatronic Technologies**, Oct. 28, 2013, Jeju, Korea.

玉田洋介、服部雅之、大屋真、村田隆、亀井保博、早野裕、長谷部光泰、天体観測に用いる補償光学を応用した新規ライブイメージング手法の開発、**日本遺伝学会第 85 回大会**、2013 年 9 月 21 日、日吉。

隅山健太、哺乳類 Gsx1, Gsx2 ホメオボックス遺伝子シス発現調節因子の進化的および

機能的解析、第 46 回日本発生生物学会年会、2013 年 5 月 29 日、松江。

Kenta Sumiyama, Origins of cis-regulatory elements in "Junk Yard", **NIG research meeting** "Evolution of Junk DNAs", June 23, 2013, Mishima.

隅山健太、Hox14 欠失進化について、第 3 回 **Tokyo Vertebrate Morphology Meeting**、2013 年 8 月 10 日、東京。

隅山健太、そして発現制御領域が残った：HoxA14 遺伝子欠失進化が示す distal enhancer の起源、**遺伝研研究集会**「新機能獲得の分子進化」、2013 年 8 月 17 日、三島。

隅山健太、脊椎動物ボディプラン進化における遺伝子重複によるシス転写調節機構新機能獲得進化の可能性、**日本遺伝学会第 85 回大会**、2013 年 9 月 19 日、東京。

岡彩子、城石俊彦、マウス亜種間ゲノム多型による転写調節のゆらぎと生殖隔離、**日本遺伝学会第 85 回大会ワークショップ**、2013 年 9 月 21 日、横浜。

Derek Bartlem, Identification of a genetic pathway essential for root-knot nematode feeding site development, **Plant Molecular and Cellular Biology Research Seminar**, Nov. 20, 2013, Gainesville, USA.

Derek Goto, A functional role for plant symbiosis genes in root-knot nematode infection, **18th International Congress on Nitrogen Fixation**, Oct.14-18, 2013, Miyazaki. (Session Chair)

Hikota Miyazawa, Shuhei Hayashi, Takuya Suzaki, Masayoshi Kawaguchi, Derek Goto, Host symbiosis genes are essential for functional feeding sites induced by root-knot nematodes, **23rd Annual Meeting for Plant-Microbe Interactions**, Sep. 7-9, 2013, Okazaki.

Derek Goto, Symbiosis genes required for development of a functional host-parasite interface in the plant root, **FASEB Conference on Mechanisms in Plant Development**, Aug. 11-16, 2013, Saxtons River, USA.

Derek Goto, A genetic pathway for regulation of the vascular interface with

nematode-induced giant cells, **3rd International Conference on Plant Vascular Biology**, July 26-30, 2013, Helsinki, Finland. (Session Chair)

Derek Goto, Investigating the mechanism for infection of plants by parasitic root-knot nematode, **Plant Transgenic Design Initiative Meeting**, Apr. 4, 2013, Tsukuba.

Derek Goto, Hijack of a symbiosis signaling pathway by parasitic nematodes for infection of plant roots, **Japan-Australia Symposium on Plant Sciences for Agriculture IV**, Dec. 11-12, 2012, Perth, Australia. (Organizer)

Derek Goto, Mechanistic overlap between symbiosis and sedentary parasitism of plant roots, **10th International Congress on Plant Molecular Biology**, Oct. 21-26, 2012, Jeju, Korea.

Derek Goto, The plant symbiosis pathway is hijacked by a parasitic nematode for infection site development, **ComBio2012**, Sep. 23-27, 2012, Adelaide, Australia.

Derek Goto, Getting your own way: How does a nematode parasite deceive plants into providing a permanent home?, **School of Biological Sciences Seminar Series** at University of Queensland, Sep. 21, 2012, Brisbane, Australia.

Derek Goto, Interaction between root-knot nematodes and plant signaling networks during parasitic invasion, **XV International Congress of Molecular Plant-Microbe Interactions**, July 29-Aug. 2, 2012, Kyoto.

Derek Goto, The common symbiosis pathway is used by a parasitic nematode for infection site development, **77th Cold Spring Harbor Symposium on Quantitative Biology: The Biology of Plants**, May 30-June 4, 2012, Cold Spring Harbor, USA.

杉浦大祐、岡崎一美、高橋涼香、梶原武雄、岡崎拓、免疫抑制受容体 LAG-3 による T 細胞活性化制御機構の解析、**第 12 回四国免疫フォーラム**、2013 年 6 月 22 日、讃岐。

Daisuke Sugiura, Il-mi Okazaki, Taku Okazaki, Molecular analyses of an inhibitory co-receptor, LAG-3”, **The Third Bisan Immunology Symposium** “Immune System Development, Deviation, and Regulation”, Feb. 14, 2014, Tokushima.

Taku Okazaki, Regulation of autoimmunity by immuno-inhibitory receptors, **The Third Bizan Immunology Symposium** “Immune System Development, Deviation, and Regulation”, Feb. 14, 2014, Tokushima.

郷康広、情感はいかにゲノムによって左右され得るのか？、平成 24 年度京都大学霊長類研究所共同利用研究会「情感を育むゲノム・脳・社会環境」、2013 年 3 月 9 日、犬山。

Yasuhiro Go, Deep Exome Sequencing in Macaque Monkeys for the Establishment of Primate Cognitive and Psychiatric Disease Model, **The 24th CDB meeting Genomics and Epigenomics with Deep Sequencing**, June 13-14, 2013, Kobe.

Yasuhiro Go, Spatiotemporal gene expression trajectory in the human and non-human ape brains, **NGS 現場の会第 3 回研究会**、2013 年 9 月 4-6 日、神戸。

Yasuhiro Go, Spatiotemporal gene expression trajectory in the human and non-human ape brains, **Cold Spring Harbor Meeting**, Behavior & Neurogenetics of nonhuman primates, Sep. 6-9, 2013, Cold Spring Harbor, USA.

権田彩、松村秀一、斉藤正一郎、郷康広、今井啓雄、マーモセット盲腸における味覚情報伝達分子群の発現解析、**第 29 回日本霊長類学会・日本哺乳類学会 2013 年度合同大会**、2013 年 9 月 6 日、岡山。

Kim J.M., To T.K. and Seki M., HDA6, an epigenetic integrator in Arabidopsis, **第 55 回日本植物生理学会シンポジウム “Plant Epigenetics”**, 2014 年 3 月、富山。

下田宜司、山谷絃子、佐伯和彦、眞板寛子、平川英樹、佐藤修正、西ヶ谷有輝、山崎俊正、河内宏、梅原洋佐、林誠宿主変異体の窒素固定表現型を規定する根粒菌因子の同定、**植物微生物研究会・第 23 回研究交流会**、2013 年 9 月 7 日、岡崎。

Okazaki S., Kaneko T., Sato S., Saeki K. Hijacking of leguminous nodulation signaling by the rhizobial type III secretion system, **18th International Congress on Nitrogen Fixation**, Oct. 17, 2013, Miyazaki.

Saeki K., Kasai-Maita H., Kubota K., Kaneko T., Hirakawa H., Tabata S., Sato S. Core gene sets and evolution of symbiosis islands in rhizobial isolates from *Lotus*

japonicus indigenous to Japan, **18th International Congress on Nitrogen Fixation**, Oct. 18, 2013, Miyazaki.

宮澤幸樹, 佐藤修正, 平川英樹, 岡崎伸, 佐伯和彦, 金子貴一, **ダイズ根粒菌 *Bradyrhizobium elkanii* の比較ゲノム解析**, **植物微生物研究会・第23回研究交流会**, 2013年9月8日, 岡崎.

窪田和奈, 眞板寛子, 平川英樹, 佐藤修正, 佐伯和彦, **ミヤコグサ根粒菌野生系統の耐塩性について**, **植物微生物研究会・第23回研究交流会**, 2013年9月8日, 岡崎.

植田美那子, 東山哲也, 梅田正明, **シロイヌナズナの受精卵極性と体軸形成の制御機構**, **第25回日本植物形態学会**, 2013年9月12日, 札幌.

植田美那子, 東山哲也, 梅田正明, **シロイヌナズナの受精卵極性と体軸形成の制御機構**, **第77回日本植物学会**, 2013年9月13-15日, 札幌.

川崎努, **植物の病原菌認識受容体における免疫反応の誘導機構**, **日本生体防御学会**, 2013年7月9-12日, 熊本.

Kazuya Ishikawa, Koji Yamaguchi, Kazuaki Sakamoto, Yuichiro Muraguchi, Seiji Tsuge, Chojiro Kojima and Tsutomu Kawasaki, Xoo3222, type III effector, targets OsPUB44, a regulator of PAMPs-induced basal resistance, **Keystone Symposia, Plant Immunity: Pathways and Translation**, Apr. 7-12, 2013, Big Sky, USA.

石川和也, 山口公志, 井上健人, 坂本一明, 村口由一郎, 北野詩織, 小川まどか, 津下誠治, 川崎努, **植物免疫における OsPUB44 の機能解析**, **平成25年度日本植物病理学会関西西部会**, 2013年9月26-27日, 岡山.

吉村悠矢, 山口公志, 清瀬嵩人, 川崎努, **植物免疫における Anamorsin の機能解明**, **近畿植物学会**, 2013年12月7日, 奈良.

山田健太, 山口公志, 石川和也, 吉村悠矢, 杉下亮丞, 吉村智美, 多田安臣, 市村和也, 川崎努, **植物免疫における MAP キナーゼカスケードへのシグナル伝達機構の解明**, **近畿植物学会**, 2013年12月7日, 奈良.

山口公志, 山田健太, 白川友美, 船間亮汰, 石川和也, 鳴坂真理, 鳴坂義弘, 市村和也,

深溝慶、渋谷直人、川崎努、AtRLCK1 regulates MAPKKKa mediated activation of MAP kinase in chitin-triggered immunity、第 55 回日本植物生理学会年会、2014 年 3 月 18-20 日、富山。

石川和也、山口公志、井上健人、吉村智美、坂本一明、村口由一郎、北野詩織、小川まどか、津下誠治、川崎努、OsPUB44 positively regulates PAMPs-induced resistance in rice、第 55 回日本植物生理学会年会、2014 年 3 月 18-20 日、富山。

山田健太、山口公志、山内康平、石川和也、野元美佳、市村和也、多田安臣、深溝慶、川崎努、AtRLCK1 functions as a MAPKKK kinase in chitin-induced immune signaling、第 55 回日本植物生理学会年会、2014 年 3 月 18-20 日、富山。

吉村悠矢、山口公志、清瀬嵩人、吉村智美、川崎努、”Functional analysis of Anamorsin in plant immunity、第 55 回日本植物生理学会年会、2014 年 3 月 18-20 日、富山。

早田奈央、吉村智美、井戸悠太、川崎努、Identification of immune factors interacted with Xa1, the bacterial blight resistance NB-LRR protein in rice、第 55 回日本植物生理学会年会、2014 年 3 月 18-20 日、富山。

川崎努、Suppression of pattern recognition receptor-mediated plant immunity by bacterial effector、日本細菌学会ワークショップ、2014 年 3 月 26-28 日、東京。

Murai, K. and K. Kato, Epigenetic regulation of flowering-time genes controlled by mitochondrial genome. **Workshop on Molecular Mechanisms Controlling Flower Development**, June 8-12, 2013, Cote d’Azur, France.

村井耕二、尾関美穂、加藤啓介、北川哲、Yadav Gyawali、寺地徹、細胞質置換コムギ系統における花成関連遺伝子のエピジェネティック制御に関与するミトコンドリア遺伝子の探索、日本遺伝学会第 85 回大会、2013 年 9 月 19 日、横浜。

村井耕二、黒坂真素美、様々な日本コムギ品種の出穂期および種子稔性に及ぼす *Aegilops geniculata* および *Ae. mutica* 細胞質の効果、日本育種学会第 124 回講演会、2013 年 10 月 12 日、鹿児島。

村井耕二、ミトコンドリアゲノムによる核遺伝子のエピジェネティック制御 ～細胞質置換コムギにおける花成関連遺伝子～、第 6 回北陸合同バイオシンポジウム、2013 年

11月9日, 能登.

村井耕二、ミトコンドリアゲノムによる花成促進遺伝子 VRN1 のエピジェネティック制御、**第8回ムギ類研究会**、2013年12月7日, 神戸.

田中幹子、鬼丸洗, 親指形成システムの起源—鰭から四肢へと形態を進化させた発生プログラムの変化—、新学術領域ゲノム遺伝子相関 & 新学術領域複合適応形質進化の遺伝子基盤解明共催公開シンポジウム〜マイクロ進化とマクロ進化のギャップをどう埋めるのか〜、**日本遺伝学会第85回大会**、2013年9月19-21日, 横浜.

Koh Onimaru, Mikiko Tanaka, The origin of the thumb patterning system, **17th International Congress of Developmental Biology**, June 16-20, 2013, Cancun, Mexico.

田中幹子、レーザー技術を応用した発生学研究の新展開、**第79回レーザー加工学講演会**、2013年5月7-8日, 大阪. (招待 特別講演)

須田夏野、白川大介、伊藤武彦、中戸隆一郎、坂東優篤、白髭克彦、片岡浩介、Cheryll Tickle、田中幹子、Dimeric combinations of MafB, cFos, and cJun control the apoptosis-survival balance in limb morphogenesis, **日本動物学会第84回大会**、2013年9月26-28日、岡山.

Shogo Ueda, Yasuko Kanazawa, Natsuno Suda, Ryo Yamada, Hisanobu Shimamura, Ryoichiro Nakato, Katsuhiko Shirahige, Mikiko Tanaka, Cux2 refines the position of limbs along the rostral-caudal axis during chick development, **The 46th Annual Meeting of the Japanese Society of Developmental Biologists**, May 28-31, 2013, Shimane.

Koh Onimaru, Mikiko Tanaka, Modification of anterior-posterior patterning systems during the fin-to-limb transformation: Insight into the origin of thumb, **The 46th Annual Meeting of the Japanese Society of Developmental Biologists**, May 28-31, 2013, Shimane.

鬼丸洗、田中幹子、脊椎動物の鰭から四肢への形態変化における前後軸形成機構の変化、**日本動物学会関東支部会第65回大会**、2013年3月16日、東京.

植田翔悟、金澤康子、須田夏野、山田亮、島村尚伸、中戸隆一郎、白髭克彦、田中幹子、ニワトリ胚の側板中胚葉において頭尾軸に沿った肢芽形成領域を設定するメカニズムの解明、**日本動物学会関東支部会第 65 回大会**、2013 年 3 月 16 日、東京。

須田夏野、白川大介、伊藤武彦、中戸隆一郎、坂東優篤、白髭克彦、片岡浩介、Cheryll Tickle、田中幹子、Dimeric combinations of MafB, c-maf, c-Jun and c-Fos control the apoptosis-survival balance in limb patterning under BMP/FGF regulation, **日本動物学会関東支部会第 65 回大会**、2013 年 3 月 16 日、東京。

金子皓輝、中谷友紀、田中幹子、硬骨魚類の発生過程における側板中胚葉の挙動の解析、**日本動物学会関東支部会第 65 回大会**、2013 年 3 月 16 日、東京。

敦賀屋堅太、菊地裕輔、中谷友紀、田中幹子、対鰭筋形成解析のためのトランスジェニックゼブラフィッシュの作製、**日本動物学会関東支部会第 65 回大会**、2013 年 3 月 16 日、東京。

Fujimoto R., Sasaki T., Kawanabe T., Saeki N., Abe H., Peacock WJ and Dennis ES. Establishment of heterosis at early developmental stage in *Arabidopsis thaliana* is independent from Pol4 activity. **第 54 回日本植物生理学会年会**、2013 年 3 月 21-23 日、岡山。

藤本龍、アブラナ科植物の種内、種間雑種に見られる非相加的遺伝子発現、**日本育種学会第 123 回講演会グループ研究集会**、2013 年 3 月 27-28 日、東京。

Saeki N., Kawanabe T., Abe H., Shimizu M., Konno S., Kaji M and Fujimoto R. A large cotyledon area after germination is a common phenomenon in heterotic F₁ hybrids of *Arabidopsis thaliana* and Chinese cabbage. **24th International Conference on Arabidopsis Research**, June 24-28, 2013, Sydney, Australia.

Kawanabe T., Saeki N and Fujimoto R. Variation of the level of the heterosis among F₁ hybrid individuals in *Arabidopsis thaliana*. **24th International Conference on Arabidopsis Research**, June 24-28, 2013, Sydney, Australia.

川辺隆大、阿部寛史、佐伯なつみ、清水元樹、今野周平、加治誠、藤本龍、ハクサイ F₁ 品種 W77 における初期生育と収穫期の雑種強勢の評価、**園芸学会平成 25 年度秋期大会**、2013 年 9 月 20-22 日、岩手。

藤本龍、佐伯なつみ、阿部寛史、加治誠、川辺隆大、初期生育時に見られるハクサイとシロイヌナズナの雑種強勢の相違点、**園芸学会平成 25 年度秋期大会**、2013 年 9 月 20-22 日、岩手。

佐伯なつみ、川辺隆大、阿部寛史、今野周平、清水元樹、加治誠、藤本龍、ハクサイ F₁ 品種 W39 における生育初期及び収穫期の雑種強勢の評価、**園芸学会平成 25 年度秋期大会**、2013 年 9 月 20-22 日、岩手。

藤本龍、Taylor Jennifer、川辺隆大、佐伯なつみ、阿部寛史、Peacock James、Dennis Elizabeth、シロイヌナズナの子葉における雑種強勢を示す F₁ とその両親系統間での転写比較解析、**日本育種学会第 124 回講演会**、2013 年 10 月 12-13 日、鹿児島。

佐伯なつみ、川辺隆大、阿部寛史、加治誠、岡崎桂一、藤本龍、ハクサイ市販 F₁ 品種 'W39' の生育初期に見られる雑種強勢について、**日本育種学会第 124 回講演会**、2013 年 10 月 12-13 日、鹿児島。

川辺隆大、井出千賀、佐伯なつみ、藤本龍、シロイヌナズナの F₁ 雑種にみられる雑種強勢の程度について、**日本育種学会第 124 回講演会**、2013 年 10 月 12-13 日、鹿児島。

戸丸祐貴、中村友理、清水元樹、藤本龍、岡崎 桂一、*Brassica oleracea* 染色体添加型 *B. rapa* を用いた緑植物体春化の遺伝解析、**日本育種学会第 124 回講演会**、2013 年 10 月 12-13 日、鹿児島。

清水 元樹、川辺隆大、Pu Zi-jing、藤本 龍、岡崎 桂一、*Brassica oleracea* 品種における萎黄病抵抗性遺伝子 FocBo1 連鎖 DNA マーカーと抵抗性との関連性、**日本育種学会第 124 回講演会**、2013 年 10 月 12-13 日、鹿児島。

川辺隆大、佐伯なつみ、阿部寛史、今野周平、加治誠、岡崎桂一、藤本龍、アブラナ科植物一代雑種品種における両親系統の対立遺伝子間相互作用、**日本育種学会第 124 回講演会**、2013 年 10 月 12-13 日、鹿児島。

Ishikawa A, and ~~Kitano J~~ "Molecular and genetic mechanisms underlying variation in phenotypic plasticity in Sticklebacks", **Congress of the European Society of Evolutionary Biology**, Lisbon, August 19-24. 2013, Lisbon

石川 麻乃、北野 潤「イトヨにおける異なる日長応答性の進化とその遺伝基盤」**第 15 回日本進化学会大会**、2013 年 8 月 28-31 日、筑波

石川 麻乃、北野 潤「魚類における異なる日長応答性の進化とその遺伝基盤」**日本動物学会大会**、2013 年 08 月 12 日、岡山

北野 潤「性的二型進化の遺伝理論とトゲウオの性的二型」**日本動物学会大会**、2013 年 08 月 12 日、岡山

北野 潤「トゲウオにおけるマイクロレベルでの表現型多様化とマクロレベルでの種分化の遺伝機構」**日本遺伝学会大会**、2013 年 08 月 31 日、慶応大学

吉田恒太、牧野能士、山口勝司、重信秀治、長谷部光泰、河田雅圭、豊田敦、藤山秋佐夫、北野潤「トゲウオ科魚類における新しい性染色体領域の出現は遺伝子のアミノ酸配列と発現量の進化を促進した」**日本遺伝学会大会**、プログラム・予稿集 2013 年 08 月 31 日、慶応大学

山元大輔. 性行動を生み出す脳と遺伝子の仕組み. 脳はおもしろい **新適塾**, 2013.12.18. (invited) 豊中市, 大阪

D. Yamamoto. Molecular neuroethology of Drosophila courtship: from the gene to behavior. **Academia Sinica**, 2013.11.8 (invited), Taipei, Taiwan

平成 26 年度

久保健一、円谷徹之、岩野恵、高山誠司、植物の自家不和合性機構の多様性と進化、**第 37 回日本分子生物学会ワークショップ「動植物における生殖戦略とその分子基盤」**、2014 年 11 月 26 日、横浜.

久保健一、円谷徹之、岩野恵、高山誠司、植物の自家不和合性機構の多様性と進化、**第 37 回日本分子生物学会**、2014 年 11 月 26 日、横浜.

久保健一、Timothy Paape、畠山剛臣、円谷徹之、清水(稲継)理恵、清水健太郎、高山誠司、遺伝子重複と遺伝子交換が、S-RNase 型自家不和合性の進化をドライブする、**第 56 回日本植物生理学会**、2015 年 3 月、岡山.

藤井壮太、岩野恵、伊藤花菜江、高山誠司、アブラナ科植物の花粉-柱頭間相互作用、**第 56 回日本植物生理学会**、2015 年 3 月、岡山。

木下哲、オス・メスのせめぎ合い ～植物ゲノムの場合～、**日本動物学会第 85 回仙台大会シンポジウム**、2014 年 9 月 12 日、仙台。

木下哲、シロイヌナズナにおける DNA 脱メチル化機構、**日本遺伝学会第 86 回大会**、2014 年 9 月 17 日、長浜。

河邊昭、吉田貴徳、ゲノムインプリンティングによって制御される type 1 MADS 遺伝子の分子進化に及ぼす遺伝子重複の重要性、**日本遺伝学会第 86 回大会ワークショップ「系統特異性の遺伝学～遺伝子重複、保存非コード配列、平行進化～」**、2014 年 9 月 17 日、長浜。

吉田貴徳、降旗初佳、樽谷芳明、角谷徹仁、河邊昭、核内オルガネラ様配列の DNA メチル化修飾とその遺伝様式、**日本遺伝学会第 86 回大会**、2014 年 9 月 17 日、長浜。

薄伊納、吉田貴徳、河邊昭、*Brassica* 属植物の typeIMADS-box 遺伝子群のインプリンティングと進化様式の解明、**日本遺伝学会第 86 回大会**、2014 年 9 月 17 日、長浜。

辻野裕大、吉田貴徳、降旗初佳、河邊昭、シロイヌナズナと近縁種の葉緑体ゲノムから核への移行パターンの解析、**日本遺伝学会第 86 回大会**、2014 年 9 月 19 日、長浜。

木下圭司、渋谷一元、水谷誠、松田洋一、ニワトリ近交系で発見された新奇不完全アルビノ様変異の病理学的特徴と原因遺伝子の同定、**第 61 回日本実験動物学会総会**、2014 年 5 月 16 日、札幌。

中野幹治、堀内浩幸、松田洋一、ウズラ胚性幹細胞の樹立に関する研究、**第 61 回日本実験動物学会総会**、2014 年 5 月 16 日、札幌。

Mitsuo Nunome, Ryo Tadano, Mikiharu Nakano, Ryoka Kawahara-Miki, Tomohiro Kono, Shinji Takahashi, Takaharu Kawashima, Akira Fujiwara, Keijiro Nirasawa, Makoto Mizutani, Yoichi Matsuda. A tentative analysis of genetic differences between wild and laboratory populations of Japanese quails using microsatellite DNA markers. **26th International Ornithological Congress**, Aug. 20, 2014, Tokyo.

石下聡、木下圭司、中野幹治、郷康広、松田洋一、ニワトリとニホンウズラ属間 F₁ 雑種の胚発

生と染色体の解析、**第 61 回日本実験動物学会総会**、2014 年 5 月 17 日、札幌.

布目三夫、只野亮、中野幹治、三木玲香、河野友宏、高橋慎司、川嶋貴治、藤原哲、葦澤圭一郎、水谷誠、松田洋一、マイクロサテライトマーカーと mtDNA を用いた家禽ニホンウズラと野生ニホンウズラの遺伝的特性の解析、**第 61 回日本実験動物学会総会**、2014 年 5 月 17 日、札幌.

石下聡、坪井一真、大石菜見子、土屋公幸、松田洋一、*Phodopus* 属種間雑種の減数分裂における X 染色体と Y 染色体の対合異常と早期分離、**日本遺伝学会第 86 回大会**、2014 年 9 月 19 日、長浜.

宇野好宣、佐々木千里、坪井一真、大石菜見子、土屋公幸、松田洋一、*Phodopus* 属ハムスターの種間雑種の発育不全を引き起こすエピジェネティックな遺伝子発現制御機構について、**日本遺伝学会第 86 回大会**、2014 年 9 月 19 日、長浜.

Mitsuo Nunome, Ryo Tadano, Mikiharu Nakano, Ryoka Kawahara-Miki, Tomohiro Kono, Shinji Takahashi, Takaharu Kawashima, Akira Fujiwara, Keiji Nirasawa, Makoto Mizutani, Yoichi Matsuda. Genetic difference among wild, laboratory, and commercial populations of the Japanese quail estimated by microsatellite DNA markers, **10th Asia Pacific Poultry Conference**, Oct. 20, 2014, Jeju, Korea.

Keiji Kinoshita, Kazumoto Shibuya, Makoto Mizutani, Yoichi Matsuda. Positional cloning and characterization of autosomal imperfect albinism found in a Fayoumi inbred line, **the 10th Asia Pacific Poultry Conference**, Oct. 21, 2014, Jeju, Korea.

Satoshi Ishishita, Keiji Kinoshita, Mikiharu Nakano, Yoichi Matsuda. Molecular cytogenetic study of quail-chicken intergeneric F1 hybrids, **10th Asia Pacific Poultry Conference**, Oct. 21, 2014, Jeju, Korea.

宮崎翔, Seung-Hyun Park, 川出洋, 林謙一郎, 浅見忠男, 中嶋正敏, ヒメツリガネゴケ原糸体で機能するジベレリン様分化制御物質の追究. **第 49 回植物化学調節学会**、2014 年 10 月、京都.

Suwabe, K. Cell type-specific RNA sequencing of papilla cell, a surface cell of pistil, by a combination of laser microdissection and next generation sequencing technologies. **The 2nd Plant Genomics Congress**, May 12-13, London, UK. (招待講演)

Ohyanagi, H., Takano, T., Terashima, S., Kobayashi, M., Kanno, M., Morimoto, K., Kanegae, H., Ozaki, S., Kudo, T., Matsumura, H., Sasaki, Y., Saito, M., Asano, S., Yokoyama, K., Aya, K., Suwabe, K., Suzuki, G., Aoki, K., Kubo, Y., Watanabe, M., Matsuoka, M., and Yano, K. CA Plot viewer and plant omics data center: A GUI-based tool for gene expression network construction and an integrated web repository for interspecies gene expression networks with NLP-based curation. **The 12th International Symposium on Rice Functional Genomics**, Nov. 16-19, 2014, Tucson, USA.

Nabemoto, M., Ichinoseki, R., Sato, M., Tanno, C., Masuko-Suzuki, H., Sakazono, S., Suwabe, K., Suzuki, G., Ito, Y., Hidema, J., Takahashi, K., Ando, A., and Watanabe, M. The effect of helium plasma-treatment during pollination of *Brassica* species. **Plant and Animal Genome XXIII**, Jan. 10-13, 2015, San Diego, USA.

Kudo, T., Takano, T., Terashima, S., Kobayashi, M., Kanno, M., Morimoto, K., Kanegae, H., Ozaki, S., Sasaki, Y., Saito, M., Asano, S., Yokoyama, K., Aya, K., Suwabe, K., Suzuki, G., Watanabe, M., Matsuoka, M., Ohyanagi, H., and Yano, K. Data mining in Plant Omics Data Center suggests conserved gene expression networks of molecular chaperone and protein disulfide isomerase genes in different organs - Plants. **Plant and Animal Genome XXIII**, Jan. 10-13, 2015, San Diego, USA.

Matsuda, T., Matsushima, M., Nabemoto, M., Osaka, M., Sakazono, S., Masuko-Suzuki, H., Mikako Sone, Takahashi, H., Nakazono, M., Iwano, M., Takayama, S., Shimizu, K.K., Yano, K., Suzuki, G., Watanabe, M., and Suwabe, K. Comparative transcriptome analysis between pre- and post-pollination in *Arabidopsis thaliana*. **Plant and Animal Genome XXIII**, Jan. 10-13, 2015, San Diego, USA.

Matsushima, M., Ando, M., Matsuda, T., Nabemoto, M., Sone, M., Hiroi, K., Sakazono, S., Masuko-Suzuki, H., Yano, K., Suzuki, G., Watanabe, M. and Suwabe, K. Establishment of Dynamic Imaging of Pollination in *Arabidopsis thaliana*. **Plant and Animal Genome XXIII**, Jan. 10-13, 2015, San Diego, USA.

高野知之, 寺島伸, 小林正明, 佐々木陽平, 松村駿人, 森本恭子, 菅野真麻, 千葉洋, 多

田欣史, 清水顕史, 安益公一郎, 松岡信, 渡辺正夫, 諏訪部圭太, 矢野健太郎, 遺伝子発現ネットワークの種間比較と高信頼度アノテーションの統合データベース構築. **第 32 回日本植物細胞分子生物学会**, 2014 年 8 月 21-22 日, 岩手.

高野知之, 寺島伸, 小林正明, 佐々木陽平, 松村駿人, 森本恭子, 菅野真麻, 千葉洋, 多田欣史, 清水顕史, 安益公一郎, 松岡信, 渡辺正夫, 諏訪部圭太, 矢野健太郎, 遺伝子発現ネットワークの種間比較と高信頼度アノテーションの統合データベース PODC. **第 126 回日本育種学会講演会**, 2014 年 9 月 26 日, 都城.

工藤徹, 高野知之, 寺島伸, 小林正明, 森本恭子, 菅野真麻, 鐘ヶ江弘美, 尾崎崇一, 松村駿斗, 佐々木陽平, 齋藤美沙, 浅野さとみ, 横山幸治, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 青木考, 久保康隆, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎, 遺伝子発現ネットワークの種間比較を実現する植物オミクス統合データベース PODC を用いたデータマイニング例, **第 11 回日本ナス科コンソシアム年会**, 2014 年 10 月 25 日, 名古屋.

浅野さとみ, 高野知之, 寺島伸, 小林正明, 森本恭子, 菅野真麻, 鐘ヶ江弘美, 尾崎崇一, 工藤徹, 佐々木陽平, 齋藤美沙, 横山幸治, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 青木考, 久保康隆, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎, PODC 活用例; トマトの遺伝子発現情報に基づくゲノム遺伝子相関の解明に向けて. **第 11 回日本ナス科コンソシアム年会**, 2014 年 10 月 25 日, 名古屋.

松葉篤, 藤井美樹, 鈴木剛, 山本真紀, 向井康比己, ラン科植物 *Rhynchosyilis* 属と *Neofinetia* 属の細胞遺伝学的解析のための BAC ライブラリー構築. **染色体学会第 65 回年会**, 2014 年 10 月 24-25 日, 倉敷.

辺本萌, 一ノ関留奈, 佐藤真由, 丹野ちぐさ, 増子(鈴木)潤美, 坂園聡美, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 伊藤幸博, 日出間純, 高橋和貴, 安藤晃, 渡辺正夫, プラズマ処理が受粉反応に及ぼす影響, **第 9 回東北育種研究集会**, 2014 年 11 月 15 日, 盛岡.

辺本萌, 一ノ関留奈, 佐藤真由, 丹野ちぐさ, 増子(鈴木)潤美, 坂園聡美, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 伊藤幸博, 日出間純, 高橋和貴, 安藤晃, 渡辺正夫, プラズマ処理が *Brassica rapa* の受粉反応に及ぼす影響. **第 24 回日本 MRS 年次大会**, 2014 年 12 月 11 日, 横浜.

Takano, T., Terashima, T., Ohyanagi, H., Kanno, M., Morimoto, K., Kanegae, H., Sasaki, Y., Kobayashi, M., Kudo, T., Asano, S., Saito, M., Yokoyama, K., Aya, K., Suwabe, K., Suzuki, G., Watanabe, M., Matsuoka, M., Yano, K., Plant Omics Data

Center (PODC): The Integrated Web Repository for Interspecies Gene Expression Networks. 第 56 回日本植物生理学会年会, 2015 年 3 月 17 日, 東京.

Asano, S., Takano, T., Terashima, S., M., Kobayashi, Kanno, M., Morimoto, K., Kanegae, H., Ozaki, S., Sasaki, Y., Saito, M., Kudo, T., Yokoyama, K., Aya, K., Suwabe, K., Suzuki, G., Watanabe, M., Matsuoka, M., Ohyanagi, H., and Yano, K. Practical uses of PODC (Plant Omics Data Center): For discovering new gene association in expression data and NLP-based knowledge data. 第 56 回日本植物生理学会年会, 2015 年 3 月 17 日, 東京.

Kudo, K., Takano, T., Terashima, S., Kobayashi, M., Kanno, M., Morimoto, K., Kanegae, H., Ozaki, S., Sasaki, Y., Saito, M., Asano, S., Yokoyama, K., Aya, K., Suwabe, K., Suzuki, G., Watanabe, M., Matsuoka, M., Ohyanagi, H., and Yano, K. Data mining in Plant Omics Data Center: A case of molecular chaperone and protein disulfide isomerase genes. 第 56 回日本植物生理学会年会, 2015 年 3 月 17 日, 東京.

Matsushima, M., Matsuda, T., Nagasaka, K., Hoshiai, C., Narita, S., Nabemoto, M., Sakazono, S., Masuko-Suzuki, H., Yano, K., Shimizu, K.K., Takayama, S., Okumura, K., Suzuki, G., Watanabe, M., and Suwabe, K. (2015) Comparative analysis of self-incompatibility factors in genus Arabidopsis. 第 56 回日本植物生理学会年会, 2015 年 3 月 17 日, 東京.

稲葉靖子, 増子(鈴木)潤美, 前川春彦, 渡辺正夫, 稲葉丈人 (2015) 発熱植物ザゼンソウにおける PEBP 遺伝子ファミリーの同定および解析, 日本農芸化学会, 2015 年 3 月 27 日, 岡山.

宮城竜太郎, 長田直樹, 高橋文, ショウジョウバエ自然集団における体色多型を生み出すメラニン合成遺伝子群の cis 発現量解, 日本進化学会第 16 回大阪大会, 2014 年 8 月 22 日, 高槻.

秋山礼良, 宮城竜太郎, 高橋文, キイロショウジョウバエにおける体色変異と低温、乾燥耐性, 日本進化学会第 16 回大阪大会, 2014 年 8 月 22 日, 高槻.

宮城竜太郎, 長田直樹, 高橋文, ショウジョウバエ自然集団における体色多型を生み出すメラニン合成系遺伝子群の cis 発現量解析, 日本遺伝学会第 86 回大会, 2014 年 9 月 18 日,

長浜.

長田直樹、ゲノム情報と進化理論の統合による進化機構の解明、日本遺伝学会奨励賞受賞講演、**日本遺伝学会第 86 回大会**、2014 年 9 月 18 日、長浜.

秋山礼良、宮城竜太郎、高橋文、キイロショウジョウバエにおける体色変異と低温、乾燥耐性、**日本遺伝学会第 86 回大会**、2014 年 9 月 19 日、長浜.

高橋文、遺伝子発現調節領域の集団内変異、**木村資生博士生誕 90 周年記念シンポジウム**、2014 年 11 月 14 日、三島.

長田直樹、木村先生の研究に関連した、私の二つの研究トピック：優性度による選択圧の違いと補完的進化、**木村資生博士生誕 90 周年記念シンポジウム**、2014 年 11 月 14 日、三島.

Naoki Osada, Challenge of population genomics in non-model organisms, **Frontiers in Genomic Research, National Chen-Kung University**, Dec. 2, 2014, Tainan, Taiwan.

Aya Takahashi, Evolution of transcription regulation of genes in an insect model organism, **14th Japanese-American Frontiers of Science Symposium**, Dec. 5, 2014, Tokyo.

Ryohei Terauchi, Magnaporthe-rice interactions as revealed by whole genome analysis, **IS-MPMI XIV International Congress**, July 8, 2014, Rhodes, Greece.

Ichizo Kobayashi, Evolution of *H. pylori*, **11th International Workshop on Pathogenesis and Host Response in Helicobacter Infections**, July 2, 2014, Helsingør, Denmark.

Ichizo Kobayashi, Epigenetics-driven evolution, **The Joint Annual Meeting of the Japanese Society for Mathematical Biology and the Society for Mathematical Biology**, July 31, 2014, Osaka.

Masaki Fukuyo, Success of an altruistic suicidal defense strategy: demonstration in bacteria-phage experimental system, **The Joint Annual Meeting of the Japanese Society for Mathematical Biology and the Society for Mathematical Biology**, July 31,

2014, Osaka.

Ichizo Kobayashi, Epigenetics-driven evolution, **第16回日本進化学会大会**, 2014年8月22日, 大阪.

Ichizo Kobayashi, Methylome dynamics in *H. pylori*, **European Helicobacter Study Group XXVIIth International Workshop on Helicobacter & Microbiota in Inflammation & Cancer**, Sep. 12, 2014, Rome, Italy.

小林一三、DNA から塩基を切り出す制限酵素、**日本遺伝学会第 86 回大会**、2014年9月17日、滋賀.

Koji Yahara, Xavier Didelot, M. Azim Ansari, Samuel K. Sheppard and Daniel Falush. Efficient inference of recombination hot regions in bacterial genomes. **日本遺伝学会第 86 回大会**, 2014年9月18日, 滋賀.

小林一三、細菌エピゲノムの進化: PacBio マシンによるピロリ菌メチローム解読から、**第 97 回日本細菌学会関東支部総会**、2014年10月31日、東京.

Ichizo Kobayashi, Base-excising restriction enzymes, **5th US-EU International Conference on Repair of Endogenous DNA Damage**, Nov. 12-15, 2014, Santa Fe, USA.

Ichizo Kobayashi, *H. pylori* evolution, **VI International Symposium of Helicobacter pylori: natural History and implications for human health**, Dec. 3, 2014, San Jose, Costa Rica.

Koji Yahara, Xavier Didelot, M. Azim Ansari, Samuel K. Sheppard and Daniel Falush. Efficient inference of recombination hot regions in bacterial genomes. **第 88 回日本細菌学会総会**, 2015年3月26-28日, 岐阜.

古田芳一、太崎敬子、米沢英雄、神谷茂、小林一三。ピロリ菌の家族内感染におけるゲノム進化。 **第 88 回日本細菌学会総会**, 2015年3月26-28日, 岐阜.

Koji Yahara, Xavier Didelot, M. Azim Ansari, Samuel K. Sheppard and Daniel Falush. Efficient inference of recombination hot regions in bacterial genomes. **第 9**

回日本ゲノム微生物学会年会, 2015年3月6-8日, 神戸.

矢野大和、Zobaidu M. Alam、林原絵美子、古田芳一、鈴木穰、菅野純夫、柴山恵吾、小林一三、特定のエピゲノム状態がピロリ菌ストレス耐性を支配する, **第9回日本ゲノム微生物学会年会**, 2015年3月6-8日, 神戸.

古田芳一、今野武津子、太崎敬子、米澤英雄、石毛太郎、今井美咲、志波優、柴田 (八田) 真理、兼崎友、吉川博文、裨谷茂、小林一三、ゲノムのマイクロ進化:ピロリ菌家族内感染の場合, **第9回日本ゲノム微生物学会年会**, 2015年3月6-8日, 神戸.

シンシアザマン、太崎敬子、今野武津子、米澤英雄、裨谷茂、家族由来 *Helicobacter pylori* 菌株の動物感染性の比較, **第20回日本ヘリコバクター学会**, 2014年6月28-29日、東京.

Hideo Yonezawa, Takako Osaki, Shigeru Kamiya, Susceptibility of amoxicillin and metronidazole to *Helicobacter pylori* biofilm, **European Helicobacter Study Group XXVIIth International Workshop**, Sept. 11-13, 2014, Rome, Italy.

Shigeru Kamiya, Cynthia Zaman, Hideo Yonezawa, Fuhito Hojo, Takako Osaki, Microbial-ecological study on colonization of human *H. pylori* isolates from father, mother and 3 children of a family in gastric mucosa of Mongolian gerbil, **European Helicobacter Study Group XXVIIth International Workshop**, Sept. 11-13, 2014, Rome, Italy.

Fuhito Hojo, Takako Osaki, Hideo Yonezawa, Satoshi Kurata, Tomoko Hanawa, Hiroyuki Yamaguchi, Shigeru Kamiya, Survival strategy of *Helicobacter pylori* in environments by co-existence in *Acanthamoeba castellanii*, **European Helicobacter Study Group XXVIIth International Workshop**, Sept. 11-13, 2014, Rome, Italy.

Takako Osaki, Cynthia Zaman, Fuhito Hojo, Hideo Yonezawa, Satoshi Kurata, Tomoko Hanawa, Shigeru Kamiya, Comparative study on infectivity and adhesion among *Helicobacter pylori* strains isolated from family members, **The XVIII International Symposium on Gnotobiology**, Sep. 22-25, 2014, St-Petersburg, Russia.

米澤英雄、裨谷茂、*Helicobacter pylori* のバイオフィルム形成と抗菌薬抵抗性、**第17回臨床床腸内微生物学会シンポジウム「Helicobacter pylori 感染胃炎総除菌時代に向けて」**、

2014年10月4日, 東京.

Cynthia Zaman, 太崎敬子, 神谷茂, 「家族由来 *Helicobacter pylori* 菌株の遺伝子型別とスナネズミ感染性の比較」, **第17回臨床腸内微生物学会**, 東京, 2014年10月4日. (一般演題 oral).

小野竜一, 伊川正人, 北澤萌恵, 金児-石野知子, 石野史敏, 哺乳類特異的遺伝子 Peg10 の機能解析, **第8回日本エピジェネティクス研究会年会**, 2014年5月25日, 東京.

小野竜一, レトロトランスポゾン獲得による哺乳類の胎生進化, **第17回 SUMMER RETROVIRUS CONFERENCE**, 2014年7月3日, 熱海.(招待講演)

小野竜一, レトロトランスポゾン由来の遺伝子による哺乳類の胎生機構獲得, **第86回日本遺伝学会ワークショップ**, 2014年9月17日, 長浜.

北澤萌恵, 小野竜一, 田村勝, 金児-石野知子, 石野史敏, 真獣類特異的遺伝子 Peg11 の胎盤と胎仔における役割, **第86回日本遺伝学会**, 2014年9月17日, 長浜.

入江将仁, 幸田尚, 小野竜一, 古瀬民生, 若菜茂晴, 吉川正信, 石野史敏, 金児-石野知子, LTR レトロトランスポゾンに由来する真獣類特異的遺伝子 Sirh11 の機能解析, **第37回日本分子生物学会年会**, 2014年11月25日, 横浜.

北澤萌恵, 小野竜一, 田村勝, 金児-石野知子, 石野史敏, 真獣類特異的遺伝子 Peg11 の胎盤と胎仔における影響, **第37回日本分子生物学会年会**, 2014年11月26日, 横浜.

小野竜一, 北澤萌恵, 伊川正人, 金児-石野知子, 石野史敏, 哺乳類特異的遺伝子 Peg10 の機能ドメイン解析, **第37回日本分子生物学会年会**, 2014年11月26日, 横浜.

石野史敏, 成瀬美衣, 小野竜一, 入江将仁, 中村健司, 横山峯介, 若菜茂晴, 金児-石野知子, Sirh7 KO マウスにみられる胎盤プロゲステロン産生の増加と出産遅延, **第37回日本分子生物学会年会**, 2014年11月26日, 横浜.

Uchida N, Regulation of plant growth and morphogenesis by receptor signaling, **The 2nd International Symposium on Transformative Bio-Molecules**, 2014年5月12日, 名古屋.

Uchida, N., Kato, H., Hisamatsu, R., Ziadi, A., Hagihara, S., Sato, A., Itami, K., and Torii, K., Screening for small compounds that affect stomatal population and distribution, **1st CSRS-ITbM Joint Workshop**, 2015 年 1 月 7 日, 名古屋.

Uchida, N., Kimura, Y., Torii, KU., Tasaka, M. Regulation of plant stem cell homeostasis via coordination among multiple signaling pathways, **The 38th Naito Conference on Molecule-based biological systems**, 2014 年 10 月 7 日, 札幌.

木村友香, 池松朱夏, 松原健太, 爲重才覚, 平川有宇樹, 田坂昌生, 鳥居啓子, 打田直行, ERECTA 受容体ファミリーがコーディネートする発生・成長シグナリング, **日本植物学会第 78 回大会**, 2014 年 9 月 12 日, 川崎.

森明子, 小川与比古, 猪狩和成, 森田(寺尾)美代, 田坂昌生, 打田直行, Analysis of de novo SNP spectrum in uni-1D mutant, **日本植物生理学会年会第 56 回大会**, 2015 年 3 月 16 日, 東京.

池松朱夏, 田坂昌生, 鳥居啓子, 打田直行, ERECTA-family receptor kinases regulate secondary growth in hypocotyls of Arabidopsis thaliana, **日本植物生理学会年会第 56 回大会**, 2015 年 3 月 16 日, 東京.

木村友香, 鳥居啓子, 田坂昌生, 打田直行, ERECTA-family receptors alter WUSCHEL-dependency and cytokinin responsiveness in stem cell maintenance, **日本植物生理学会年会第 56 回大会**, 2015 年 3 月 16 日, 東京.

平川有宇樹, 田畑亮, 河内孝之, 打田直行, 澤進一郎, John Bowman, Analysis of CLE peptide genes in Marchantia, **日本植物生理学会年会第 56 回大会**, 2015 年 3 月 16 日, 東京.

Toshiaki Tameshige, Keiko Torii, Naoyuki Uchida, A ligand–receptor pair that regulates leaf shape, **1st CSRS-ITbM Joint Workshop**, 2015 年 1 月 7 日, 名古屋.

Yuki Hirakawa, Ryo Tabata, Kimitsune Ishizaki, Takayuki Kohchi, Naoyuki Uchida, John Bowman, and Shinichiro Sawa, Role of CLE peptide signaling in Marchantia development, **archantia Workshop 2014**, 2014 年 12 月 9 日, 神戸.

爲重才覚, 岡本智史, Lee Jin Suk, 相田光宏, 田坂昌生, Torii Keiko, 打田直行,

ERECTA ファミリー受容体とペプチドリガンドによるオーキシン応答パターンの制御, **日本植物学会大 78 回大会**, 2014 年 9 月 12 日, 川崎.

平川有宇樹, Bowman John, 打田直行, 陸上植物における CLE 遺伝子の機能解析, **日本植物学会大 78 回大会**, 2014 年 9 月 12 日, 川崎.

Kanaoka, M.M., Dynamics of stomatal behaviors and transcriptome in relation to environmental changes in Cardamine allotetraploid species, **Kyoto–Zurich Plant Workshop “Analyzing Plants in Complex Environments”**, Dec. 22, 2014, Kyoto.

Kanaoka, M.M., Kuzuya, M., Higashiyama, T., Toward the understanding of pollen tube guidance and its species-specificity in *Torenia*, **第 55 回日本植物生理学会年会**, 2014 年 3 月 18 日, 富山.

Kanaoka, M.M., Identification of a novel pollen tube attractant in *Torenia fournieri*, **International ERATO Higashiyama Live-Holonics Symposium 2014**, 2014 年 9 月 9 日, 名古屋.

Kanaoka, M.M., Sporophytic and gametophytic control of pollen tube guidance by secreted molecules, **38th Naito Conference**, Oct. 8, 2014, 札幌.(ポスター発表賞受賞)

Kanaoka, M.M., Horade, M., Kuzuya, M., Higashiyama, T., Kaji, N., Pollen Tube-in-a-Chip: A microfluidic device for quantitative analysis of pollen tube guidance, **23rd International Conference on Sexual Plant Reproduction**, July 14, 2014, Porto, Portugal.

Shimizu, K.K., Non-stochastic homeolog-specific gene regulation and the evolution of self-compatibility in the allopolyploid *Arabidopsis kamchatica*, **Society for Molecular Biology and Evolution**, June 10, 2014, Puerto Rico.

Shimizu, K.K., Male-driven evolution of self-compatibility in diploid and polyploid *Arabidopsis* **Evolution 2014**, June 22, 2014, Raleigh, USA.

Shimizu, K.K., Network merging analysis of duplicate genome function in recently hybridized species in Switzerland, **14th HFSP Awardees Meeting**, July 8, 2014, Lugano, Switzerland.

Shimizu, K.K., Evolutionary and genetic basis of reduced pollen number in the predominantly selfing species *Arabidopsis thaliana*, **23rd International Conference on Sexual Plant Reproduction**, July 16, 2014, Porto, Portugal.

Shimizu, K.K., Breeding systems of diploid and polyploidy *Arabidopsis* relatives, **5th NIBB-MPIPZ-TLL Symposium**, Horizons in Plant Biology, Nov. 24, 2014, Cologne, Germany.

Shimizu, K.K., Ecological genomics of the polyploid *Arabidopsis kamchatica* and tropical trees, **Kyoto–Zurich Plant Workshop “Analyzing Plants in Complex Environments”**, Dec. 22, 2014, Kyoto.

清水健太郎、自然変動環境下での時系列遺伝子発現データ、ゲノム多型と一斉開花、**統計数理研究所共同利用研究集会「生物に見られる時空間パターンと統計数理：同調・認知・行動」**、2015年1月6日、立川。

辻寛之、エピゲノム解析から探るフロリゲンの新機能、**イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ 2014**、2014年7月11日、東京。

辻寛之、才原徳子、東陽子、三浦史仁、倉田哲也、伊藤隆司、島本功、DNA メチローム解析から探る gene body methylation の意義、**日本育種学会第 126 回講演会**、2014年9月27日、都城。

Hiroyuki Tsuji, The flowering hormone florigen: its structure, receptor complex, and beyond, **38th Naito Conference**, Oct. 9, 2014, Sapporo.

Hiroyuki Tsuji, Coordination of flowering and gene expression by rice Hd3a florigen, **12th International Rice Functional Genomics Symposium**, Nov. 18, 2014, Tucson, USA.

中島達郎、保木裕子、佐々木裕之、佐渡敬、部分的機能欠損 Xist アレルによる X 染色体不活性化の異常、**第 8 回日本エピジェネティクス研究会年会**、2014年5月25-27日、東京。

酒田祐佳、保木裕子、佐々木裕之、佐渡敬、変異 Xist RNA がもたらす X 染色体クロマチンドメインの変化、**第 8 回日本エピジェネティクス研究会年会**、2014年5月25-27日、東京。

千木雄太, 佐々木裕之, 佐渡敬, 「Xist RNA の輸送制御機構解明へ向けた系の確立」, 第 8 回日本エピジェネティクス研究会年会, 2014 年 5 月 25-27 日, 東京.

小布施力史, 長尾恒治, 野澤竜介, 磯部真也, 佐渡敬, 木村宏, ヒトおよびマウスにおける不活性 X 染色体凝縮機構, 第 8 回日本エピジェネティクス研究会年会, 2014 年 5 月 25-27 日, 東京.

榊原祐樹, 佐々木裕之, Marnie Blewitt, 佐渡敬, SmcHD1 機能欠損マウス胚における X 染色体不活性化, 第 8 回日本エピジェネティクス研究会年会, 2014 年 5 月 25-27 日, 東京.

大石裕晃, 鶴木元香, 福田溪, 前之原章司, 伊川正人, 佐渡敬, 佐々木裕之, マウス ES 細胞において Zfp57 が単アレル性遺伝子発現制御に果たす役割の解析, 第 8 回日本エピジェネティクス研究会年会, 2014 年 5 月 25-27 日, 東京.

千木雄太, 佐々木裕之, 佐渡敬, Xist RNA の核内係留に寄与する領域の探索, 日本遺伝学会第 85 回大会, 2014 年 9 月 17-19 日, 滋賀.

中島達郎, 保木裕子, 佐々木裕之, 佐渡敬, 部分的機能欠損 Xist アレルによる X 染色体不活性化の異常, 日本遺伝学会第 85 回大会, 2014 年 9 月 17-19 日, 滋賀.

榊原祐樹, 佐々木裕之, Marnie Blewitt, 佐渡敬, SmcHD1 機能欠損マウス胚における X 染色体不活性化, 日本遺伝学会第 85 回大会, 2014 年 9 月 17-19 日, 滋賀.

大石裕晃, 鶴木元香, 福田溪, 佐渡敬, 佐々木裕之, ZFP57 による単アレル性遺伝子発現の制御機構, 日本遺伝学会第 85 回大会, 2014 年 9 月 17-19 日, 滋賀.

酒田祐佳, 保木裕子, 佐々木裕之, 佐渡敬, 変異 Xist RNA がつくるヘテロクロマチン様構造の詳細, ワークショップ「マウス遺伝学が牽引する最先端生命科学」, 日本遺伝学会第 85 回大会, 2014 年 9 月 19 日, 滋賀.

佐渡敬, ほ乳類 X 染色体のヘテロクロマチン化機構の理解へ向けて, 第 1 回北陸エピジェネティクス研究会, 2014 年 11 月 18 日, 石川.

長尾恒治, 柴田幸子, 野澤竜介, 木村宏, 佐渡敬, 小布施力史, アリル特異的 ChIP-seq 法によるマウス不活性 X 染色体のクロマチン動態の解明, 第 37 回日本分子生物学会年会,

2014年11月25-27日, 横浜.

大石裕晃, 鶴木元香, 福田溪, 佐渡敬, 佐々木裕之, ZFP57 による単アレル性遺伝子発現の制御機構, 第37回日本分子生物学会年会, 2014年11月25-27日, 横浜.

矢野健太郎, 有用植物遺伝資源の高度利用化に向けたシステムズ・バイオロジーの確立, 京都産業大学・総合生命科学部バイオフィォーラム 2014, 2014年12月11日, 京都.

矢野健太郎, システムズ・バイオロジー研究に向けた大規模オミックス情報解析と Web データベース, 日本遺伝学会・第86回大会シンポジウム, 2014年9月17-19日, 長浜.

矢野健太郎, Linux マシン使用法, 日本育種学会・第126回講演会ワークショップ「遺伝研スパコンとコマンドラインでの NGS データ使い倒し講座」, 2012年9月26-27日, 宮崎.

矢野健太郎, 大柳一, 小林正明, 相同性解析と高速シーケンサー配列解析の実行方法, 日本植物細胞分子生物学会・第32回大会シンポジウム「バイオインフォマティクス講習会 II (2014)」, 2014年8月22日, 盛岡.

S. Ozaki, M. Kobayashi, M. Kanno, K. Morimoto, M. Takazawa, K. Aoki, H. Ohyanagi, K. Yano, TOMATOMICS: An Integrated Database for Omics Information in Tomato. **Plant and Animal Genome XXIII**, Jan. 10-13, 2015, San Diego, USA.

Yohei Sasaki, Masato Otani, Naoki Yamamoto, Tomoyuki Takano, Shin terashima, Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, Eiji Nambara, Kentaro Yano, A comprehensive method and tool for identifying conserved cis-element motifs on the basis of large-scale gene expression and sequence data. **Plant and Animal Genome XXIII**, Jan. 10-13, 2015, San Diego, USA.

Kentaro Yano, Tomoyuki Takano, Shin Terashima, Yukino Nakamura, A GUI Application "CA Plot Viewer" for Large-Scale Gene Expression Analysis with Next-Generation Sequencing Technology, **Plant and Animal Genome XXIII**, Jan. 10-13, 2015, San Diego, USA.

S. Ozaki, M. Takazawa, M. Kanno, K. Morimoto, S. Asano, M. Kobayashi, H. Ohyanagi, K. Aoki, K. Yano, TOMATOMICS: An integrated database for

comprehensive omics information in tomato. **第 56 回日本植物生理学会年会**, 2015 年 3 月 16-18 日, 東京.

佐々木陽平、山本直樹、大柳一、小林正明、高野知之、寺島伸、南原英司、大谷征史、矢野健太郎、A sensitive and accurate method and tool for rapid and comprehensive identification of conserved cis-element motifs on the basis of large-scale gene expression and sequence data、**第 56 回日本植物生理学会年会**、2015 年 3 月 16-18 日、東京.

佐々木陽平、大谷征史、山本直樹、高野知之、寺島伸、小林正明、大柳一、南原英司、矢野健太郎、シス配列予測ツール COMET の開発: 大規模な塩基配列情報と遺伝子発現情報に基づく高精度探索手法、**日本育種学会第 127 回講演会**、2015 年 3 月 20-22 日、東京.

尾崎崇一、高沢舞、菅野真麻、森本恭子、浅野さとみ、齋藤美沙、小林正明、大柳一、青木考、矢野健太郎、トマトの統合オミックス・データベース TOMATOMICS、**日本育種学会第 127 回講演会**、2015 年 3 月 21-22 日、東京.

佐々木陽平、山本直樹、大柳一、小林正明、高野知之、寺島伸、南原英司、大谷征史、矢野健太郎、大規模な塩基配列情報を用いたシス配列の網羅的な予測システム・ツールの開発、**第 11 回日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会**、2014 年 10 月 25-26 日、名古屋.

尾崎崇一、小林正明、菅野真麻、森本恭子、高沢舞、青木考、大柳一、矢野健太郎、トマトの統合オミックス・データベース TOMATOMICS の構築、**第 11 回日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会**、2014 年 10 月 25-26 日、名古屋.

佐々木陽平、山本直樹、大柳一、小林正明、高野知之、寺島伸、南原英司、大谷征史、矢野健太郎、大規模な塩基配列情報を用いたシス因子の網羅的な予測システムの開発、**日本育種学会第 126 回講演会**、2014 年 9 月 26-27 日、宮崎.

佐々木陽平、山本直樹、大柳一、小林正明、高野知之、寺島伸、南原英司、大谷征史、矢野健太郎、大規模な塩基配列情報に基づくシス因子の網羅的な予測システムの構築、**第 32 回日本植物細胞分子生物学会大会**、2014 年 8 月 21-22 日、盛岡.

Hajime Ohyanagi、Masaaki Kobayashi、Tomoyuki Takano、Shin Terashima、Hayato Matsumura、Hiromi Toyoshima、Kyoko Morimoto、Maasa Kanno、Yohei Sasaki、Koji Yokoyama、Kentaro Yano、Plant Omics Data Center: Updates on the

Versatile Web Repository for Interspecies Gene Expression Networks, **PAG ASIA 2014**, 2014 年 5 月、Singapore.

玉田洋介、基部陸上植物におけるヒストン H3.3 バリエントと HIRA の機能、**第 2 回ヒストンバリエント研究会**、横浜、2015 年 2 月 28 日、横浜.

Yosuke Tamada, Tetsuya Kurata, Masayuki Hattori, Yutaka Hayano, Yasuhiro Kamei, Yuji Hiwatashi, Yukiko Kabeya, Tomoaki Nishiyama, Takashi Murata, Mitsuyasu Hasebe. Epigenetic reprogramming of the stem-cell formation in the moss *Physcomitrella patens*, **Plant reprogramming workshop**, Nov. 28, 2014, Yokohama.

Yosuke Tamada, Tetsuya Kurata, Masayuki Hattori, Yutaka Hayano, Yasuhiro Kamei, Yuji Hiwatashi, Yukiko Kabeya, Tomoaki Nishiyama, Takashi Murata, Mitsuyasu Hasebe. Epigenome analysis of the stem-cell formation in the moss *Physcomitrella patens*, **Symposium “Stem cell production and organ regeneration as an adaptive reprogramming strategy” at the 37th annual meeting of the Molecular Biology Society of Japan**, Nov. 27, 2014, Yokohama.

Yosuke Tamada, Epigenomic analysis of the stem-cell formation in land plants, **Seminar at Huazhong Agricultural University**, Sep. 30, 2014, Wuhan, China.

玉田洋介、石川貴章、長谷部光泰、陸上植物の世代交代を制御するバイバレントクロマチン状態、**第 26 回高遠・分子細胞生物学シンポジウム**、2014 年 8 月 28-29 日、高遠.

池田一穂、寺原陽子、岡田康志、改良型 TALEN による高効率ゲノム編集技術、**第 66 回日本細胞生物学会大会**、2014 年 6 月 11 日、奈良.

隅山健太、哺乳類分子進化研究におけるゲノム編集技術の有用性と残された問題点、**遺伝研研究集会「ゲノム編集時代の分子進化」**、2014 年 6 月 28 日、三島.

Ikeda, K., Y. Terahara, Y. Okada., Improvement of TALE DNA binding domain for the next generation bioimaging, **The 37th Naito Conference**, 2014 年 7 月 17 日、ニセコ.

池田一穂、寺原陽子、隅山健太、宮下尚之、岡田康志、TALE 蛋白 DNA 結合ドメインの改変

による高活性 TALEN, 第 4 回ゲノム編集研究会, 2014 年 10 月 6 日、広島.

隅山健太, 集団遺伝研究部門とゲノム編集の時代, 木村資生先生生誕90年祝賀シンポジウム, 2014 年 11 月 13 日, 三島.

Ikeda, K., Y. Terahara, K. Sumiyama, N. Miyashita, Y. Sugita, Y. Okada, Super-active TALEN with improved stability at 37 degree Celsius enables highly efficient and homogeneous gene knockout in mammalian embryos, **the 2014 ASCB/IFCB meeting**, 2014 年 12 月 8 日, Philadelphia, USA.

岡彩子, 遺伝子制御の進化的分化と生殖隔離, 第 28 回モロシヌス研究会, 2014 年 6 月 27 日、静岡.

岡彩子, 城石俊彦, 遺伝子発現におけるシス調節領域の進化と生殖隔離, 日本遺伝学会第 86 回大会, 2014 年 9 月 19 日、滋賀.

黒岩麻里, Y 染色体をもたないトゲネズミの性決定メカニズム, 日本実験動物科学技術さっぽろ 2014 シンポジウム「生殖・発生領域におけるダイナミズム」, 2014 年 5 月 15 日、札幌.

大竹智史, 木村竜太郎, 黒岩麻里, *SRY* をもたないアマミトゲネズミにおける *AMH* 発現制御の保存性, 日本動物学会北海道支部会第 59 回大会, 2014 年 8 月 23 日、函館.

黒岩麻里, 新しい性染色体の獲得と進化, 日本遺伝学会第 86 回大会, 2014 年 9 月 17 日、長浜.

黒岩麻里, *SRY* 遺伝子をもたない哺乳類の性決定メカニズム, 第 37 回日本分子生物学会年会ワークショップ「脊椎動物の性分化分子機構」, 2014 年 11 月 27 日、横浜.

Ryuichiro Futagoishi, Akiko Yoshinaga, Kyoko Miwa, Toru Fujiwara, Analysis of an *Arabidopsis thaliana* mutant which preferentially produces heterozygotes, 日本植物生理学会 2015 年年会, 2015 年 3 月 16 日、東京.

伊藤純一, イネの発生における凹凸形成の生物学的意義, 日本植物学会第 78 回大会シンポジウム, 2014 年 9 月 13 日、東京.

小林久美子, 桧原健一郎, 伊藤純一, 長戸康郎, 頂端分裂組織の形態に異常を生じるイネ突然変異体 camel の表現型解析と遺伝子同定, 日本育種学会第 126 回大会, 2014 年 9

月 27 日、宮崎.

DECHKRONG Punyavee, 伊藤純一, Molecular dissection of rice leaf development in wild type and various morphogenetic mutants、日本育種学会第 126 回大会、2014 年 9 月 27 日、宮崎.

水野泉, 三村真生, 伊藤純一, 桧原健一郎、葉や胚のサイズを制御する CYP78 の基質同定を目指して、日本育種学会第 126 回大会、2014 年 9 月 27 日、宮崎.

島野里美, 桧原健一郎, 伊藤純一、地上部に多面的な異常を示すイネ mkb3 変異体の解析、日本育種学会第 126 回大会、2014 年 9 月 27 日、宮崎.

Teruyuki Niimi, Wing color pattern formation in ladybird beetles, **The Joint Annual Meeting of the Japanese Society for Mathematical Biology and the Society for Mathematical Biology**, July 30, 2014, Osaka.

新美輝幸、非モデル昆虫の遺伝子機能解析、日本アブラムシ研究会第 4 回研究集会、2014 年 8 月 9 日、岡崎。(基調講演)

平田隼也、森仁志、大場裕一、柳沼利信、新美輝幸、カメノコテントウの休眠覚醒に伴って変化するタンパク質の同定、日本蚕糸学会中部支部第 70 回・東海支部第 66 回大会、2014 年 10 月 25 日、岡谷.

Minako Ueda, Yusuke Kimata, Ayato Sato, Tetsuya Higashiyama, Molecular Regulation of Plant Axis Formation, **The 2nd International Symposium on Transformative Bio-Molecules 2014**, May. 12, 2014, Nagoya.

Minako Ueda, Yusuke Kimata, Tetsuya Higashiyama, Molecular dynamics of plant axis formation, **International ERATO Higashiyama Live-Holonics Symposium 2014**, Sep. 9-10, 2014, Nagoya.

木全祐資、佐藤綾人、東山哲也、植田美那子、シロイヌナズナの胚発生制御因子の同定に向けた化合物スクリーニング、第 26 回日本植物形態学会、2014 年 9 月 11 日、神奈川.

植田美那子、木全祐資、東山哲也、シロイヌナズナの受精卵極性とパターン形成の制御機構、第 78 回日本植物学会、2014 年 9 月 12-14 日、神奈川.

植田美那子、木全祐資、栗原大輔、東山哲也、シロイヌナズナ受精卵における細胞極性化過程のライブイメージング、**第3回エンドメンブレンミーティング**、2014年9月29-30日、名古屋.

Minako Ueda, Tetsuya Higashiyama, Transcriptional network underlying the apical-basal axis formation in plant embryos, **The 38th Naito Conference**, Oct. 7-10, 2014, Sapporo.

Minako Ueda, Yusuke Kimata, Daisuke Kurihara, Tetsuya Higashiyama, Molecular dynamics of plant axis formation, **The 1st CSRS-ITbM Joint Workshop**, Jan. 7, 2015, Nagoya.

植田美那子、木全祐資、栗原大輔、東山哲也、Molecular mechanism of zygote polarization and embryo patterning in *Arabidopsis*、**第56回日本植物生理学会年会**、2015年3月16-18日、東京.

佐藤豊、外来遺伝子防御システムを利用した導入遺伝子高発現組み換えイネの作成、**第126回日本育種学会講演会**、2014年9月27日、宮崎.

Yutaka Sato, Conservations and diversities of embryo morphology and patterning in plants, **5th NIBB-MPIPZ-TLL Symposium "Horizons in Plant Biology"**, Nov. 24-26, 2014, Cologne, Germany.

Yukinosuke Ohnishi, Mafumi Abiko, Takashi Okamoto, Relationship between karyogamy progression and onset of de novo gene expression in rice zygotes produced by in vitro, **23rd International Congress on Sexual Plant Reproduction**, July 15, 2014, Port, Portugal.

Erika Toda, Yukinosuke Ohnishi, Takashi Okamoto, Dynamics of male and female chromatin during karyogamy in rice zygotes, **23rd International Congress on Sexual Plant Reproduction**, July 15, 2014, Port, Portugal.

大西由之佑、岡本龍史、イネ受精卵における核合一の動態:アクチン繊維依存的な核の移動、**第37回日本分子生物学会年会**、2014年11月26日、横浜.

大西由之佑、安彦真文、岡本龍史、イネ受精卵中の核合一過程の動態と受精誘導性遺伝子

の新規発現, 日本植物学会第 78 回大会, 2014 年 9 月 12 日、川崎.

戸田絵梨香、大西由之佑、岡本龍史、Development of polyspermic rice zygote produced by in vitro、第 56 回日本植物生理学会年会、2015 年 3 月 16-18 日、東京.

金鍾明、エピジェネ情報使い倒し講座 - Breeding Informatics 研究 XIII 「エピジェネ - 転写 - 代謝解析から見えてきた植物の新規乾燥耐性機構」、日本育種学会第 127 回講演会、2015 年 3 月 20-22 日、東京.

Kim J.M., To T.K. and Seki M., Epigenetic dynamics in plant drought stress response, 第 56 回日本植物生理学会シンポジウム, 2015 年 3 月 16-18 日, 東京.

石川 麻乃、北野 潤 「イトヨ淡水進出の鍵形質としての脂肪酸合成能」 第 16 回日本進化学会大会、2014 年 8 月 21-24 日、大阪

伊藤史博、北野 潤 「Neural and genetic mechanisms underlying divergence in courtship behaviors between threespine stickleback species」日本比較生理学会第 36 回／第 11 回国際神経行動学会議、2014 年 7 月 28 日-8 月 2 日、札幌

北野 潤 「性染色体進化がトゲウオ適応放散に果たす役割」日本分子生物学会大会、2014 年 11 月 26 日、横浜

Kohatsu, S. and Yamamoto D. Dynamic central neuron activities that underlie courtship pursuit in *Drosophila* male. 56th Annual Drosophila Research Conference. Chicago, IL, USA. 2015.3.4-8.

山元大輔。フェロモンと性行動-ハエとヒトは同じか。第15回アロマ・サイエンス・フォーラム2014。アルカディア市ヶ谷，東京。2014.12.12。（招待）

Koganezawa, M., and Yamamoto, D. Pheromone sensitive interneurons switching courtship and aggression in *Drosophila*. The 2nd Taiwan-Tohoku University Neuroscience Workshop for Young Scientists: The Brain in Function and Malfunction: a Neurogenetic Approach. The Miyagi-Zao Royal Hotel and Tohoku University, Miyagi, Japan. 2014.12.7-11.

Sato, K., Toba, G., Ito, H., Koganezawa, M., Binglong, Z., and Yamamoto, D. Sex-specific functions of *longitudinals lacking*. The 2nd Taiwan-Tohoku University Neuroscience Workshop for Young Scientists: The Brain in Function and Malfunction: a Neurogenetic Approach. The Miyagi-Zao Royal Hotel and Tohoku University, Miyagi, Japan. 2014.12.7-11.

Kohatsu, S., and Yamamoto, D. Visualizing central neuron activities that mediate male courtship behavior in *Drosophila*. The 2nd Taiwan-Tohoku University Neuroscience Workshop for Young Scientists: The Brain in Function and Malfunction: a Neurogenetic Approach. The Miyagi-Zao Royal Hotel and Tohoku University, Miyagi, Japan. 2014.12.7-11.

柳澤比呂子, 西藤泰昌, 河上江美子, 遠藤堅太郎, 山元大輔, 小松雅明. (2014) L-leucine添加によりオートファジー不全が改善するメカニズムとは? 第37回日本分子生物学会年会. パシフィコ横浜, 神奈川. 2014.11.25-27.

Miwa, Y., Koganezawa, M., Emoto, K., and Yamamoto, D. (2014) Searching for neurons that regulate female sexual receptivity in *Drosophila*. The 37th Annual Meeting of the Molecular Biology society of Japan. Yokohama, Kanagawa. 2014.11.25-27.

Yamamoto, D. Central regulation of male courtship behavior in *Drosophila melanogaster*. Neural Circuits Controlling Sexual Behavior Symposium. Janelia Farm Research Campus, Ashburn, GA, USA. 2014.11.9-12. (invited)

佐藤耕世, 鳥羽岳太, 伊藤弘樹, 小金澤雅之, 山元大輔. ショウジョウバエ脳神経系の雄化因子*Fruitless*がもつ転写調節以外の機能. 第6回新学術領域研究「性差構築の分子基盤」領域会議. 舘山寺サゴロイヤルホテル, 浜松市, 静岡県. 2014.10.9-11.

Yamamoto, D. Molecular neuroethology of *Drosophila* courtship: from the gene to behavior. Seminar at Ludwig Maximilian University, Munich, Germany. 2014.9.19-30. (invited)

Hamada-Kawaguchi, N., Nore, F. B., Smith, C. I. E., and Yamamoto, D. Btkはニッチで生殖細胞の増殖を停止させる. 日本動物学会 第85回. 東北大学川内北キャンパス, 仙台, 宮城. 2014. 9. 11-13.

佐藤千晶, 山元大輔, 木村賢一. 生殖行動の誘発に関連する*pale*発現ニューロンの同定. 日本動物学会 第85回. 東北大学川内北キャンパス, 仙台, 宮城. 2014. 9. 11-13.

佐藤耕世, 鳥羽岳太, 伊藤弘樹, 小金澤雅之, 山元大輔. ショウジョウバエ脳神経系の雄化因子*Fruitless* がもつ転写調節以外の機能. 日本動物学会 第85回. 東北大学川内北キャンパス, 仙台, 宮城. 2014. 9. 11-13.

石川由希, 上川内あづさ, 山元大輔. 異性に対する「好み」の進化をもたらす神経基盤の解明. 日本進化学会第16回大阪大会, 高槻現代劇場, 大阪. 2014. 8. 21-24.

小金澤雅之, 山元大輔. ショウジョウバエの求愛/攻撃の切り替えに関わる*fruitless*発現神経回路. 平成26年度日本動物学会東北支部大会. 岩手大学復興祈念銀河ホール, 岩手. 2014. 7. 12-13.

Hamada-Kawaguchi, N., Nore, F. B., Smith, C. I. E., and Yamamoto, D. Btk29A phosphorylates β -catenin to gate Wnt4 signaling in the niche and switches off germ cell proliferation. 11th Japanese *Drosophila* Research Conference. Kanazawa, Ishikawa. 2014.6.4-6.

Tanaka, R. Toba, G., and Yamamoto, D. Attempting targeted mutagenesis of *Drosophila subobscura* by the CRISPR/Cas9 system. 11th Japanese *Drosophila* Research Conference. Kanazawa, Ishikawa. 2014.6.4-6.

山元大輔. ショウジョウバエの性行動の遺伝解析. 第22回生命科学セミナー. 兵庫県立大学, 神戸市, 兵庫. 2014.4.28 (招待)

Koganezawa, M., and Yamamoto D. Pheromone sensitive interneurons switching courtship and aggression in *Drosophila*. The 2nd Taiwan-Tohoku University Neuroscience Workshop for Young Scientists: The Brain in Function and Malfunction:a Neurogenetic Approach. The Miyagi-Zao Royal Hotel and Tohoku University, Miyagi, Japan. 2014.12.7-11.

Ito, H., Sato, K., Kondo, S., and Yamamoto, D. (2014) A genetic screen for Fru-target genes required for sexually-dimorphic projection patterning in *Drosophila* neurons? The 2nd Taiwan-Tohoku University Neuroscience Workshop for Young Scientists, The Miyagi-Zao Royal Hotel and Tohoku University, Miyagi. 2014.12.7-11.

Kohatsu, S. and Yamamoto, D. Visualizing central neuron activities that mediate male courtship behavior in *Drosophila*. The 2nd Taiwan-Tohoku University Neuroscience Workshop for Young Scientists, The Miyagi-Zao Royal Hotel and Tohoku University, Miyagi. 2014.12.7-11.

Hara, Y., Koganezawa, M., and Yamamoto, D. Functional characterization of the calcium channel in *Drosophila* embryonic muscles. The 2nd Taiwan-Tohoku University Neuroscience Workshop for Young Scientists, The Miyagi-Zao Royal Hotel and Tohoku University, Miyagi. 2014.12.7-11.

Tanaka, R., Ote, M., and Yamamoto, D. Targeted mutagenesis of the *fruitless* gene in *Drosophila subobscura* by the CRISPR/Cas9 system. The 2nd Taiwan-Tohoku University Neuroscience Workshop for Young Scientists, The Miyagi-Zao Royal Hotel and Tohoku University, Miyagi. 2014.12.7-11.

Kato, T., Sato, K., and Yamamoto, D. A possible involvement of non-cell-autonomous mechanism in shaping sexually dimorphic neuronal structures. The 2nd Taiwan-Tohoku University Neuroscience Workshop for Young Scientists, The Miyagi-Zao Royal Hotel and Tohoku University, Miyagi. 2014.12.7-11.

Higuchi, T., Kohatsu, S., and Yamamoto, D. Courtship on the treadmill: a case of *Drosophila subobscura* male. The 2nd Taiwan-Tohoku University Neuroscience Workshop for Young Scientists, The Miyagi-Zao Royal Hotel and Tohoku University, Miyagi. 2014.12.7-11.

田中良弥, 大手 学, 山元 大輔. *Drosophila subobscura*におけるCRISPR/Cas9システムを用いたゲノム編集. ～種特異的な求愛行動を生み出す神経基盤の探索に向けて～. 第7回Evo-devo青年の会. 国立遺伝学研究所, 三島市, 静岡県. 2014.10.11-12.

Kimura, K., Sato, C., Koganezawa, M., and Yamamoto D. *doublesex*-expressing neurons controlling female reproductive behavior in *Drosophila*. 11th International Congress of Neuroethology (ICN). Sapporo, Japan. 2014.7.28-8.1.

Koganezawa, M., and Yamamoto, D. Neural circuitry switching between courtship and aggression in *Drosophila*. 11th International Congress of Neuroethology (ICN). Sapporo, Japan 2014.7.28-8.1.

Kohatsu, S. and Yamamoto D. Neural correlates of male courtship following revealed by in vivo functional imaging in *Drosophila*. 11th International Congress of Neuroethology (ICN). Sapporo, Japan 2014.7.28-8.1.

平成 27 年度

Takayama, S. Self/non-self discrimination in plant self-incompatibility. **Chulalongkorn University-NAIST Joint Symposium on Biological Sciences**, Mar. 26, 2015, Nara.

Yasuda, S, Wada, Y, Kakizaki, T., Miura, E., Tarutani, Y., Suzuki, G., Watanabe, M., Takayama, S. Allelic variants of small RNA control dominance hierarchy among self-incompatibility alleles in *Brassica rapa*. **International Symposium of Correlative Gene System "Establishing Next-Generation Genes"**, May 28, 2015, Nara. (主催)

Kubo, K., Paape, T., Hatakeyama, M., Entani, T., Shimizu-Inatsugi, R., Shimizu, KK., Takayama, S. Diversification and evolution of self-incompatibility systems in plants. **International Symposium of Correlative Gene System "Establishing Next-Generation Genes"**, May 28, 2015, Nara.

Yasuda, S., Wada, Y., Kakizaki, T., Miura, E., Tarutani, Y., Shimoda, T., Takada, Y., Suzuki, G., Watanabe, M., Takayama, S. Trans-acting small RNA controlling the dominance hierarchy among self-incompatibility alleles in *Brassica rapa*. **International Symposium of Correlative Gene System "Establishing Next-Generation Genes"**, May 28, 2015, Nara.

高山誠司. 自家不和合性の分子機構. 国立遺伝学研究所研究会「植物の生殖成長期の発生を制御する分子機構」, 2015年11月7日, 三島. (招待講演)

和田七夕子、安田晋輔、柿崎智博、三浦栄子、樽谷芳明、高田美信、鈴木剛、渡辺正夫、高山誠司. アブラナ科植物において低分子 RNA とその標的配列の多様性により複雑な階層的優劣性が制御される. 第 38 回日本分子生物学会年会・第 88 回日本生化学会大会 (BMB2015)、ワークショップ「進化エピジェネティクス: エピジェネティックな状態の次世代への伝達から考える進化のしくみ」, 2015年12月2日, 神戸. (招待講演)

久保健一、塚原麻伊、円谷徹之、村瀬浩司、高山誠司. ナス科植物ペチュニアの Cullin1 遺伝子群の同定と、自家不和合性反応に関する機能解析. 第 38 回日本分子生物学会年会・第 88 回日本生化学会大会 (BMB2015), 2015年12月1日, 神戸.

久保健一、塚原麻伊、円谷徹之、村瀬浩司、高山誠司. ナス科植物ペチュニアの Cullin1 遺伝子群の同定と、自家不和合性反応に関する機能解析. 第 57 回日本植物生理学会, 2016年3月18-20日, 岩手.

Aki Kosugi, Chiaki Nishizawa, Akira Kawabe, Emiko Harada, Heavy metal accumulation and vegetation ecology in allotetraploid *Arabidopsis kamchatica* subsp. *kawasakiana*, **The Vth International Symposium on Metallomics**, Sep. 9-12, 2015, Beijing, China.

河邊昭、野生植物集団の遺伝的多様度と変異の維持機構、日本遺伝学会第 87 回大会、2015年9月24日、仙台.

薄伊納、吉田貴徳、河邊昭、*Brassica rapa* におけるゲノムインプリンティング候補遺伝子の探索、日本遺伝学会第 87 回大会、2015年9月25日、仙台.

河邊昭、降旗初佳、吉田貴徳、シロイヌナズナ属における葉緑体の RNA エディティングの種間変異、日本遺伝学会第 87 回大会、2015年9月26日、仙台.

Tetsu Kinoshita, Mechanism of Hybridization Barrier in Plant Endosperm, **17th Annual Meeting of Society of Evolutionary Studies**, Sep.21, 2015, Tokyo.

大西孝幸、高松壮、及川和聡、猪俣拓也、田中啓介、古海弘康、倉田のり、小林久人、三ツ井敏明、木下哲、イネのオルガネラゲノムのリシーケンス、日本育種学会第 128 回講演会、

2015年9月11日、新潟。

Asano, Y., Hayashi, A., Kubiura, M., Ishishita, S., Hori, T., Kimura, H., Matsuda, Y., Fukagawa, T., Tada, M. Epigenetic reprogramming during chicken embryonic development. **The 5th Asian Chromosome Colloquium (ACC5)**, Apr. 29, 2015, Bangkok, Thailand.

Srikulnath, K., Matsubara, K., Uno, Y., Nishida, C., Matsuda, Y., Chromosome evolution in squamate reptiles: dynamics of macro- and microchromosomes. **The 5th Asian Chromosome Colloquium (ACC5)**, Apr. 29, 2015, Bangkok, Thailand.

Ishishita, S., Tatsumoto, S., Kinoshita, K., Nakano, M., Go, Y., Matsuda, Y. Transcriptome analysis of intergeneric avian hybrids. **The 5th Asian Chromosome Colloquium (ACC5)**, Apr. 29, 2015, Bangkok, Thailand.

Matsuda, Y. Molecular cytogenetic approach for comparative genomics in vertebrates. -Karyotype reorganization and sex chromosome evolution in tetrapods-. Plenary Lecture, **The 5th Asian Chromosome Colloquium (ACC5)**, Apr. 29, 2015, Bangkok, Thailand.

郷康広. ゲノムを通して我が身を知る～ヒトとサルの間にあるもの～. 東北大学脳神経科学コアセミナー、2015年5月22日、仙台。(招待講演)

Ishishita, S., Tatsumoto, S., Kinoshita, K., Nakano, M., Asano, Y., Tada, M., Go, Y., Matsuda, Y. Transcriptome analysis of chicken-quail intergeneric F₁ hybrids. **International Symposium of Correlative Gene System "Establishing Next-Generation Genes"**, May 28, 2015, Nara.

Uno, Y., Sasaki, C., Tsuboi, K., Ohishi, N., Shinohara, A., Koshimoto, C., Tsuchiya, K., Matsuda, Y. Genetic and epigenetic incompatibilities responsible for hybrid dysgenesis in *Phodopus*. **International Symposium of Correlative Gene System "Establishing Next-Generation Genes"**, May 28, 2015, Nara.

郷康広、Qian Li、Liu He、大石高生、鶴殿俊史、重信秀治、柿田明美、那波宏之、Philipp Khaitovich. ヒト脳と類人猿脳における時空間的比較トランスクリプトーム解析. **NGS 現場の回第4回大会**、2015年7月2日、つくば。

郷康広、Qian Li、Liu He、大石高生、鶴殿俊史、重信秀治、柿田明美、那波宏之、Philipp Khaitovich. ヒト脳と類人猿脳における時空間的比較トランスクリプトーム解析. **第 31 回日本霊長類学会大会**、2015 年 7 月 19 日、京都.

宇野好宣、西田千鶴子、豊田敦、藤山秋佐夫、岡部正隆、松田洋一. 古代魚ポリプテルスの比較染色体解析により明らかになった脊椎動物におけるマイクロ染色体の進化過程. **日本進化学会第 17 回大会**、2015 年 8 月 21 日、東京.

木下圭司、水谷 誠、秋山豊子、都築政起、松田洋一. ニワトリにおける白斑羽装変異パイド(pi)とモトルド(mo)との関係ならびにその原因変異の同定. **日本家禽学会 2015 年度秋季大会**、2015 年 9 月 10 日、江別.

布目三夫、中野幹治、只野亮、川原玲香、河野友宏、藤原哲、菫澤圭二郎、水谷誠、松田洋一. マイクロサテライト DNA および mtDNA を用いた家禽ニホンウズラの由来に関する集団遺伝学的解析. **日本家禽学会 2015 年度秋季大会**、2015 年 9 月 10 日、江別.

中野幹治、堀内浩幸、松田洋一. ウズラ胚性幹細胞の樹立に関する研究. **日本家禽学会 2015 年度秋季大会**、2015 年 9 月 10 日、江別.

石下聡、木下圭司、鈴木圭子、中野幹治、松田洋一. ニワトリとウズラの属間 F1 雑種の胚発生と性比の解析. **日本家禽学会 2015 年度秋季大会**、2015 年 9 月 10 日、江別.

秋山豊子、足立朋子、四宮愛、木下圭司、水谷誠、松田洋一. エンドセリン受容体 B2 の変異はウコッケイの Fibromelanosis の発現を完全に抑制する. **日本動物学会第 86 回大会**、2015 年 9 月 17 日、新潟.

郷康広、辰本将司、福多賢太郎、野口英樹、早川卓志、友永雅己、平井啓久、松沢哲郎、阿形清和、藤山秋佐夫. チンパンジー親子トリオ全ゲノム解析による世代間直接変異率の推定および構造変化の同定. **日本遺伝学会第 87 回大会プレナリーワークショップ**、2015 年 9 月 24 日、仙台.

石下聡、辰本将司、木下圭司、浅野有美、多田政子、郷康広、松田洋一. 鳥類の種間雑種の初期胚におけるトランスクリプトーム解析. **日本遺伝学会第 87 回大会**、2015 年 9 月 24 日、仙台.

宇野好宣、西田千鶴子、豊田敦、藤山秋佐夫、岡部正隆、松田洋一。古代魚の比較染色体マッピングによる脊椎動物のマイクロ染色体の進化過程の解析。日本遺伝学会第87回大会、2015年9月24日、仙台。

辰本将司、郷康広、Qian Li、Liu He、大石高生、鶴殿俊史、重信秀治、柿田明美、那波宏之、Philipp Khaitovich。ヒト脳と類人猿脳における時空間的比較トランスクリプトーム解析。日本遺伝学会第87回大会ワークショップ「ゲノムの進化と多様性研究の最前線」、2015年9月25日、仙台。

Yasuhiro Go, Qian Li, Shoji Tatsumoto, Philipp Khaitovich. Spatiotemporal gene expression trajectory in the human and non-human ape brains. **Cold Spring Harbor Symposium ~Behavior & Neurogenetics of Nonhuman Primates~**, 2015年11月19日, Cold Spring Harbor, USA.

郷康広。ゲノムを通して我が身を知る～ヒトとサルの間にあるもの～。第64回インシリコ・メガバンク研究会(東北大学)、2015年11月24日、仙台。

石下聡、辰本将司、木下圭司、浅野有美、多田政子、郷康広、松田洋一。鳥類の性染色体におけるエピジェネティックな遺伝子発現制御。第38回日本分子生物学会年会 第88回日本生化学会大会合同大会ワークショップ「性染色体とエピジェネティクス」、2015年12月1日、神戸。

鈴木厚、高橋秀治、宇野好宣、回淵修治、Jane Grimwood、松田洋一、伊藤道彦、Daniel Rokhsar、平良眞規。Xenopus laevis 全ゲノム解析:モデル両生類のゲノム進化におけるTGF-beta シグナル伝達経路のユニークな変化とその生物学的意義。第38回日本分子生物学会年会 第88回日本生化学会大会 合同大会、2015年12月1日、神戸。

回淵修治、和田美加子、高橋秀治、宇野好宣、松田洋一、近藤真理子、福井彰雅、高橋信彦、平良眞規、伊藤道彦。Xenopus laevis 全ゲノム解析:アフリカツメガエルの性染色体とWおよびZ特異的領域の解析。第38回日本分子生物学会年会 第88回日本生化学会大会 合同大会、2015年12月1日、神戸。

高橋秀治、豊田敦、宇野好宣、黒木陽子、彦坂暁、原本悦和、田中利明、西城智仁、野口秀樹、松田洋一、近藤真理子、藤山秋佐夫、上野直人、平良眞規、浅島誠。Xenopus laevis 全ゲノム解析:アフリカツメガエル nodal5 と nodal6 遺伝子クラスターについての解析。第38回日本分子生物学会年会 第88回日本生化学会大会 合同大会、2015年12月1日、神戸。

戸.

浅野有美、林礼佳、首浦武作志、石下聡、堀哲也、木村宏、松田洋一、深川竜郎、多田政子。
ニワトリにおけるゲノムワイドなエピジェネティクスプログラミング。第38回日本分子生物学会年
会 第88回日本生化学会大会 合同大会、2015年12月3日、神戸。

郷康広。マーマオセットにおける精神・神経疾患関連遺伝子多様性解析。第5回日本マーマオセ
ット研究会ワークショップ「マーマオセットゲノム解析の展望」、2016年1月27日、東京。

木下俊介、吉田英樹、氷上卓磨、平野恒、松岡信、上口(田中)美弥子、イネジベレリンシグナ
ル伝達における INDETERMINATE DOMAIN (IDD) family protein の機能解析、第37
回日本分子生物学会年会、平成26年11月、横浜。

木下俊介、吉田英樹、氷上卓磨、平野恒、松岡信、上口(田中)美弥子、イネジベレリンシグナ
ル伝達における INDETERMINATE DOMAIN (IDD) family protein の機能解析。第56
回日本植物生理学会年会、平成27年3月、東京。

上口(田中)美弥子、田中純夢、矢野憲司、安益公一郎、竹原清日、中嶋正敏、松岡信、
Molecular function of phytohormone GAs in reproductive processes。第56回日本植
物生理学会年会、平成27年3月、東京。

Suwabe, K., Current progress of the pollination biology research. KSM spring
meeting, KSM-ICWG-GSP joint clubroot symposium & Scientific seminar, May
15-16, 2015, Daejeon and Suncheon, Korea. (invited)

Watanabe, M., History of self-incompatibility research in *Brassica* species
-especially Tohoku University Hinata's laboratory works-. **Topic seminar in GSP on
Sunchon University**, Jan. 4, 2016, Suncheon, Korea. (invited)

Suzuki, G., Matsuba, A., Yamamoto, M. and Mukai, Y., Orchid BAC libraries for
molecular cytogenetic research. **5th Asian Chromosome Colloquium**, Apr. 29, 2015,
Bangkok.

Gangeng, Suzuki, G. and Mukai, Y., Subgenome-specific BAC clones in allopolyploid
Nicotiana tabacum. **5th Asian Chromosome Colloquium**, Apr. 29-May 1, 2015,
Bangkok.

Matsushima, M., Morimoto, H., Hikota, Y., Yano, K., Shimizu, K. K., Takayama, S., Suzuki, G., Watanabe, M. and Suwabe, K., Transcriptional changes during pollination in *Arabidopsis thaliana*. **International Symposium of Correlative Gene System "Establishing Next-Generation Genes"**, May 28-29, 2015, Nara.

Kobayashi, M., Takano, T., Aya, K., Yano, K., Futagoishi, R., Niimi, T., Suwabe, K., Watanabe, M., Suzuki, G., Fujiwara, T., Matsuoka, M. and Yano, K., Current solutions and pipelines for high-throughput sequencing data analysis. **International Symposium of Correlative Gene System "Establishing Next-Generation Genes"**, May 28-29, 2015, Nara.

Kudo, T., Takano, T., Ohyanagi, H., Terashima, S., Kanno, M., Saito, M., Matsuda, N., Kobayashi, M., Ozaki, S., Sasaki, Y., Asano, S., Yokoyama, K., Aya, K., Suwabe, K., Suzuki, G., Watanabe, M., Matsuoka, M. and Yano, K., Data mining with Plant Omics Data Center reveals conserved gene expression networks of molecular chaperone and protein disulfide isomerase genes in different organs. **International Symposium of Correlative Gene System "Establishing Next-Generation Genes"**, May 28, 2015, Nara.

Terashima, S., Takano, T., Ohyanagi, H., Kubo, T., Kanno, M., Saito, M., Matsuda, N., Kobayashi, M., Ozaki, S., Sasaki, Y., Asano, S., Yokoyama, Aya, K., Suwabe, K., Suzuki, G., Watanabe, M., Matsuoka, M. and Yano, K., Plant Omics Data Center: an integrated web repository for interspecies gene expression networks with NLP-based curation. **International Symposium of Correlative Gene System "Establishing Next-Generation Genes"**, May 28, 2015, Nara.

Watanabe, M., Self-incompatibility and genetic diversity of genus *Brassica*. **The Japan-China workshop on the interdisciplinary researches about Brassica crops**, July 2, 2015, Xi-An, China. (invited)

Morimoto, H., C. Arakawa, M. Matsushima, G. Suzuki, M. Watanabe, K. Suwabe, The pollen-expressed cysteine rich peptide CR3 involves in pollen germination and pollen tube growth. **the 26th International Conference on Arabidopsis Research**, July 5-9, 2015, Paris, France.

Matsushima, M., H. Morimoto, Y. Hikota, K. Okumura, K. Yano, K.K. Shimizu, S. Takayama, G. Suzuki, M. Watanabe, K. Suwabe, Revival of self-incompatibility in *Arabidopsis thaliana*. **the 26th International Conference on Arabidopsis Research**, July 5-9, 2015, Paris, France.

寺島伸, 高野智之, 工藤徹, 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田典子, 浅野さとみ, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 小林正明, 横山幸治, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎, 複数植物種の遺伝子発現ネットワーク情報と高信頼度機能アノテーション情報を搭載した Web データベース PODC, 日本育種学会第 128 回講演会, Sep. 11-12, 2015, 新潟.

林正明, 横山幸治, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎, 複数植物種の遺伝子発現ネットワーク情報と高信頼度アノテーション情報を搭載した Web データベース PODC、第 12 回日本ナス科コンソシアム年会、2015 年 10 月 25 日、名古屋.

武田征士, 落合功輝, 坂園聡美, 渡辺正夫, 諏訪部圭太, シロイヌナズナ雌しべの柱頭毛は周囲の湿度を感じて開花後に伸長する、第 57 回日本植物生理学会年会、2016 年 3 月 18-20 日、盛岡.

Morimoto, H., Arakawa, C., Egusa, W., Masuko-Suzuki, H., Matsushima, M., Suzuki, G., Watanabe, M., Suwabe, K., Functional analysis of pollen-expressed cysteine-rich protein CR3、第 57 回日本植物生理学会年会、2016 年 3 月 18-20 日、盛岡.

Takahashi, A., Nucleotide polymorphism and physiological diversity underlying pigmentation variation in *Drosophila melanogaster*. Symposium "Melanism" at **2015 Meeting of the European Society of Evolutionary Biology**, Aug. 14, 2015, Lausanne, Switzerland.

Osada, N., Miyagi, R., Takahashi, A. Quantification of cis-regulatory variation in *Drosophila melanogaster*. **International Symposium of Correlative Gene System "Establishing Next-Generation Genes"**, May 28, 2015, Nara.

Miyagi, R., Osada, N., Takahashi, A. Complex cis-regulatory polymorphisms in ebony and tan underlying standing pigmentation variation in *Drosophila melanogaster*. **International Symposium of Correlative Gene System "Establishing Next-Generation Genes"**, May 28, 2015, Nara.

宮城竜太郎、長田直樹、高橋文、ショウジョウバエ自然集団における体色多型を生み出すメラニン合成遺伝子群の cis 発現量解、**日本進化学会第 17 回大会**、2015 年 8 月 20 日、東京。

秋山礼良、宮城竜太郎、高橋文、キイロショウジョウバエ種内体色変異の適応的意義と関与する分子機構の解明、**日本進化学会第 17 回大会**、2015 年 8 月 20 日、東京。

秋山礼良、宮城竜太郎、高橋文、キイロショウジョウバエ種内体色変異の適応的意義と関与する分子機構の解明、**日本遺伝学会第 87 回大会**、2015 年 9 月 26 日、仙台。

長田直樹、Hettiarachchi Nilmini、Babarinde Isaac Adeyemi、斎藤成也、Blancher Antoine、モーリシャス島産カニクイザルの全ゲノムシーケンズ解析、**第 31 回日本霊長類学会大会**、2015 年 7 月 19 日、京都。

長田直樹、ボトルネックがゲノムに与える現象の解析：モーリシャス産カニクイザルを例に、**遺伝研究集会「ビッグデータ時代の分子進化」**、2015 年 6 月 26 日、三島。

長田直樹、Genetic architecture of gene expression variation in fruit flies. **日独先端科学シンポジウム**、2015 年 10 月 3 日、京都。

Ryohei Terauchi, Interaction between rice NLR Pik and Magnaporthe oryzae effector AVR-Pik”, **NLR Biology in Plants and Animals, Workshop at Schloss Ringbert in Bavaria**, May 3-6, 2015, Germany.

古田芳一、今野武津子、太崎敬子、米澤英雄、神谷茂、小林一三、ピロリ菌の病原因子はなぜあるのか？ 小児を含む家族間感染株の全ゲノム配列比較から、**第 21 回日本ヘリコバクター学会学術集会シンポジウム「細菌・宿主クロストークの多様性」**、2015 年 6 月 26-27 日、神戸。

矢野太和、特定のエピゲノム状態がピロリ菌ストレス耐性を支配する、**第 21 回日本ヘリコバクター学会学術集会ワークショップ「ヘリコバクター基礎研究の新たな展開」**、2015 年 6 月 26-27 日、神戸。

小林一三、エピジェネティクスに基づく進化」の細菌での検証、**日本進化学会第 17 回大会シンポジウム「進化研究の最先端：病原体を対象として」**、2015 年 8 月 20 日～23 日、東京。

小島健司、小林一三、塩基切り出し型制限酵素修飾酵素系の進化と人類移動史、日本進化学会第 17 回大会、2015 年 8 月 20 日～23 日、東京。

矢野大和、Zobaidul M. Alam、林原絵美子、古田芳一、鈴木穰、菅野純夫、柴山恵吾、小林一三、ピロリ菌の適応形質を支配する DNA メチル化ネットワークの発見、日本進化学会第 17 回大会、2015 年 8 月 20 日～23 日、東京。

Masaki Fukuyo, Toshiaki Nakano, Kenji K. Kojima, Yingbiao Zhang, Yoshikazu Furuta, Ken Ishikawa, Miki Watanabe-Matsui, Hirokazu Yano, Takeshi Hamakawa, Hiroshi Ide and Ichizo Kobayashi, 塩基切り出し型制限酵素という驚き、日本進化学会第 17 回大会、2015 年 8 月 20 日～23 日、東京。

Koji Yahara, Xavier Didelot, M. Azim Ansari, Samuel K. Sheppard and Daniel Falush. Efficient inference of recombination hot regions in bacterial genomes、日本進化学会第 17 回大会、2015 年 8 月 20 日～23 日、東京。

小島健司、小林一三、塩基切り出し型制限酵素修飾酵素系の進化と人類移動史、日本進化学会第 17 回大会、2015 年 8 月 20 日～23 日、東京。

Hirokazu Yano, Yoshikazu Furuta, Zobaidul M. Alam, Emiko Rimbara, Hiroe Namba-Fukuyo, Tomoko Shibata, Tomoaki Nishiyama, Shuji Shigenobu, Mitsuyasu Hasebe, Yutaka Suzuki, Sumio Sugano, Keigo Shibayama, Ichizo Kobayashi, Adaptive evolution and ever metamorphosing DNA methylation systems, **7th NEB Meeting on DNA Restriction and Modification**, 2015 年 8 月 24-29 日, グダンスク, ポーランド.(招待講演)

Masaki Fukuyo, Toshiaki Nakano, Kenji K. Kojima, Yingbiao Zhang, Yoshikazu Furuta, Ken Ishikawa, Miki Watanabe-Matsui, Hirokazu Yano, Takeshi Hamakawa, Hiroshi Ide and Ichizo Kobayashi, Restriction enzyme with base excision and abasic-site cleavage activities, **7th NEB Meeting on DNA Restriction and Modification**, 2015 年 8 月 24-29 日, グダンスク, ポーランド。

小林一三、林庚澤、古田芳一、中井謙太、リボソーム RNA と翻訳開始機構の変貌、日本遺伝学会第 87 回大会、2015 年 9 月 24-26 日、仙台。

矢野大和、古田芳一、Zobaidul Alam、林原絵美子、柴田朋子、鈴木穰、菅野純夫、重信秀

治、長谷部光泰、小林一三、日本遺伝学会第 87 回大会、2015 年 9 月 24-26 日、仙台。

小林一三、認識配列を変換する DNA メチル化系によるエピゲノム育種、農林水産・食品産業科学技術研究推進事業研究成果発表会、2015 年 10 月 13 日、東京。

小林一三、塩基切り出し型制限酵素という驚き、第 23 回 DNA 複製・組換え・修復ワークショップ、2015 年 10 月 19-21 日、焼津。

Koji Yahara, Xavier Didelot, M. Azim Ansari, Samuel K. Sheppard and Daniel Falush. Efficient inference of recombination hot regions in bacterial genomes. **Conference to celebrate the opening of our new MRC CLIMB centre** “What can we learn from hundreds of bacterial genomes?”, 2015 年 10 月 22 日、ウェールズ、英国。

Ichizo Kobayashi, Genome/epigenome evolution of *H. pylori*, **The 18th International workshop on Campylobacter, Helicobacter & Related Organisms (CHRO) 2015**, 2015 年 11 月 1-5 日、ロトルア、ニュージーランド。

Koji Yahara, Xavier Didelot, M. Azim Ansari, Samuel K. Sheppard and Daniel Falush. A novel method for efficient inference of recombination hot regions in bacterial genomes and its application to 200 *C. jejuni* genomes, **The 18th International workshop on Campylobacter, Helicobacter & Related Organisms (CHRO) 2015**, 2015 年 11 月 1-5 日、ロトルア、ニュージーランド。

小林一三、エピジェネティクス駆動進化:細菌での OMICS による検証、第 38 回日本分子生物学会年会 第 88 回日本生化学会大会 合同大会 (BMB2015)、2015 年 12 月 1-4 日、神戸。

Hirokazu Yano, Zobaidul Alam, Emiko Rimbara, Yoshikazu Furuta, Yutaka Suzuki, Sumio Sugano, Keigo Shibayama, Ichizo Kobayashi, Network of DNA methyltransferases behind the adaptive phenotype in *Helicobacter pylori*, 第 38 回日本分子生物学会年会 第 88 回日本生化学会大会 合同大会 (BMB2015)、2015 年 12 月 1-4 日、神戸。

Ichizo Kobayashi, Genome/Epigenome Dynamics in Bacterial Evolution, **Translational Health Science and Technology Institute**, 2015 年 12 月 8 日、デリー、イ

ンド.(招待講演)

Ichizo Kobayashi, Genome/Epigenome Dynamics in Bacterial Evolution, **National Institute of Cholera and Enteric Diseases**, 2015年12月9日, カルカッタ、インド.(招待講演)

Ichizo Kobayashi, Genome/Epigenome Dynamics in Bacterial Evolution, **MCB75: from Molecules to Organisms**, 2015年12月11-14日, バンガロール、インド.(招待講演)

Ichizo Kobayashi, Genome/Epigenome Dynamics in Bacterial Evolution, **National Centre for Biological Sciences**, 2015年12月16日, バンガロール、インド.(招待講演)

Koji Yahara, Methods for studying recombination hot regions and population structure in bacteria. **Satellite meeting of Society of Molecular Biology and Evolution**, 2016年2月23日, 滋賀.(招待講演)

Koji Yahara. Elucidation of recombination hot regions and population structure in bacteria. **International Symposium on Genome Microbiology**, 2016年3月4-6日、東京.

矢野大和、Zobaidul Alam、林原絵美子、古田芳一、鈴木穰、菅野純夫、柴山恵吾、小林一三、Epigenetic network of gene expression involving DNA methyltransferases、**International Symposium on Genome Microbiology**, 2016年3月4-6日、東京.

福世真樹、塩基切り出し型制限酵素、**International Symposium on Genome Microbiology**, 2016年3月4-6日、東京.

小林一三、「一分子リアルタイムシーケンサー」によるメチローム解読、**第89回日本細菌学会総会**、2016年3月23-25日、大阪.

矢野大和、Zobaidul Alam、林原絵美子、古田芳一、鈴木穰、菅野純夫、柴山恵吾、小林一三、ピロリ菌の適応形質を支配する DNA メチル化系ネットワークの発見、**日本農芸化学会2016年度大会**、2016年3月27-30日、札幌.

Ono, R. Double strand break repair by capture of retrotransposon and mRNA sequences via reverse transcription in the mouse zygote. **FASEB "Mobile DNA in**

"Mammalian Genomes", 2015 年 6 月, Palm Beach.

入江将仁、幸田尚、小野竜一、古瀬民生、若菜茂晴、古川正信、石野史敏、金児・石野知子、LTR レトロトランスポゾンに由来する真獣類特異的遺伝子 Sirh11 の機能解析, **第 38 回日本分子生物学会年会・第 88 回日本生化学会大会 (BMB2015)**, 2015 年 12 月, 神戸.

北澤萌恵、小野竜一、岡彩子、金子・石野知子、石野史敏, 真獣類特異的の特異的遺伝子 Peg11 のマウス新生仔の生存に対する影響 **第 38 回日本分子生物学会年会・第 88 回日本生化学会大会 (BMB2015)**, 2015 年 12 月, 神戸.

Kimura Y, Tasaka M, Torii KU, Uchida N, A framework for cell layer-specific stem cell maintenance in the shoot apical meristem, **日本植物生理学会年会第 57 回大会シンポジウム「Multi-angle views of plant pluripotent stem cells」**, 2016 年 3 月 19 日, 岩手.

Ikematsu S, Tasaka M, Torii K, Uchida N, Regulation of secondary growth by ERECTA-family receptor genes in Arabidopsis hypocotyls, **日本植物生理学会年会第 57 回大会**, 2016 年 3 月 19 日, 岩手.

Tameshige S, Okamoto S, Lee JS, Aida M, Tasaka M, Torii KU, Uchida N, Regulation of an auxin response pattern by the secreted peptide EPFL2 in leaf margin, **日本植物生理学会年会第 57 回大会**, 2016 年 3 月 19 日, 岩手.

Hirakawa Y, Torii K, Uchida N, Synthetic peptide that artificially exerts two distinct CLE activities, **日本植物生理学会年会第 57 回大会**, 2016 年 3 月 19 日, 岩手.

Kimura Y, Tasaka M, Torii KU, Uchida N, ERECTA-family signaling coordinates layer-specific stem cell maintenance in the shoot apical meristem, **日本植物生理学会年会第 57 回大会**, 2016 年 3 月 19 日, 岩手.

Uchida N, Small compounds that change the number of stomata and plant growth, **The 2nd CSRS-ITbM Joint Workshop**, 2016 年 1 月 7 日, 埼玉.

爲重才覚, 岡本智史, Lee Jin Suk, 相田光宏, 田坂昌生, Torii Keiko, 打田直行, EPFL ペプチドによる葉でのオーキシン応答抑制, **日本植物学会年会第 79 回大会**, 2015 年 9 月 8 日, 新潟.

平川有宇樹, 河内孝之, 澤進一郎, John Bowman, 打田直行, CLEP の活性に関する研究”
日本植物学会年会第 79 回大会, 2015 年 9 月 8 日, 新潟.

Ikematsu, S., Tasaka, M., Torii, K., Uchida, N., Regulation of vascular development by ERECTA-family receptor kinases during secondary growth of Arabidopsis hypocotyls, **FASEB Science Research Conference: Mechanisms in Plant Development**, 2015 年 8 月 2 日, Saxtons River, USA.

Kimura, Y., Tasaka, M., Torii, K., Uchida, N., ERECTA-family receptors alter WUSCHEL-dependency and cytokinin responsiveness in the stem cell maintenance in the shoot apical meristem, **FASEB Science Research Conference: Mechanisms in Plant Development**, 2015 年 8 月 2 日, Saxtons River, USA.

Masahiro Kanaoka. Phenotypic plasticity of allotetraploid Cardamine flexosa in relation to water environment. **International Symposium of Correlative Gene System "Establishing Next-Generation Genes"**, May 28, 2015, Nara.

Kentaro, K., Shimizu. Transcriptome and environmental responses of polyploid species studied by a new bioinformatic workflow HomeoRoq. **International Symposium of Correlative Gene System "Establishing Next-Generation Genes"**, May 28, 2015, Nara.

金岡雅浩, トレニアの in vitro 受精系から明らかになった花粉管ガイダンスに関わるシグナル分子、国立遺伝学研究所研究会「植物の生殖成長期の発生を制御する分子機構」、2015 年 11 月 7 日, 三島.

Kanaoka, M.M., Regulation of pollen tube guidance by secreted molecules, **第 57 回植物生理学会大会**、2016 年 3 月 19 日, 東京.

Kentaro, K., Shimizu., Internationalization of the universities, and studying evolution in Japan, USA and Switzerland. **日本進化学会第 17 回大会**、2015 年 8 月 21 日、東京.

清水健太郎, 非モデル生物の生態ゲノミクス: 自然変動環境下の熱帯樹木と異質倍数体を例に、**植物環境突破力シンポジウム**、2015 年 3 月 13 日、東京.

Su, J., Kosami, K, and Kawano, Y., Small GTPase OsRac1 is a key regulator in PAMP-triggered immunity and effector-triggered immunity, **3rd Beijing International Symposium on Molecular Plant Pathology**, 2015年7月28日, 北京.(招待講演)

Kawano, Y., and Shimamoto, K. Elucidation of mechanisms of small GTPase OsRac1 activation by R protein Pit through OsSPIKE1, **第57回日本植物生理学会年会**, 2015年3月15日、東京.

佐渡敬、酒田祐佳、尼川裕子、保木裕子、深川達郎、佐々木裕之、マウス着床前胚における Xist の差次的発現、**日本遺伝学会第87回仙台大会**、2015年9月23日、仙台.

佐渡敬、X染色体不活性化における SmcHD1 の役割、**平成27年度遺伝研研究会「クロマチン・細胞核構造の形成とダイナミクスによるゲノム機能制御」**、2015年10月30日、三島.

佐渡敬、機能欠損型 Xist RNA によって構築される偽ヘテロクロマチン、**第38回日本分子生物学会年会・第88回日本生化学大会 合同年会**、2015年12月1日、神戸.

佐渡敬、ヒストン修飾に関わるクロマチンテクノロジーの新展開、**38回日本分子生物学会年会・第88回日本生化学大会 合同年会 フォーラム**、2015年12月2日、神戸.

浅野さとみ、高野知之、寺島伸、菅野真麻、齋藤美沙、松田典子、工藤徹、尾崎崇一、佐々木陽平、横山幸治、小林正明、大柳一、矢野健太郎、植物オミックスデータベース PODC (Plant Omics Data Center) を用いた環境応答遺伝子の解析事例、**第33回日本植物細胞分子生物学会**、2015年8月10-12日、東京.

工藤徹、高野知之、寺島伸、菅野真麻、齋藤美沙、浅野さとみ、松田典子、尾崎崇一、佐々木陽平、横山幸治、小林正明、大柳一、矢野健太郎、植物オミックス統合データベース PODC に搭載された遺伝子発現ネットワーク情報からのデータマイニング例、**第33回日本植物細胞分子生物学会**、2015年8月10-12日、東京.

寺島伸、高野知之、工藤徹、菅野真麻、齋藤美沙、松田典子、浅野さとみ、尾崎崇一、佐々木陽平、横山幸治、小林正明、大柳一、矢野健太郎、複数植物種の遺伝子発現ネットワーク情報と高信頼度アノテーション情報を搭載した Web データベース PODC、**第33回日本植物細胞分子生物学会**、2015年8月10-12日、東京.

寺島伸、高野智之、工藤徹、菅野真麻、齋藤美沙、松田(今井)典子、浅野さとみ、佐々木陽平、小林正明、横山幸治、諏訪部圭太、鈴木剛、渡辺正夫、松岡信、大柳一、矢野健太郎、複数植物種の遺伝子発現ネットワーク情報と高信頼度アノテーション情報を搭載した Web データベース PODC、**第 12 回日本ナス科コンソシウム(JSOL)年会**、2015 年 9 月 4-5 日、川崎。

菅野真麻、齋藤美沙、松田(今井)典子、寺島伸、矢野健太郎、自然言語処理とマニュアル・キュレーションを併用した高信頼度機能アノテーションの作成、**第 12 回日本ナス科コンソシウム(JSOL)年会**、2015 年 9 月 4-5 日、川崎。

齋藤美沙、菅野真麻、松田(今井)典子、寺島伸、工藤徹、矢野健太郎、トマト(*Solanum lycopersicum*)の高信頼度機能アノテーション情報整備、**第 12 回日本ナス科コンソシウム(JSOL)年会**、2015 年 9 月 4-5 日、川崎。

松田(今井)典子、菅野真麻、齋藤美沙、寺島伸、矢野健太郎、PODC における高信頼度機能アノテーションの意義と展望、**第 12 回日本ナス科コンソシウム(JSOL)年会**、2015 年 9 月 4-5 日、川崎。

浅野さとみ、高野知之、寺島伸、菅野真麻、齋藤美沙、松田(今井)典子、工藤徹、佐々木陽平、横山幸治、小林正明、久保康隆、矢野健太郎、植物オミックスデータベース PODC (Plant Omics Data Center) を用いた環境応答遺伝子の解析事例、**第 12 回日本ナス科コンソシウム(JSOL)年会**、2015 年 9 月 4-5 日、川崎。

高野知之、山本直樹、鈴木智大、矢野健太郎、高速シーケンサー・データに基づくゲノム配列解読のためのバイオインフォマティクス解析基盤整備、**第 12 回日本ナス科コンソシウム(JSOL)年会**、2015 年 9 月 4-5 日、川崎。

Kudo, T., Sasaki, Y., Terashima, S., Matsuda-Imai, N., Takano, T., Saito, M., Kanno, M., Ozaki S., Suwabe, K., Suzuki, G., Watanabe, M., Matsuoka, M., Takayama, S., Yano, K. Identification of Reference Genes for Quantitative Expression Analysis in Broad Experimental Conditions Using Large-scale RNA-seq Data of Arabidopsis thaliana and Model Crop Plants、**第 12 回日本ナス科コンソシウム(JSOL)年会**、2015 年 9 月 4-5 日、川崎。

佐々木陽平、寺島伸、大柳一、山本直樹、小林正明、高野知之、大谷征史、南原英司、矢野健太郎、COMET:大規模塩基配列情報に基づく高精度なシス配列予測ツール、**第 12 回日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会**、2015 年 9 月 4-5 日、川崎。

Kentaro Yano, Development of strategies for the seamless integration of large-scale omics and knowledge-based information、**第 12 回日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会**、2015 年 9 月 4-5 日、川崎。

佐々木陽平、寺島伸、大柳一、山本直樹、小林正明、高野知之、大谷征史、南原英司、矢野健太郎、高精度なシス配列予測ツール"COMET"の開発およびその活用法、**日本育種学会第 128 回講演会、第 57 回シンポジウム**、2015 年 9 月 11-12 日、新潟。

工藤徹、寺島伸、佐々木陽平、高野知之、松田(今井)典子、菅野真麻、齋藤美沙、尾崎崇一、浅野さとみ、横山幸治、矢野健太郎、シロイヌナズナおよびモデル農作物の大規模 RNA-seq データを用いたリファレンス遺伝子候補の網羅的選抜、**日本育種学会第 128 回講演会、第 57 回シンポジウム**、2015 年 9 月 11-12 日、新潟。

矢野健太郎、次世代シーケンサーを利用した配列解読と遺伝子発現ネットワーク解析、**平成 27 年度園芸学会秋季大会**、次世代シーケンサーの園芸学研究における利用（公開シンポジウム）、2015 年 9 月 26 日、徳島。

Yano, K., Terashima, S., Katayama, M., Takano, T., Kudo, T., Kanno, M., Saito, M., Matsuda-Imai, N., Asano, S., Yokoyama, K., Aoki, K., Ohyanagi, H. Web-databases podc and tomatomics for the seamless integration of large-scale omics and knowledge-based information, **The 12th Solanaceae Conference**, Oct. 25-29, 2015, Bordeaux, France.

隅山健太、非コード領域は何のために存在する?、**遺伝研研究集会「ビッグデータ時代の分子進化」**、2015 年 6 月 27 日、三島。

池田一穂、寺原陽子、隅山健太、岡田康志、高活性型 TALE 蛋白質の開発とゲノム配列ライブイメージングへの応用、**第 67 回日本細胞生物学会大会**、東京。

隅山健太、簡単で高効率な Tol2 トランスポゾンシステムと細胞質インジェクションによるトランスジェネシス法、**第 29 回モロシヌス研究会**、2015 年 7 月 4 日、神戸。

Kazuho Ikeda, Yoko Terahara, Kenta Sumiyama, Yasushi Okada, Development and application of improved TALE protein, **第 53 回日本生物物理学会年会**、2015 年 9 月 13 日、金沢。

Akira Tanave, Aki Takahashi, Kenta Sumiyama, and Tsuyoshi Koide, Higher expression of Adcyap1 gene is associated with altered behavioral and prolonged physiological responses to stress in wild-derived MSM mice, **29th Annual Conference of the International Mammalian Genome Society**, 2015 年 11 月 8 日, Yokohama.

Kenta Sumiyama, Genome editing technologies for gene knockout phenotyping on founder mice, **The present and the future of synthetic biology**, 2015 年 12 月 3 日, Kobe.

Kuroiwa, A. Genomic properties of the Ryukyu spiny rats (genus Tokudaia) and evolutionary perspectives. **Vth International Wildlife Management Congress (IWMC2015)**, “Evolutionary Aspects of genetic Diversity of Asian Murine Rodents in the Genomic Era”, July 29, 2015, Sapporo.

Kuroiwa, A. Evolution of sex chromosomes and sex-determining mechanism in Y-absent mammals. **International Symposium of Correlative Gene System "Establishing Next-Generation Genes"**, May 28, 2015, Nara.

Kuroiwa, A. Evolution of the sex chromosomes in Y-absent mammals, **Asian Chromosome Colloquium 2015 (ACC5)**, Symposium “Sex Chromosome and B Chromosome”, Apr. 30, 2015, Bangkok.

黒岩麻里、哺乳類 Y 染色体の消失過程の推定、**日本遺伝学会第 87 回大会**、ワークショップ “細胞遺伝学の新たなる地平と染色体研究の今”、2015 年 9 月 25 日、仙台。

黒岩麻里、Y 染色体をもたない哺乳類の性決定メカニズム、**第 50 回北陸実験動物研究会**、2015 年 7 月 24 日、金沢。

黒岩麻里、Y をすてた日本のネズミ—SRY をもたない哺乳類の性決定メカニズム、**第 38 回日本分子生物学会**、ワークショップ “オモロイ生き物の分子生物学”、2015 年 12 月 3 日、神戸。

岩城敦史, 伊藤純一, 岡本龍史, イネの同質倍数体における形態変化と遺伝子発現の解析、**第 128 回日本育種学会講演会**、2015 年 9 月 11 日、新潟。

相賀彩織, 伊藤純一、濡れ葉変異体を用いたイネの葉における撥水性の解析、**第 128 回日本育種学会講演会**、2015 年 9 月 11 日、新潟。

水野泉, 伊藤純一, 桧原健一郎, heracles は、巨大胚変異体(ge)を半優性に抑圧する、**第 128 回日本育種学会講演会**、2015 年 9 月 11 日、新潟。

彌富丈一郎, 畠山正統, 新美輝幸, ナミテントウにおける TALEN を用いたゲノム編集技術の確立、**第 5 回アブラムシ研究会**、2015 年 8 月 7 日、岡崎。

辻知広, 後藤寛貴, 柳沼利信, 新美輝幸, ナミテントウにおける色素輸送に関わる ABC トランスポーター遺伝子群の同定、**日本蚕糸学会中部支部第 71 回・東海支部第 67 回大会**、2015 年 12 月 4 日、松本。

Yusuke Kimata, Daisuke Kurihara, Yoshikatsu Sato, Tetsuya Higashiyama, Minako Ueda, Live imaging of the intracellular dynamics during the zygote polarization in *Arabidopsis*, **The 24th IASPRR conference (Plant Reproduction 2016)**, Mar. 18-23, 2016, Tucson, USA.

Yusuke Kimata, Daisuke Kurihara, Yoshikatsu Sato, Tetsuya Higashiyama, Minako Ueda, Live-imaging Of Intracellular Dynamics During Zygote Polarization, **第 57 回日本植物生理学会年会**、2016 年 3 月 18-20 日、岩手。

木全祐資, 栗原大輔, 東山哲也, 植田美那子, Dynamics of zygote polarization: How plant forms the apical-basal axis (受精卵の極性化動態 ~植物の体軸形成のしくみ~)、**第 38 回日本分子生物学会年会 (BMB2015)**、2015 年 12 月 1-4 日、神戸。

植田美那子、「細胞骨格から考える植物受精卵の極性化機構」、**細胞骨格研究会 (Plant Cytoskeleton 2015)**、2015 年 11 月 27-28 日、静岡。

植田美那子, 木全祐資, 栗原大輔, 山田朋美, 南保正和, 大川(西脇) 妙子, 桑田啓子, 梅田正明, 東山哲也, シロイヌナズナ受精卵のイメージングとケミカルスクリーニング:細胞極性と不等分裂を制御する仕組みとは?、**第 79 回日本植物学会**、2015 年 9 月 6-8 日、新潟。

Yusuke Kimata, Daisuke Kurihara, Yoshikatsu Sato, Tetsuya Higashiyama, Minako Ueda, Combination of live imaging and chemical approach to understand the axis formation mechanism of Arabidopsis zygote. **International ERATO Higashiyama Live-Holonics Symposium**, Aug. 27-28, 2015, Nagoya.

植田美那子、桑田啓子、栗原大輔、南保正和、大川(西脇)妙子、化合物スクリーニングによる細胞分裂制御因子の探索、**細胞周期セミナー**、2015年6月12-13日、愛知。

佐藤豊、新美輝幸、吉岡博文、RNAを用いた新奇害虫防除法の開発、**第38回日本分子生物学会年会 (BMB2015)**、ワークショップ「転写後制御を標的とした次世代創薬プラットフォーム」、2015年12月3日、神戸。

Yukinosuke Ohnishi, Takashi Okamoto, Continuous convergence of actin meshwork for nuclear migration in rice zygote during karyogamy, **24rd International Congress on Sexual Plant Reproduction**, Mar. 18-23, 2016, Tuson, USA.

Erika Toda, Yukinosuke Ohnishi, Takashi Okamoto, Development of polyspermic rice zygote produced in vitro and possible contribution of polyspermy to polyploid formation, **24rd International Congress on Sexual Plant Reproduction**, Mar. 18-23, 2016, Tuson, USA.

Takashi Okamoto, Erika Toda, Yukinosuke Ohnishi, Fusion of gamete nuclei and division of zygote nucleus in plants and animals, **日本植物学会第79回大会**、シンポジウム“Fusion”in Fertilization: Interdisciplinary Collaboration among Plant and Animal Scientists、2015年9月12日、新潟。

Erika Toda, Yukinosuke Ohnishi, Takashi Okamoto, Development of polyspermic rice zygotes produced in vitro, **International Symposium of Correlative Gene System "Establishing Next-Generation Genes"**, May 29, 2015, Nara.

Yukinosuke Ohnishi, Takashi Okamoto, Actin networks in rice zygotes; Continuous convergence to egg nucleus functions in karyogamy, **International Symposium of Correlative Gene System "Establishing Next-Generation Genes"**, May 29, 2015, Nara.

大西由之佑、岡本龍史、イネ受精卵内における精核の移動はアクチンメッシュの卵核方向への集約に依存する、**日本植物学会第79回大会**、2015年9月12日、新潟。

岡本龍史、戸田絵梨香、村松岳朗、大西由之佑、配偶子融合法による同質および異質倍数体の作出、日本園芸学会平成 27 年度秋季大会、2015 年 9 月 28 日、徳島。

岡本龍史、戸田絵梨香、村松岳朗、大西由之佑、in vitro 受精系を用いた同質および異質倍数体の作出、日本育種学会第 129 回講演会、2016 年 3 月、横浜。

岡本龍史、戸田絵梨香、大西由之佑、イネ in vitro 受精系を用いた解析:受精卵中における核合一機構と同質倍数体の作出、第 36 回種子生理生化学研究会年会、2015 年 11 月 6 日、松本。

岡本龍史、「同種および異種の倍数性植物の新たな作出法:配偶子の人為的融合」、アグリビジネズ創出フェア 2015、2016 年 11 月 18-20 日、東京。

金鍾明、藤泰子、関原明、酢酸から始まる植物の新規乾燥耐性ネットワーク、植物生理学会第 57 回大会、2016 年 3 月 18-20 日、盛岡。

Jong-Myong Kim, Novel Epigenetic and Antisense RNA Regulation in Plant Abiotic Stress Responses, **Keystone Symposia 2016 Plant Epigenetics: From Genotype to Phenotype**, Feb. 15-19, 2016, Taos, USA.

Jong-Myong Kim, Taiko Kim To and Motoaki Seki, Histone deacetylase triggers the novel mechanism for plant drought tolerance, 日本生化学会・日本分子生物学会 2015 年会、ワークショップ:植物エピゲノム研究の最前線、2015 年 12 月 2 日、神戸。

Jong-Myong Kim, Novel epigenetic control of drought tolerance in plants, **The International Symposium "Towards Increased Plant Productivity through Understanding of Environmental Responses and Epigenetic Regulation"**, 2015 年 11 月 24-25 日、横浜。

金鍾明、藤泰子、関原明、ヒストン脱アセチル化酵素によって制御される植物の新規乾燥耐性機構、日本遺伝学会第 87 回大会、2015 年 9 月 24-26 日、仙台。

Kitano, J. Drivers of sex chromosome-autosome fusions and their roles in speciation. American Genetic Association Symposium: Chromosome Evolution. *Seattle, WA, USA*. 2015 August 17-20 (招待講演)

Kitano, J. Why are there so many species with Y-autosome fusions? Congress of the European Society of Evolutionary Biology, Lausanne, Switzerland, August 9-14 2015

Ishikawa A, and Kitano J. Does a DHA synthesis gene play a key role in stickleback freshwater colonization?" Stickleback 2015, Eighth International Conference on Stickleback Behavior and Evolution, Stony Brook, USA, July 26-31, 2015

Kitano, J. Genetic mechanisms of colonization of new niches in sticklebacks. Lecture series in Ecology und Evolution. Bern, Switzerland (招待講演)

石川 麻乃、北野 潤、DHA が担う新規環境への適応放散、第 16 回日本進化学会大会、W11 ワークショップ、東京、2015 年 8 月 20-23 日

山元大輔、行動の種差を規定するゲノム・遺伝子相関の解明。平成 27 年度新学術領域「ゲノム・遺伝子相関」班会議。東京大学 弥生講堂、東京。2015. 12. 20-23.

小金澤雅之。ショウジョウバエの求愛と攻撃を切り替える神経機構。新学術領域「適応回路シフト」第2回領域会議。東京医科歯科大学、東京。2015. 12. 16-17.

Yamamoto, D. Genes and circuits for male courtship behavior in Drosophila. EMBO □Conference “Neural Development” (Taipei, Taiwan) 2015. 12. 4-8. (Confirmed as an invited □speaker)

Okano, S., Ote, M., Yamamoto, D. Analysis of Sxl functions in germ stem cells in Drosophila. Biochemistry and Molecular Biology 2015, 第 38 回日本分子生物学会年会第 88 回日本生化学大会合同大会。神戸ポートアイランド、兵庫。2015. 12. 1-4.

柳澤比呂子, 石井智裕, 河上江美子, 遠藤堅太郎, 平岡由佳, 上野隆, 山元大輔, 小松雅明, 渡部和彦, ロイシン添加によるオートファジー不全を改善するメカニズムと Spin1 との関連。Biochemistry and Molecular Biology 2015, 第 38 回日本分子生物学会年会第 88 回日本生化学大会合同大会。神戸ポートアイランド、兵庫。2015. 12. 1-4.

Ito, H., Sato, K., Kondo, S., Ueda, R., Yamamoto, D. Searching for *fru*-target genes that

regulate the development of sexual dimorphisms in *Drosophila* central neurons. *Biochemistry and Molecular Biology* 2015, 第 38 回日本分子生物学会年会第 88 回日本生化学大会合同大会. 神戸ポートアイランド, 兵庫. 2015. 12. 1-4. (口頭、ポスター)

Yamamoto, D., Kohatsu, S. The neural basis for experience-dependent modifications of male courtship in *Drosophila*. NTNU-Tohoku Univ. Brain Science Meeting “Joy of Brain” 東北大学, 宮城. 2015. 11. 25-27.

Koganezawa, M., Yamamoto, D. Gabaergic neural circuitry controlling courtship and aggression in *Drosophila*. NTNU-Tohoku Univ. Brain Science Meeting “Joy of Brain” 東北大学, 宮城. 2015. 11. 25-27.

Sato, K., Ito, H., Koganezawa, M., Toba, G., Yamamoto, D. Sex-specific cleavage of lola specifies sex-specific neurite structures in *Drosophila*. TNU-Tohoku Univ. Brain Science Meeting “Joy of Brain” 東北大学, 宮城. 2015. 11. 25-27. (Poster)

Ito, H., Sato, K., Kondo, S., Ueda, R., Yamamoto, D. Searching for *fru*-target genes that regulate the development of sexual dimorphisms in *Drosophila* central neurons. TNU-Tohoku Univ. Brain Science Meeting “Joy of Brain” 東北大学, 宮城. 2015. 11. 25-27. (Poster)

Kohatsu, S., Yamamoto, D. Neural correlates of vision-dependent courtship following revealed by in vivo calcium imaging in *Drosophila*. TNU-Tohoku Univ. Brain Science Meeting “Joy of Brain” 東北大学, 宮城. 2015. 11. 25-27. (Poster)

Kato, T., Sato, K., Yamamoto, D. A possible role of cell-cell interactions in the sex-specific neurite patterning in *Drosophila* central neurons. TNU-Tohoku Univ. Brain Science Meeting “Joy of Brain” 東北大学, 宮城. 2015. 11. 25-27. (Poster)

Yilmazer, Y., Koganezawa, M., Yamamoto, D. Doublesex expressing neurons that contribute to copulation in *Drosophila*. TNU-Tohoku Univ. Brain Science Meeting “Joy of Brain” 東北大学, 宮城. 2015. 11. 25-27. (Poster)

Chowdhury, Z., Sato, K., Yamamoto, D. DTRF2 acts as a co-factor of fruitless, a major neural masculinizing parameter in *Drosophila*. TNU-Tohoku Univ. Brain Science Meeting “Joy of Brain” 東北大学, 宮城. 2015. 11. 25-27. (Poster)

Miwa, Y., Koganezawa, M., Emoto, K., Yammaoto, D. Select *ppk*-expressing neurons control female sexual receptivity in *Drosophila*. TNU-Tohoku Univ. Brain Science Meeting “Joy of Brain” 東北大学, 宮城. 2015. 11. 25-27. (Poster)

Higuchi, T., Kohatsu, S., Yamamoto, D. Analysis of visual behavior that constitutes the courtship ritual in *Drosophila subobscura*. TNU-Tohoku Univ. Brain Science Meeting “Joy of Brain” 東北大学, 宮城. 2015. 11. 25-27. (Poster)

Takei, T., Koganezawa, M., Yamamoto, D. Effects of social experience on inter-male courtship in *Drosophila fruitless* mutants. TNU-Tohoku Univ. Brain Science Meeting “Joy of Brain” 東北大学, 宮城. 2015. 11. 25-27. (Poster)

Sato, K., Ito, H., Koganezawa, M. and Yamamoto, D. Male-specific transcription factor Fruitless non-transcriptionally suppresses proteolytic cleavage of a Lola isoform to generate sexual differences in neuronal structures and behavior of *Drosophila*. Neurobiology of *Drosophila*. Cold Spring Harbor Laboratory, USA. 2015. 9. 29-10. 3. (Poster)

伊藤弘樹. ショウジョウバエの脳の性を決める分子機構. 日本遺伝学会第 87 回大会. 東北大学川内キャンパス, 宮城. 2015. 9. 24-26. (招待)

古波津創, 山元大輔. ショウジョウバエ雄の求愛行動を生み出す中枢神経活動の in vivo 光学計測 日本遺伝学会第 87 回大会. 東北大学川内キャンパス, 宮城. 2015. 9. 24-26. (招待)

村上日向. 田中良弥. 伊藤弘樹. 山元大輔. 非モデル種 *Drosophila subobscura* での CRISPR-Cas9 による変異誘発. 日本遺伝学会第 87 回大会. 東北大学川内キャンパス, 宮

城. 2015. 9. 24-26.

Yamamoto, D. What are Fruitless proteins really doing for LOVEly fruit flies? Centre for Neural Circuits and Behaviour. Oxford University. London, England. 2015. 9. 18.

小金澤雅之, 山元大輔. ショウジョウバエの求愛と攻撃を解発する脳内 *fru/dsx* 発現ニューロン. 第86回日本動物学会. 新潟コンベンションセンター, 新潟. 2015. 9. 16-19.

山元大輔. 求愛行動を規定する遺伝と環境-ショウジョウバエの場合. 第1042回生物科学セミナー, 東京大学 理学部2号館講堂. 東京. 2015. 9. 4.

大手学, 山元大輔. 共生細菌 Wolbachia による宿主の生殖細胞操作. 第4回領域会議. 東京農業大学, 東京. 2015. 9. 2-4. (口頭)

Yamamoto, D. What are Fruitless proteins really doing for LOVEly fruit flies? □ Seminars at Department of Physiology, Anatomy and Genetics, University of Oxford (Oxford, □UK) 2015. 8. 18.

Higuchi, T., Kohatsu, S., Yamamoto, D. A new experimental paradigm for the study of visually induced courtship behavior in *Drosophila* species. 第38回日本神経科学大会. 神戸国際会議場, 兵庫. 2015. 7. 28-31. (ポスター)

Yamamoto, D. (2015) Nature vs. nurture in *Drosophila* courtship. EMBO-Kavli Workshop on □ Neural Circuits and Behaviour of *Drosophila* (Kolymbari, Crete, Greece) 2015. 7. 5-10.

D. Yamamoto. Nature vs. nurture in fly courtship. International Symposium of Correlative Gene System. Nara Prefectural New Publi Hall. Nara, 2015.5.28-29. (口頭)

Miwa, Y., Koganezawa, M., Emoto, K., Yamamoto, D. Possible involvement of neuropeptide-expressing neurons in the regulation of female receptivity. The 3rd Asia-Pacific *Drosophila* Research Conference. Beijing Conference Center, China. 2015. 5. 11-14. (oral)

Higuchi, T., Kohatsu, S., Yamamoto, D. Studies on visually induced courtship behavior in *Drosophila* species by a newly established tethered male preparation. The 3rd Asia-Pacific *Drosophila* Research Conference. Beijing Conference Center, China. 2015. 5. 11-14.(Poster)

山元大輔. 性行動の神経機構-ショウジョウバエに問う” 遺伝と環境”. 第79回日本生化学会中部支部例会・シンポジウム. 信州大学 松本キャンパス 旭総合研究棟. 松本市, 長野. 2015. 5. 23. (招待)

(3) 和文論文発表

平成 23 年度

樽谷芳明, 高山誠司. 優性遺伝子が劣性遺伝子に勝つ新たな仕組み-メンデルの遺伝の法則に新たな視点. *化学と生物* 49: 678-682 (2011).

樽谷芳明, 高山誠司. 優劣性発現の新たなメカニズム. *現代化学* 6: 32-35.

三浦栄子, 樽谷芳明, 高山誠司. 自家不和合性の優劣性を制御する小分子RNA. *細胞工学* 7: 712-716 (2011).

渡辺正夫, 高山誠司, 磯貝彰. 自家不和合性関連用語11項目. *生物学辞典*. 東京化学同人, p.1615 (2011).

高山誠司. 植物の特異な自他識別機構を分子レベルで解明. *科研費ニュース*, 1: 16 (2011).

池田陽子, 木下哲. HMG 遺伝子 *SSRPI* はシロイヌナズナにおける DNA 脱メチル化およびゲノムインプリンティングに必要である. *細胞工学*. 学研メディカル秀順社, 30: 179-201 (2011).

木下哲. ゲノムに刷り込まれた生殖隔離. *ゲノムが拓く生態学*. 種生物学会編 文一総合出版 pp.141-155 (2011).

中村みゆき, 木下哲. エピジェネティクス. *ゲノムが拓く生態学*. 種生物学会編 文一総合出版 pp.109-122 (2011).

渡辺正夫. 植物科学分野の文献調査法. **農学・生命学のための学術情報リテラシー**. 齋藤忠夫編著, 浅倉書店, pp.84-99 (2011).

渡辺正夫. 読者の声「地図を作ることも先端の科学力結集だと思います」. **Science Window** 2011 年春号 4-5: 34 (2011).

渡辺正夫. 研究室探訪「植物生殖遺伝分野を探求する」. **駿台語るシリーズ**, 東北大を語る, 2011-2012 年版: 7 (2011).

渡辺正夫. 読者の声「科学者の役割、再認識させてくれた」. **Science Window** 2011 年夏号 5-4: 34 (2011).

高橋文. 生殖隔離と種分化遺伝子. シリーズ**現代の生態学**, エコゲノミクス—遺伝子からみた適応—. 日本生態学会編, 共立出版, 第 15 章 (2012).

平成 24 年度

久保健一, 円谷徹之, 高山誠司. 自家不和合性における「自己認識」と「非自己認識」ナス科自家不和合性における非自己認識システム. **化学と生物** 51, 7-9 (2013).

木下哲. 植物生殖過程におけるエピジェネティックな情報のリプログラミング. **ライフサイエンス領域融合レビュー**, 2: e001 (2013).

松田洋一. ニワトリのジナンドロモルフから見えてくるもの —鳥類の細胞自律的な性分化機構. **生物の科学 遺伝**. NTS inc. 66: 601–604 (2012).

渡辺正夫, 青山卓史. 日本の学術誌—第 10 回日本植物生理学会—. **SPARC Japan NewsLetter** 11:11 (2012).

渡辺正夫. 明日を拓く innovation. **人材育成雑誌 O-ga-le! (オガール!)** 5: 16-17 (2012).

渡辺正夫. せんせいクラブ：線香花火は研究につながるおもしろさ. **Science Window** 2012 年秋号(10-12 月): 38 (2012).

高橋文. 生殖隔離と種分化遺伝子. シリーズ**現代の生態学**. 共立出版 (2012).

小林一三. ゲノム内対立. 上田恵介、菊水健史、坂上貴之、辻和希、友永雅己、中島定彦、松島俊也（編）, **行動生物学辞典**. 東京化学同人, p.151 (2013).

南波宏枝, 小林一三. 日本のピロリ菌は世界のピロリ菌とどう違うのでしょうか. **Helicobacter Research**, 16: 344-347 (2012).

小林一三. 遺伝子にハマって進化する. Carl Zimmer 著、長谷川真理子監訳: **進化**. 岩波書店, 111-113 (2012).

打田直行. 植物の背丈をコントロールするスイッチを発見. **科研費 NEWS 2012** vol.2, 15 (2012).

清水健太郎. 第 12 章 概説: DNA から適応進化までをつなぐ学際的研究. 日本生態学会編 **現代の生態学 7 エコゲノミクス-遺伝子からみた適応-**. 共立出版 pp.189-196 (2012).

清水 (稲継) 理恵, 清水健太郎. 第 16 章 ゲノム重複: 倍数体の種分化とエコゲノミクス. 日本生態学会編 **現代の生態学 7 エコゲノミクス-遺伝子から見た適応-**. 共立出版 pp.246-262 (2012).

榎原恵子. コケ植物のエボデボから見えてきた孢子体の複雑化. **生物の科学 遺伝『あんな形, こんなできかた—エボデボ研究最前線 [植物篇]』** NTS Inc., (2013).

木村宏, 佐藤優子, 林陽子. 内在性蛋白質翻訳後修飾の生細胞計測, **生物物理** 52: 234-235 (2012).

隅山健太, 17-3 転写と翻訳調節. **進化学辞典**. 日本進化学会編共立出版 pp.549-551 (2012).

郷康広. (分担執筆) 日本のサル学のあした. 京都通信社. pp.38-39 (2012).

郷康広. (分担執筆) 化学受容の科学〜匂い・味・フェロモン 分子から行動まで. 化学同人. pp.71-82 (2012).

田中幹子. 四肢の起源. **生物の科学 遺伝**. NTS inc. 67: 170-177 (2013).

諏訪部圭太. アブラナ科植物における分子遺伝学の変遷. **育種学研究** 14: 114-120 (2012).

小林一三. 日本のピロリ菌: ゲノムから見た特徴. **日本ヘリコバクター学会誌** 14: 29-44 (2012).

田中幹子, 鬼丸洗. 脊椎動物が体壁に対鰭を獲得するまでの長い道のり. **生物科学** 63: 166-174 (2012).

山元大輔. 遺伝子と性行動. **性差の生物学**. 培風館 p.202 (2012).

伊藤弘樹, 山元大輔. ショウジョウバエの転写因子 **Fruitless** に拮抗的に結合する2種類のクロマチン制御タンパク質のはたらきにより単一の性的二型ニューロンがつくられる. **ライフサイエンス新着論文レビュー** (2012).

平成 25 年度

木下哲, 小野明美. RdDM を介した植物におけるエピジェネティック変異の誘導と後代への伝達. “Induction of epigenetic modifications by RNA-directed DNA methylation (RdDM) and their inheritance to the next generation in plants”. **植物の生長調節**, 48: 142-147 (2013).

前川雅彦, 金澤章, 堤伸浩, 木下哲, 土生芳樹, 柴博史, 江面浩. エピミュータジェネシスと次世代育種への展開, **育種学研究** 15: 42-50 (2013).

渡辺正夫, 高山誠司. 自家不和合性関連用語6項目. **岩波 生物学辞典 第5版**, 岩波書店, p.2192 (2013).

渡辺正夫. プロのデザイナーさんが作ったポンチ絵は何かが違う!!!!. **科学者のためのビジュアルデザインハンドブック**. 講談社サイエンティフィク, p.32 (2013).

渡辺正夫. 研究者が小中高生の理科教育にかかわるために-東北大・渡辺をモデルケースとして-. **化学と生物** 51: 263-266 (2013).

渡辺正夫. 東北大発・高大連携プログラム「科学者の卵養成講座」. **東北大学広報誌・まなびの杜** 63: 1 (2013).

渡辺正夫. 読者の声「実体験が大切なのでは」. **Science Window** 2013 年春号 7: 38 (2013).

渡辺正夫. 今、大切なこと：自然を観察すること、基礎をおろそかにしないこと、考えること. **愛媛高校理科** 50: 39-44 (2013).

小林一三. ゲノム内対立. 上田恵介, 菊水健史, 坂上貴之, 辻和希, 友永雅己, 中島定彦, 松島俊也 (編) **行動生物学辞典**. 東京化学同人, p.151 (2013).

打田直行. 植物が茎を伸ばす仕組みで働くスイッチの発見 ～植物の背丈を人為的に操る技術につながるか?～. **化学と生物**. 51: 588-589 (2013).

打田直行. 花序の形態の制御で働く EPFL 型ペプチドホルモンとその受容体 **植物の生長調節**. 48: 67-72 (2013).

榎原恵子. 蘚苔類の世代交代とその制御因子. **蘚苔類研究**. 10: 393-397 (2013).

榎原恵子. 植物たちがたどって来た道. **植物学会 HP 研究トピック**. 第 10 回 (2013).

榎原恵子. 陸上植物の世代交代の謎にせまる～遺伝子重複と機能分化による孢子体の劇的な形態進化～. **化学と生物**. 51: 595-596 (2013).

隅山健太. 7-12 遺伝子重複. **遺伝子図鑑**. 悠書館, pp.160-161 (2013).

岡彩子, 田中成和. 第 11 章「マウスの遺伝学にチャレンジ」. **マウス実験の基礎知識**. オーム社出版 (2013).

岡崎拓, 岡崎二美. 免疫抑制受容体分子標的 (PD-1 とその関連分子). **炎症と免疫**. 先端医学社, 21: 189-194 (2013).

岡崎二美, 岡崎拓. 癌、自己免疫病と PD-1. **医学のあゆみ**. 医歯薬出版社, 245: 12353-12357 (2013).

郷康広 (分担執筆) **日本心理学事典**. 平凡社 p.944 (2013).

川崎努. 植物における免疫誘導と病原微生物の感染戦略. **ライフサイエンス領域融合レビュー**. 2: e008 (2013).

田中幹子. 四肢の起源、形態進化のロジックを辿る-エボデボ研究最前線[動物篇], **生物の科学 遺伝**, NTS inc., 67: 170-177 (2013).

田中幹子. レーザー技術を応用した発生学研究の新展開. **Proceedings of the 79th Laser Materials Processing Conference**. 一般社団法人レーザー加工学会. pp.31-35 (2013).

藤本龍, 白澤沙知子, 川辺隆大, 岡本俊介. 植物の雑種強勢の分子生物学的な研究と展

望. 化学と生物. 51: 283-285 (2013).

小林一三. ゲノムからみるピロリ菌. 日本臨床 71: 1352-1367 (2013).

神沼英里, 七夕高也, 矢野健太郎, 清水顕史, 岩田洋佳. 育種のための情報解析ツール
使い倒し塾. 育種学研究. 15: 122-127 (2013).

川崎努, 山口公志, 石川和也, 吉村智美, 山田健太, 吉村悠矢. 病原菌エフェクターによ
る PAMPs 誘導抵抗性の抑制機構. 日本植物病理学会報. 79: 263-268 (2013).

山元大輔, 佐藤耕世. 雌型脳と雄型脳. Brain and Nerve 神経研究の進歩 65: 1147-1158.
(2013).

伊藤弘樹, 山元大輔. 性行動の違いを生み出す分子機構. 化学と生物 51: 686-692 (2013).

伊藤弘樹, 山元大輔. ショウジョウバエの転写因子 Fruitless に拮抗的に結合する 2 種類
のクロマチン制御タンパク質のはたらきにより単一の性的二型ニューロンがつくられ
る, ライフサイエンス 新着論文レビュー (2012).

平成 26 年度

高橋文. 第 7 章「遺伝子多型の謎-ABO 式血液型はなぜ生き残ったのか？」遺伝子が語
る生命 38 億年の謎-なぜ、ゾウはネズミより長生きか？ 国立遺伝学研究所編, 悠書館
(2014).

矢原耕史. ゲノムに刻み込まれた戦略の発見 -病原細菌の集団 ゲノムデータに基づく
新しいアプローチ. 化学と生物. 53: 282-284 (2015).

金岡雅浩. (分担執筆) 授業でそのまま使える最新高校生物解説書. 講談社サイエンテ
ィフィック. 岡田清孝、町田泰則 (編) (2014).

清水 (稲継) 理恵, 清水健太郎. 「ゲノムで進化の謎を解く!」第 8 回 20 世紀以降にも種
分化は起きている:ゲノム重複による新たな環境への適応. 細胞工学 33: 878-883 (2014).

小林正明, 大柳一, 矢野健太郎. 第 15 章 3 節「植物遺伝情報データベースの活用方法」、
遺伝子治療・診断の最先端技術と新しい医薬品・診断薬の開発. 技術情報協会 (2014).

小林正明, 大柳一, 矢野健太郎, 岩田洋佳. 植物育種のためのオミックス・データ解析入門. **育種学研究** 16: 93-99 (2014).

榊原恵子. 陸上植物の複相の巨大化と複雑化に貢献したホメオボックス遺伝子の重複と機能分化. **細胞工学** 33: 872-877 (2014).

隅山健太. 第8章 ヒトゲノムの暗黒部分の謎—どのような遺伝子の変化がヒトを進化させてきたのか? **遺伝子が語る生命 38 億年の謎-なぜ、ゾウはネズミより長生きか?** 国立遺伝学研究所編, 悠書館, pp.80-88 (2014).

岡田康志. ゲノム編集革命. **現代化学** 2014年8月号 pp. 22-27 (2014).

黒岩麻里. トゲネズミ～Yなくしてオスがうまれる. **生物工学会誌** 92: 630-631 (2014).

北野潤. 多様性を生み出す進化の謎. **遺伝子が語る生命 38 億年の謎**. 悠書館 p.48-56 (2014).

Kandel R. E. et al. (編), 山元大輔 (訳). 第58章神経系の性分化. **カンデル 神経科学, メディカル・サイエンス・インターナショナル**, 東京. (2014).

平成 27 年度

円谷徹之, 久保健一, 高山誠司. 植物の自家不適合性: RNA 分解とユビキチン化による自他識別. **生化学** 87: 308-314 (2015).

円谷徹之, 久保健一, 高山誠司. ナス科植物の自家不和合性 ユビキチン化を介した自他識別. **化学と生物** 53: 826-833 (2015).

渡辺正夫. 植物の性. **植物学の百科事典**. 丸善出版 (2016).

渡辺正夫. 読者の広場・サイエンスウィンドウカフェ「自分たちの歴史の中にヒントを見つけられるのでは」 **Science Window** 2016年冬号 11: 38 (2016).

長田直樹. 古代ゲノムで辿る人類史 第7回: 古代ゲノムの解析手法 (情報編). **細胞工学** 34: 1092-1095 (2015).

長田直樹. ポスドクからの留学先の選び方. **実験医学「留学のすゝめ！」** 第5回 (2015).

長田直樹. ゲノム情報から生物進化の過程に迫る. 北海道大学大学院情報学研究科ネットジャーナル 40 (2015).

小林一三. 進化の単位としてのエピゲノム: 配列特異性を変える細菌の DNA メチル化系からの仮説. 種生物学研究 第 39 号「エコロジカル・エピジェネティクスー生物の柔軟性の分子生態学ー」(責任編集者: 荒木希和子・土畑重人) 文一総合出版 (2017).

小林一三. ゲノム育種からエピゲノム育種へ. 化学と生物 54: 493-499 (2016).

清水 (稲継) 理恵, 清水健太郎. 20 世紀以降にも種分化は起きている: ゲノム重複による新たな環境への適応. 細胞工学別冊「進化の謎をゲノムで解く」(長谷部光泰監修), 秀潤社, pp.48-57 (2015).

清水健太郎. 理系生活 先輩理系人からのキャリアアドバイス. 日本セラミックス協会編, 学事出版, pp.128-129 (2015).

中島達郎・佐渡敬. 第 26 章 遺伝子量補償と ncRNA. **BOJIN BIOSCIENCE** シリーズ「非コード RNA」 廣瀬哲郎, 泊幸秀 (編) (2016).

工藤徹, 寺島伸, 矢野健太郎. 統合オミックス情報解析と作物育種への利用. 月刊バイオインダストリー. 2015 年 12 月号 pp.10-16 (2015).

黒岩麻里. 男の弱まりー消えゆく Y 染色体の運命. ポプラ社 (2016).

植田美那子. 植物の初期胚イメージング系の発展. 植物科学最前線 7: 177 (2016).

佐藤豊 (分担執筆) 第 10 章 植物の small RNA. **DOJIN BIOSCIENCE** シリーズ「非コード RNA」 化学同人 pp.104-114 (2016).

佐渡敬 (分担執筆) 第 27 章 遺伝子量補償と ncRNA. **DOJIN BIOSCIENCE** シリーズ「非コード RNA」 化学同人 pp. 292-305 (2016).

諏訪部圭太. アブラナ科野菜における分子育種の基盤構築とその応用. **JATAFF** ジャーナル 3: 10-16 (2015).

相賀彩織, 伊藤純一. 葉の表面構造と撥水性の発現機構ーイネの葉における微細構造

とロータス効果— 植物科学の最前線 **BSJ-Review** 6: 102-111 (2015).

北野潤. イトヨの種分化を追って：性染色体の融合と種の分化. **生命誌年刊号うつる**. 新曜社 101-108 (2015).

研究成果による産業財産権の出願・取得状況

服部雅之, 玉田洋介, 村田隆, 亀井保博, 長谷部光泰, 早野裕, 大屋真, 出願特許「補償光学系及び光学装置」、平成 25 年 9 月 20 日、出願番号「特願 2013-195943」

PCT 特許出願：服部雅之, 玉田洋介, 村田隆, 亀井保博, 長谷部光泰, 早野裕, 大屋真 (2014)「補償光学系及び光学装置」、平成 26 年 9 月 19 日、出願番号「PCT/JP2014/074837」

研究成果

概要

平成 23 年度～平成 27 年度科学研究費助成事業、新学術領域研究「ゲノム・遺伝子相関-新しい遺伝学分野の創成-」では、ポストゲノム時代の新しい遺伝学分野を先導するため、動植物、微生物を問わず、最先端の遺伝学研究を担う研究者が集い新たなパラダイムを求めて研究領域が発足した。本研究領域発足当時は、扱いやすいゲノムを持つモデル生物研究が最盛期を迎え、より多くの生物のゲノム配列情報が大量に取得できる環境が整いつつあった。さらには、ゲノム解読技術の進歩により、自然界の生物集団は多様なゲノムとエピゲノム構成を持つことも具体的に明らかになりつつあった。そのような中、本新学術領域では、生物種を問わず個々のゲノムとゲノムが相互作用する局面に焦点をあて、遺伝的な協調やコンフリクトなどのゲノム・遺伝子相関の中心概念を分子機構、ゲノムに残る「痕跡」を明らかにすることにより、新たな学術領域の創成を目指した。

以下には、上記申請時の研究目的・研究実施計画に沿った新学術領域研究としての研究成果、ならびに当初予定していなかった成果などを計画班員、主要な公募班員の別に記載した。本領域では、ゲノム・遺伝子相関の実体解明、比較を通じて、多様な生物種の個々の現象に含まれる共通項、共通原理を明らかにした。5年間の研究期間を通じて、従来の遺伝学では説明できない複雑な生命現象の多くが、驚くほど巧妙なゲノムの戦略によって、すなわち遺伝子重複、染色体変化や染色体倍加、シス変異、遺伝子機能の多様化、エピジェネティック制御といった「ゲノム・遺伝子相関」の共通項によって説明可能であることを領域として提唱した。また、研究成果を広く国民に向けて発信する方針から、メディアに取り上げられた主要なトピックスについても記載した。

新学術領域研究としての研究成果

・自家不和合性における自己認識と非自己認識システム機構の解明と進化【高山班】

アブラナ科植物では同一 *S* ハプロタイプ上の花粉因子 SP11 と雌ずい因子 SRK の相互作用を介して自己を認識し、雌ずいの細胞にグルタミン酸受容体を介した Ca^{2+} 流入が起き (**Nature Plants**, 2015a)、花粉への小胞輸送を介した Ca^{2+} 供給が阻害されることを明らかにした (**Plant Cell**, 2014)。一方、ナス科植物では、各 *S* ハプロタイプにコードされた 18 種類の花粉因子 SLFs を用いて毒性のある非自己の雌ずい因子 S-RNase を全て認識・解毒し、受精を促進していることを明らかにした (**Nature Plants**, 2015b)。なお、自己認識システムでは花粉因子と雌ずい因子が *S* ハプロタイプ間で組み換わることなく共進化し両者は鏡像の **Balancing selection** 型の進化の痕跡を残すのに対し、非自己認識システムでは花粉因子遺伝子が *S* ハプロタイプ間で組換えを起こし、**Selective sweep** 型の進化の痕跡を残すことを明らかにした (**Nature Plants**, 2017)。

・ミトコンドリアに端を発する DNA 脱メチル化の機構【木下班】

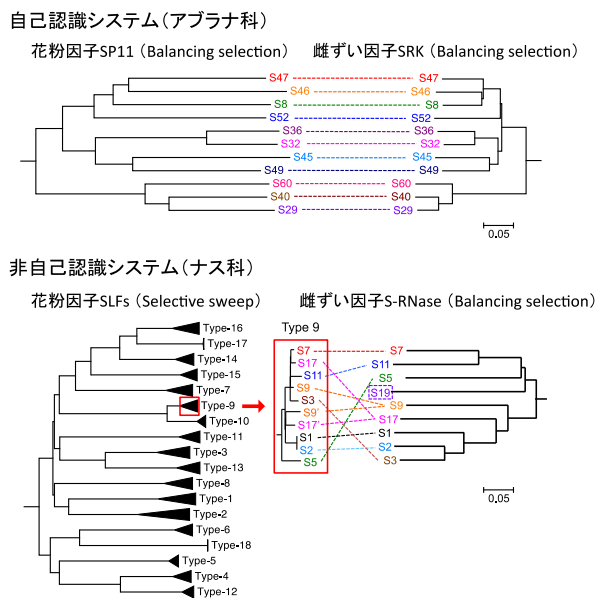
インプリント遺伝子の発現を指標に、複数の DNA 脱メチル化の変異体を解析し、ミトコンドリアに端を発する細胞質の Fe-S クラスター生合成経路が DNA 脱メチル化酵素の活性発現に必要であることを明らかにした (**New Phytol.**, 2013, **Proc. Natl. Acad. Sci. USA**, 2014)。

・DNA 脱メチル化とヒストンシャペロンの関係を解明【木下班, 高山班共同研究】

インプリント遺伝子の制御異常変異体から FACT ヒストンシャペロンが中央細胞特異的な DNA 脱メチル化に関与していることが明らかとなった。生殖器官の中から、中央細胞をインタクトで単離することに両班は共同して研究を進めた (**Dev. Cell**, 2011)

・ゲノム重複後に起きたゲノム進化の過程を倍数体ツメガエルで解明【松田班】

異質四倍体種のアフリカツメガエル (*Xenopus laevis*) の染色体に大量の cDNA と BAC クローンをマッピングし、ゲノム配列情報と統合してゲノム地図を作製することにより、同祖染色体とその起源を識別した (**Heredity**, 2013; **Cytogenet. Cell Genet.**, 2015)。更に、



二倍体種 (*X. tropicalis*) ゲノムとの比較によって異質四倍体化にともなう遺伝子機能の多様化や遺伝子喪失パターンを解明した。

・異質 4 倍体のアフリカツメガエルのゲノム配列を決定【松田班】

国際共同研究を主導して、モデル生物として親しまれている異質 4 倍体のアフリカツメガエルのゲノム配列を決定した(Nature, 2016)。この国際ゲノムプロジェクトでは、松田班が整備していたネッタイツメガエルやアフリカツメガエルのゲノム地図が必要不可欠であった。

・アブラナ科の乳頭細胞遺伝子発現アトラスを構築～ゲノム遺伝子相関の解析基盤を整備～【鈴木班, 高山班、矢野班共同研究】

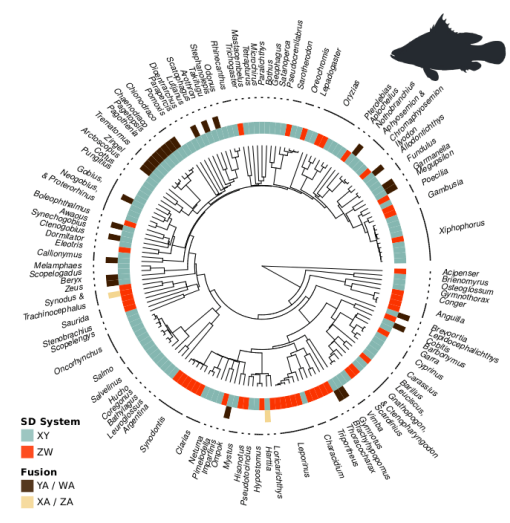
レーザーマイクロダイセクションと次世代シーケンサーを組み合わせた単一細胞特異的な遺伝子発現解析法を確立した。本方法を用いてオス側花粉とメス側の雌蕊が相互作用する、乳頭細胞に限定した高精度遺伝子情報リストを構築し、さらにインフォマティクスを駆使してデータベースを整備した。本データベースは、ゲノム遺伝子相関の共通原理抽出のための解析基盤なった (Plant Cell Physiol., 2013, 2015)

・染色体の融合や分離を引き起こす進化の原動力を解明【北野班】

染色体構造の変化は、近縁種間での表現型の多様性や生殖隔離を引き起こす。まず、性染色体の構造変化について概観したのち

(PLoS Biol., 2014)、脊椎動物における構造転換率とその理論基盤を報告した (PLoS Genet, 2015; Evolution, 2012)。また、性染色体の構造変化が遺伝子進化に与える影響について、ネオ性染色体を持つ極東アジア固有種のニホンイトヨの全ゲノムを解読することで

解明した (PLoS Genet, 2014)。遺伝子重複がヒトの病気や環境適応に与える影響についても報告した (Nature Commun., 2013; Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 2012, 2014)。特に、全ゲノム重複の進化的重要性に関しては、NHK サイエンス zero で紹介された(2015年7月26日放送)。



・植物ホルモンジベレリンの起源を解明【松岡班, 矢野班共同研究】

進化的に重要な位置をしめる真性シダ植物カニクサを用い、植物ホルモンジベレリンの起源を調べたところ、カニクサではジベレリンの前駆体アンセリジオーゲンが前葉体

から性フェロモン様に放出され、オスの造卵器に取り込まれた後にジベレリンへ変換され、ジベレリン受容システムによりシグナル伝達がなされていることが明らかとなった (Science, 2014)。このことは、植物進化の過程ですでに存在している遺伝子群を用いて、遺伝子重複による新機能獲得などのゲノム遺伝子相関を駆使して、異なる生命現象を支える分子機構を構築してきていることを強く示唆している。

・植物ホルモンジベレリン受容システムの植物進化過程での変遷の解明【松岡班】

被子植物では、ジベレリン受容システムの下流に共通の転写因子 (GAMYB) が存在しており、生殖過程では花粉形成に働く。コケ植物の孢子形成過程ではジベレリン受容システムは存在しないが、下流の転写因子 GAMYB の系は保存されていた。一方、シダ植物では、ジベレリン受容システム、下流の転写因子系の両方が被子植物の系と一致していた (Nature Commun., 2011)。

・ Amp-seq を用いた新たな実験手法によりシス制御領域の進化過程を解明【高橋班】

標準系統とかけ合わせ、F₁ 個体のアンプリコンシーケンスを行うという新たな手法により、ショウジョウバエのメラニン合成系 (ドーパミン代謝系) 遺伝子群のシス因子により制御された遺伝子発現量の定量解析を行った。その結果、これまで種間のシス遺伝子発現制御配列の進化モデルになってきた、モジュール型エンハンサーによるシンプルな進化様式とは対照的な種内変異の複雑さが明らかとなった (Mol. Ecol., 2015)。

・ MutMap 法の確立と改良 ~ゲノム遺伝子相関の解析システム基盤を構築~【寺内班】

寺内班では、次世代シーケンサーの解析システム基盤の整備に尽力した。様々なタイプの原因遺伝子の同定に活用できる MutMap 法を確立し研究展開するとともに、班員にワークショップを通じて情報共有、技術提供した。MutMap 法の改良にも尽力するとともに、イネの育種を加速することにも活用した (Nature Biotech., 2012, 2104)

・哺乳類の中で進化した新たな性決定遺伝子領域の同定【黒岩班】

多くの脊椎動物で雄の性決定を行う SRY 遺伝子をもたないアマミトゲネズミのゲノム配列を決定し、*de novo* アセンブリ解析を行った。雌雄間ゲノムの比較により、哺乳類の中で進化した新しい性決定領域の候補を選定した。本研究は、科学テレビ番組「ガリレオ X」 (BS フジ) にて性決定のミステリーという形で紹介された (2015 年放送)。

・ショウジョウバエの卵巣幹細胞の増殖をオン - オフするスイッチ機構を解明【山元班】

チロシンキナーゼ Btk29A が、卵巣の二次生殖幹細胞のニッチを構成する体細胞で β -カテニンのチロシンリン酸化を介して *piwi* の転写を促進し、幹細胞の増殖を抑制する

という仕組みが明らかとなった(**Science**, 2014)。幹細胞に"外"から働きかけて増殖を止めさせる仕組みの実像に迫る大きな一歩として評価され、多数のメディア(朝日新聞、毎日新聞、河北新報、日経プレスリリース、QLifePro, Yahoo News)で取り上げられた。

・ **エピゲノム情報が、遺伝と進化の重要な単位であることを実証【小林班】**

ピロリ菌 5 株について、ゲノム全域でメチル化塩基を一塩基の分解能で検出した。その結果、メチル化の配列特異性を担う遺伝子が、遺伝子内ドメイン配列移動(DoMo)という再編機構によって、メチル化配列を切り替えていること、さらに、メチル化配列特異性遺伝子の有無が遺伝子発現に影響することを明らかにした(**PLoS Genet.**, 2014)。また、メチル化標的の塩基を切り出す新しい型の制限酵素を発見した(**Nature Commun.**, 2014)。

・ **レトロトランスポゾン由来 DNA の多様な役割を解明【小野班】**

ジャンク DNA と考えられていたレトロトランスポゾン由来遺伝子が、胎盤形成に重要な役割を果たすことが、班員らの研究により明らかとなっていたが、更にレトロトランスポゾン由来遺伝子の一つである *Sirh11/Zcchc16* が、脳での認知機能にも関わっていることが、初めて明らかになった (**PLoS Genet.**, 2015)。また、レトロトランスポゾン由来配列は、DNA 二本鎖切断の修復に使われていることも明らかとなり、哺乳類の進化過程で重要な役割を果たしてきた様子が明らかとなった(**Scientific Rep.**, 2015)。本研究は、**NHK スペシャル「生命大躍進」** 第 2 集「こうしてが”母の愛”産まれた」として特集が組まれた(2015 年放送)。

・ **国際共同研究チームに参加しシーラカンスゲノムを解読【隅山班】**

アフリカシーラカンス (*Latimeria chalumnae*) のゲノム塩基配列を解読し、分子系統解析からシーラカンスよりハイギョの方が四足類に近いことを示した。国際研究チームの中で隅山班は *HoxA* 遺伝子群エンハンサーの機能解析を行い、鰭から肢への変化や、胚体外組織(胎盤)の出現に関与するエンハンサーの進化が、四足類への進化に重要な役割を果たしたことを明らかにした(**Nature**, 2013)。

・ **マウス亜種間の生殖的隔離の原因となるメカニズムを解明【岡班】**

共通祖先から 50~100 万年前に分かれた 2 種類のマウス亜種をもちいて、亜種間交配における生殖能力低下の原因が X 染色体上の生殖関連遺伝子の発現異常によることを突き止めた。また、この発現異常では、亜種間で転写調節因子などのトランス因子とシス調節領域の間に起きた遺伝的不適合であることを明らかにし、ゲノム・遺伝子相関の共通機構の抽出に寄与した(**PLoS Genet.**, 2014)。

・植物の特徴である「世相の交代」過程を解明【玉田班】

コケ植物用い、 n 世代と $2n$ 世代への転換点、卵細胞、受精卵でおこるエピジェネティックリプログラミングをライブイメージング解析により明らかにした。また鍵となる KNOX2 転写因子を同定した (Science, 2013)。エピゲノム情報、遺伝子発現、ライブイメージングを融合させた挑戦的アプローチを展開 (金岡班との共同研究)。顕微鏡技術に関して、天体観測で行われている、光学系の揺らぎを解消するシステム (補償光学) を導入し、細胞内小器官ごとの屈折率の違いから細胞像が乱れる現象を解消し、顕微鏡の解像度を格段に向上させた。これらの研究により、核相と遺伝子発現・発生プログラムの相関というゲノム・遺伝子相関の共通原理の抽出に貢献した。

・多精受精による胚発生過程を人為的に再現【岡本班】

被子植物では哺乳動物と異なり倍数性進化がしばしばみられえるが、この分子メカニズムの多くは不明である。岡本班では、イネの *in vitro* 受精系を用いて、単離した卵と精細胞の比率を変えて受精させる多精受精のシステムを構築した。その結果、多精受精した卵細胞は、正常な胚発生を介して植物体を形成できることが明らかとなった。この結果から、減数分裂異常により減数分裂を回避した倍数性の配偶子間の受精以外にも、多精受精の仕組みが植物倍数性進化に寄与しうることが浮かび上がってきた (Plant Physiol., 2016)。

・花成ホルモンフロリゲンの多機能性の分子基盤を解明、トランスポゾンを抑する新機能を有することを発見【辻班】

フロリゲン (正体は FT タンパク質) は「フロリゲン複合体」を形成して花芽分化を協力的に誘導するが、複合体の転写因子サブユニット部分を交換することで、分子 (枝分かれ) の促進等の多機能性を発揮することを発見した (Plant J., 2015)。このことは、「フロリゲン複合体」の転写因子サブユニットのモジュールを入れ替えることにより、様々な下流の標的遺伝子を制御しうることを意味しており、ゲノム遺伝子相関、新機能獲得のモデルとなった。また、フロリゲンが花芽分化の開始時にトランスポゾンのサイレンシングを誘導することを発見した (Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 2015)。本研究により明らかになった「フロリゲン複合体」の機能は、高校生物の教科書 (新課程版) に取り上げられている。